



هوش مصنوعی ۳۶۰ هزار گره تاثیرگذار را در ژن‌ها شناسایی کرد

محققان نخستین نقشه کامل از چهارگانه های دی ان ای را ابداع کردند که رشته ای از ساختارهای گره مانند است و نقشی بزرگتر در کنترل خاموش و روشن کردن ژن ها دارد.

محققان نخستین نقشه کامل از چهارگانه های دی ان ای را ابداع کردند که رشته ای از ساختارهای گره مانند است و نقشی بزرگتر در کنترل خاموش و روشن کردن ژن ها دارد.

به گزارش خبرگزاری مهر به نقل از اینترستینگ انجینیرینگ، به طور دقیق تر دی ان ای یک سیستم عامل مخفی را آشکار کرده که شبیه ماریچ نیست. این کشف ادراک محققان از قوانین تنظیم کننده ژن ها در سلول های بیمار و سالم را تغییر می دهد.

گروهی از محققان بین المللی از جمله دانشگاه HSE در این پژوهش شرکت کردند. آنها یک چالش قدیمی را بررسی کردند که شامل اشکال چهارگانه ای بود که به سرعت تشکیل و ناپدید می شدند، به طوریکه می توانستند از ابزارهای سنتی نقشه کشی ژنوم فرار کنند.

تا به اکنون فقط بخش هایی از فعالیت های آنها قابل مشاهده بوده است. پژوهشگران با استفاده از هوش مصنوعی بخش هایی از ژنوم را بازسازی کردند که این ساختارهای ناپایدار دی ان ای از آنجا به وجود می آمدند. نکته مهم تر آنکه آنها یک قاعده تعجب برانگیز کشف کردند که نشان می دهد چهارگانه ها به تنهایی عمل نمی کنند.

محققان برای نخستین بار نشان دادند این چهارگانه ها به صورت جفت عمل می کنند و بخش هایی از نواحی آغازین ژن را به عنوان عناصر نزدیک دی ان ای که فرایند رونویسی را تقویت می کنند، پیوند می دهند.

چهارگانه ها زمانی تشکیل می شوند که مناطق غنی از گوانین در دی ان ای در لایه های رویهم قرار گرفته پیچیده می شوند و یک گره سه بعدی به وجود می آورند. این ساختارها مانند نشانه هایی عمل می کنند که پروتئین های تنظیم کننده فعالیت ژن را راهنمایی و آنها را به آدرس های ژنتیکی درست هدایت می کنند.

از آنجا که آزمایش های مختلف زیرمجموعه های مختلف از چهارگانه ها را جذب می کند، یک نقشه کامل تا به اکنون به وجود نیامده بود. محققان برای این منظور یک مدل زبانی ژنومیک به نام DNABERT را دوباره براساس داده های مخصوص چهارگانه آموزش دادند.

ماریا پاپتسوا مدیر مرکز تحقیقات و فناوری پزشکی زیستی در دانشگاه HSE می گوید: ما در پژوهش مان DNABERT را براساس EndoQuad که بزرگترین مجموعه داده آزمایشی از چهارگانه های تأیید شده است، آموزش دادیم که این امر به ساخت مدل GQ-DNABERT منجر شد. مدل مذکور توالی دی ان ای را ارزیابی می کند تا مشخص شود چهارگانه ها در چه مکانی احتمال دارد تشکیل شوند.

این الگوریتم برخلاف نمونه های ساده تر زمینه ی اطراف DNA را نیز در نظر می گیرد که این تعیین می کند آیا یک توالی واقعاً به شکل چهارگانه تا می شود یا خیر.

این قابلیت به تیم پژوهشی امکان داد تا حدود ۳۶۰ هزار چهارگانه را پیش بینی کنند که این رقم بسیار فراتر از آنچه بود که تنها با روش های آزمایشگاهی شناسایی شده بود.

مدل مذکور تأیید کرد که چهارگانه ها معمولاً در پروموتورها، یعنی نواحی آغاز رونویسی ژن، ظاهر می شوند. اما یافته ای غیرمنتظره نیز آشکار شد. تعداد زیادی از آن ها در تقویت کننده های نزدیک شناسایی شدند که در واقع عناصری از دی ان ای هستند که فعالیت ژن را تقویت می کنند.

پژوهشگران دریافتند چهارگانه ها بیشتر اوقات به طور هم زمان در پروموتورها و تقویت کننده ها شکل می گیرند و ساختارهای جفتی می سازند که به طور مشترک بیان ژن را تنظیم می کنند.

پژوهشگران برای بررسی نقش زیستی آنها نقشه چهارگانه ها را بر داده های توالی یابی تک سلولی از شش نوع بافت مختلف همپوشانی کردند.

در بافت های سالم، این جفت های پروموتور–تقویت کننده با ژن هایی مرتبط بودند که نقش های اختصاصی بافتی داشتند؛ مانند عملکردهای عصبی در مغز، پاسخ های ایمنی در خون، و فعالیت های اپی تلیالی در روده.

اما سلول های توموری داستان کاملاً متفاوتی داشتند. در حالی که تعداد جفت های چهارگانه تقریباً مشابه باقی مانده بود، ژن های تحت کنترل آن ها به طور چشمگیری به سمت برنامه های رشد عمومی تغییر جهت دادند