غوغل تفك شفرة الجينوم: خطوة نحو علاج الطفرات الوراثية

كشفت "غوغل" عن نموذجها الثوري الجديد AlphaGenome، القادر على تحليل مليون حرف أو معلم من الحمض النووي دفعة واحدة، ما يفتح آفاقاً غير مسبوقة لفهم تنظيم الجينات وتأثير الطفرات الوراثية، في خطوة قد تعيد رسم مستقبل علم الجينوم.

ويعتمد AlphaGenome على مزيج متطور من الشبكات العصبية الالتفافية وتقنية "المحوّلات" (Transformers)، ما يتيح عبر المعلومات ومشاركة النووي الحمض تسلسل في الدقيقة الأنماط التقاط له تسلسل طويل، ما يجعل النموذج قادر على التنبؤ بتعبير الجينات، وأنماط الربط الجيني، ومواقع ارتباط البروتينات بدقة مذهلة.

وتم تدريب النموذج على قواعد بيانات ضخمة مثل "ENCODE" و"GTEx" و"FANTOM5"، وحقق أداءً فاق أو عادل 24 من أصل 26 اختباراً معيارياً.

ولكن الأكثر إثارة، أن النموذج تم تدريبه في 4 ساعات فقط، باستخدام نصف الموارد الحسابية التي

احتاجها النموذج السابق "Enformer".

ويعد "ألفاجينوم" أداة قوية في دراسة الأمراض الوراثية، إذ يمكنه مقارنة الحمض النووي السليم بالمتحوّر، والتنبؤ بتأثير الطفرات النادرة المرتبطة بأمراض مثل التليف الكيسي وسرطان الدم.

وفي إحدى التجارب، تنبأ النموذج بدقة بكيفية تفعيل طفرة جينية مرتبطة بسرطان الدم الجيني TAL1 – وهو اكتشاف يعكس آلية مرضية معروفة.

ولا يقتصر دور AlphaGenome على الأبحاث الطبية، بل يمتد إلى تصميم الحمض النووي الصناعي. يمكن استخدامه لتطوير تسلسلات جينية تُفعّل في خلايا معينة دون غيرها مثل تنشيط جين في الخلايا العصبية دون التأثير على خلايا العضلات ما يفتح الباب أمام علاجات جينية دقيقة.

ورغم قدراته الهائلة، لا يزال AlphaGenome غير مخصص للاستخدام السريري أو لتحليل الجينوم الشخصي.

و كما يواجه تحديات في فهم التفاعلات الجينية بعيدة المدى. ومع ذلك، فإن "غوغل" توفر النموذج للباحثين عبر واجهة برمجة تطبيقات (API) للاستخدام غير التجاري، في خطوة تهدف إلى تسريع الاكتشافات العلمية.

مع أدوات مثل AlphaGenome، يبدو أننا نقترب من عصر جديد في الطب والبيولوجيا، حيث يمكن للذكاء الاصطناعي أن يفك شيفرة الحياة نفسها.

فهل سيكون هذا النموذج هو المفتاح لفهم الأمراض الوراثية، وتصميم علاجات مخصصة، وربما حتى إعادة كتابة الجينوم البشري؟.