

هوش مصنوعی گوگل دی ان ای را می‌خواند

گوگل در اقدامی که جهشی در ژنومیک به حساب می‌آید از یک هوش مصنوعی قدرتمند رونمایی کرد که پیش‌بینی می‌کند چگونه جهش‌های هر دی ان ای مجزا بر سازوکار پیچیده تنظیم‌کننده فعالیت آن تأثیر می‌گذارند.



گوگل در اقدامی که جهشی در ژنومیک به حساب می‌آید از یک هوش مصنوعی قدرتمند رونمایی کرد که پیش‌بینی می‌کند چگونه جهش‌های هر دی ان ای مجزا بر سازوکار پیچیده تنظیم‌کننده فعالیت آن تأثیر می‌گذارند.

به گزارش خبرگزاری مهر به نقل از اینترستینگ انجیرینگ، ابزار مذکور «آلفاژنوم» نام دارد و کل بخش‌های کدگذاری و غیرکدگذاری ژنوم را دربر می‌گیرد و چشم اندازی یکپارچه از اثرات متغیرها ارائه می‌دهد که تاکنون بی‌سابقه بوده است. این روش چشم اندازی پایه‌ای برای تجزیه و تحلیل ژنومی دوربرد به وجود می‌آورد و تأثیر جهش‌ها را با سرعت، مقیاس و عمق بی‌سابقه‌ای رمزگشایی می‌کند.

این مدل تا یک میلیون جفت پایه را در یک مرحله پردازش می‌کند و هزاران ویژگی مولکولی، از جمله بیان ژن، الگوهای پیرایش، جایگاه‌های اتصال پروتئین و دسترسی به کروماتین در انواع مختلف سلول را پیش‌بینی می‌کند.

این نخستین باری است که چنین طیف گسترده‌ای از ویژگی‌های تنظیمی را می‌توان به طور مشترک با استفاده از یک سیستم هوش مصنوعی مدل‌سازی کرد. ساختار آلفاژنوم ابتدا از لایه‌های کانولوشن برای شناسایی الگوهای کوتاه در توالی دی ان ای و سپس از مدل‌ها برای به اشتراک گذاشتن اطلاعات در کل کد ژنتیکی استفاده می‌کند. مجموعه‌ای نهایی از لایه‌ها، این الگوهای آموخته شده را به پیش‌بینی‌هایی در مورد ویژگی‌های مختلف ژنومی تبدیل می‌کند.

طی مرحله آموزش تمام رایانش برای یک توالی واحد در چند واحد پردازش تانسور (TPU) به هم پیوسته توزیع می‌شود و امکان پردازش کارآمد در مقیاس بزرگ را فراهم می‌کنند.

این مدل واحد تنها در چهار ساعت و با استفاده از نیمی از بودجه رایانشی مورد نیاز برای مدل قبلی خود یعنی Enformer، آموزش داده شد. آلفاژنوم که به عنوان جانشین Enformer و مکمل AlphaMissense ساخته شده است، تنها مدلی است که می‌تواند به طور مشترک تمام روش‌های مولکولی ارزیابی شده را پیش‌بینی کند و در ۲۴ مورد از ۲۶ آزمایش معیار، از مدل‌های تخصصی پیشی گرفته یا با آنها مطابقت داشته باشد. این مدل براساس مجموعه داده‌های عمومی عظیم از جمله ENCODE، 4D Nucleome، GTEx و FANTOM5 آموزش داده شد.

هرچند آلفا ژنوم یک پیشرفت مهم به حساب می‌آید اما برای تعبیر ژنوم‌های شخصی یا مصارف کلینیکی طراحی یا تایید نشده است. این مدل با چالش‌های زیادی در مدل‌سازی تعاملات تنظیمی بسیار دوردست و همچنین در ثبت کامل الگوهای خاص سلول و بافت روبرو است.

کد خبر