

## ردیابی خانواده جدید ژنهای روده با کمک هوش مصنوعی

گروهی از محققان با استفاده از هوش مصنوعی خانواده جدیدی از ژن‌ها را در باکتری روده کشف کرده‌اند که از نظر ساختاری و احتمالاً عملکردی و نه از نظر توالی ژنی، به هم مرتبط هستند.

به گزارش خبرنگار گروه علم و آموزش ایرنا از پایگاه اطلاع‌رسانی فیز *phys*، یافته‌های این مطالعه روشی جدید را برای تعیین نقش ژن‌ها در گونه‌های نامرتبط نشان می‌دهد و می‌تواند موجب یافتن راه‌های جدید برای مبارزه با عفونت باکتریایی روده‌ای شود.

پروفسور کیم ارث، استاد زیست‌شناسی مولکولی و زیست‌شیمی دانشگاه ساوث‌وسترن آمریکا و یکی از نویسندگان این مطالعه در گروه زیست‌شناسی مولکولی می‌گوید: ما با روشی متفاوت، شباهت‌هایی بین این پروتئین‌ها یافته‌ایم؛ به جای استفاده از توالی ژنتیکی به دنبال شباهت‌هایی در ساختار آنها بودیم.

دکتر ارث از مدت‌ها قبل مطالعه روی عفونت زایی باکتری‌های دریایی را آغاز کرده بود. وی و همکارانش در سال ۲۰۱۶ با استفاده از علم زیست‌فیزیک ساختار دو پروتئین به نام‌های مجموعه (VtrA and VtrC) را مشخص کردند. این پروتئین‌ها به صورت مشترک در گونه‌های باکتریایی به نام (*Vibrio parahaemolyticus*) وجود دارند.

دکتر ارث پی برد که مجموعه پروتئین‌های وی‌تی‌آر ای و وی‌تی‌آر سی در باکتری ویبریو پاراهمولیتیکوس (باکتری مسبب مسمومیت غذایی ناشی از جانوران دریایی آلوده) موجود است و این میکروب به دلیل انفعالات شیمیایی به سلول‌های روده میزبان انسانی حمله می‌کند. با اینکه وی‌تی‌آر ای از جهت برخی مولفه‌ها با پروتئینی به نام توکس آر (ToxR) شباهت دارد که در برخی باکتری‌های مرتبط به نام ویبریو کلرا (باکتری مولد وبا) دیده می‌شود، هنوز معلوم نبود آیا پروتئین مشابه وی‌تی‌آر سی نیز در این باکتری یا باکتری‌های دیگر وجود دارد یا خیر.

لیزا کینچ یکی دیگر از محققان این مطالعه و متخصص زیست‌انفورماتیک در گروه زیست‌مولکولی در این مورد می‌گوید: ما هرگز شاهد چنین مورد مشابهی نبوده‌ایم. اما تصور کردیم باید پروتئین‌های مشابهی مانند آن هم وجود داشته باشند.

محققان در ادامه از نرم‌افزاری استفاده کردند که یک برنامه هوش مصنوعی است و می‌تواند با دقت ساختار برخی پروتئین‌ها را بر اساس توالی‌یابی ژنتیکی پیش‌بینی کند، اطلاعاتی که پیش از این تنها با مطالعات آزمایشگاهی سخت و طولانی به دست می‌آمد.

یافته های این نرم افزار نشان داد پروتئین موسوم به تاکس آر در وبا بسیار شبیه ساختار پروتئین وی تی آر سی است؛ حتی با اینکه هیچ پروتئین مشابه قابل تشخیص در توالی ژنتیکی خود ندارند. هنگامی که محققان به دنبال پروتئین هایی با مولفه های ساختاری مشابه در دیگر ارگانیسیم ها بودند؛ پی بردند نظایر وی تی آر سی در مقادیری از باکتری های روده عامل بیماری های انسانی از جمله طاعون خیارکی و مسمشه وجود دارد. هر کدام از این هم ساخت های زیستی وی تی آر سی در مجموع با پروتئین هایی از نظر ساختاری شبیه با وی تی آر سی عمل می کنند. نشان می دهد نقش آنها می تواند مانند پروتئین های ویبریو پاراهمولیتیکوس باشد .

به گفته ارث این شباهت های ساختاری می تواند در نهایت به تولید دارویی منجر شود که بیماری های پدید آمده ناشی از ارگانیسیم های عفونی مختلف را با روند و شیوه بیماری زایی مشابه درمان کند .