

ابزار مبتنی بر هوش مصنوعی انوپدیا و هاروارد به تحلیل ژنوم سرعت می‌بخشد - دیجیاتو

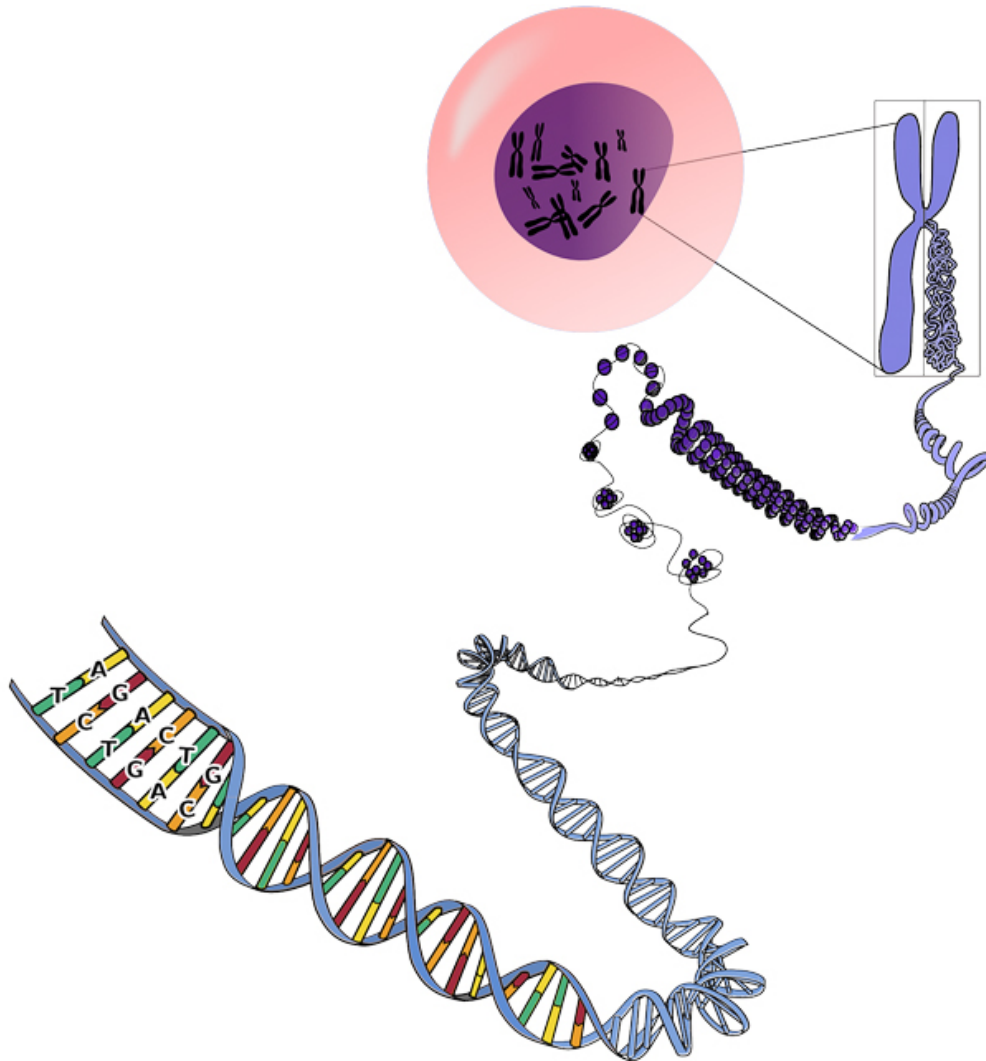
پیمان حسنی | دوشنبه، ۱۸ اسفند ۱۳۹۹

محققان انوپدیا و هاروارد از نوعی جعبه ابزار مبتنی بر یادگیری ماشینی به نام AtacWorks رونمایی کردند. این ابزار به منظور کاهش هزینه و مدت زمان برخی آزمایشات و آزمایش‌های تک سلولی طراحی شده است.

محققان مقاله خود را در ژورنال Nature Communications منتشر کرده و [اشاره می‌کنند](#) که AtacWorks قادر به تحلیل یک ژنوم کامل در تنها ۳۰ دقیقه است. انجام این آزمایش با استفاده از روش‌های سنتی، چندین ساعت طول خواهد کشید.

اکثر سلول‌های بدن، یک کپی کامل از DNA با میلیاردها جفت باز (base pairs) که درون هسته قرار گرفته‌اند را با خود حمل می‌کنند. یک سلول تکی اما تنها به قسمتی از ماده ژنتیکی برای عملکرد صحیح نیاز دارد. برای مثال سلول‌های کبد، خون یا پوست از ژن‌های متفاوتی استفاده می‌کنند. قسمت‌هایی از DNA که عملکرد سلول را تعیین می‌کنند، به آسانی قابل دسترسی هستند، اما باقی قسمت‌ها در پوششی از پروتئین محافظت می‌شوند.

AtacWorks از روشی به نام ATAC-seq استفاده می‌کند که از آن برای یافتن مناطق باز در ژنوم سلول‌ها استفاده می‌شود. این تکنیک شدت سیگنال در تمام نقاط ژنوم را اندازه‌گیری می‌کند. به اوج رسیدن سیگنال نشان دهنده مناطقی از DNA است که سلول‌های کمتری از آن‌ها در دسترس هستند. هر چه نوپزها بیشتر باشند، شناسایی قسمت‌های در دسترس DNA مشکل‌تر می‌شود.



ATAC-seq معمولاً به ده‌ها هزار سلول برای ایجاد سیگنال واضح نیاز دارد. AtacWorks اما برای ایجاد نتایجی با کیفیت مشابه فقط به ده سلول نیاز دارد. این جعبه ابزار به محققان اجازه می‌دهد تا آزمایشات علمی را با تعداد کمتری سلول انجام دهند که منجر به کاهش هزینه جمع‌آوری نمونه و توالی‌یابی خواهد شد. به کمک این ابزار تحلیل سلول‌ها نیز سریع‌تر و ارزان‌تر تمام می‌شود.

AtacWorks از پردازشگر گرافیکی Tensor Core انویدیا استفاده کرده و تنها به مدت زمانی کمتر از ۳۰ دقیقه برای استنتاج (inference) ژنوم نیاز دارد. این فرآیند با سیستمی مجهز به پردازنده ۳۲ هسته‌ای معمولاً ۱۵ ساعت طول می‌کشد.

محققان هاروارد از AtacWorks برای مطالعه مجموعه داده (dataset) سلول‌های بنیادی که وظیفه تولید گلوبول‌های سفید و قرمز را دارند، استفاده کردند؛ این سلول‌های خاص را نمی‌توان با روش‌های سنتی مطالعه کرد. محققان با استفاده از نمونه‌ای حاوی تنها ۵۰ سلول، توانستند قسمت‌هایی از DNA که سلول‌های آن در نهایت به گلوبول سفید تبدیل می‌شوند را شناسایی کرده و توالی‌های مربوط به گلوبول‌های قرمز را جدا کنند.