

CHƯƠNG TRÌNH MÁY TÍNH CHO BIẾT TỔ TIÊN CỦA BẤT KỲ AI

Tưởng tượng rằng bạn được nhận làm con nuôi mà không biết lai lịch về gen của mình. Bạn không biết di sản hoặc chứng bệnh nào mình có khả năng bị ảnh hưởng về mặt di truyền. Hầu hết chúng ta biết một ít về nguồn gốc của cây gia phả mình nhưng ít biết đến n

Tưởng tượng rằng bạn được nhận làm con nuôi mà không biết lai lịch về gen của mình. Bạn không biết di sản hoặc chứng bệnh nào mình có khả năng bị ảnh hưởng về mặt di truyền. Hầu hết chúng ta biết một ít về nguồn gốc của cây gia phả mình nhưng ít biết đến những nhánh dưới thấp đó có ý nghĩa gì về mặt khả năng bị ảnh hưởng những căn bệnh ốm đau từ tổ tiên.

DNA của mỗi người là duy nhất nhưng DNA từ những người có chung tổ tiên có các tính chất chung mà có thể được nhận dạng. (Ảnh: ©Estate of Rachel Tanur)

Giờ đây, một nhóm các nhà nghiên cứu máy tính, các nhà toán học và sinh học trên khắp thế giới đã phát triển được một thuật toán máy tính có khả năng nhanh chóng dò ra dòng họ gen của mỗi cá nhân chỉ với một mẫu nhỏ DNA của họ. Trên thực tế, chương trình này có thể tìm ra dòng họ gen của hàng ngàn cá nhân trong vòng vài phút mà không cần biết trước lai lịch của những người này.

Phương pháp đa ngành này, được công bố trong ấn bản tháng 9 năm 2007 của tạp chí PLoS Genetics, cho phép nhóm nghiên cứu tìm hiểu loại nghiên cứu này theo một cách mới lạ. Không giống với những chương trình vi tính trước đây, nghĩa là yêu cầu phải biết trước tổ tiên và lai lịch của từng cá nhân, thuật toán mới này đi tìm những DNA marker cụ thể được biết đến với tên single nucleotide polymorphisms (đa hình nucleotit đơn) hay SNP và không cần gì ngoài mẫu DNA.

Các nhà nghiên cứu đã sử dụng dữ liệu gen từ những nghiên cứu trước đây để thực hiện và xác minh nghiên cứu của mình, bao gồm cả cơ sở dữ liệu HapMap mới, đang được thực hiện để phát hiện và sắp xếp các biến dị trong bộ gen của con người.

“Nghiên cứu này là một cơ hội thú vị cho việc thành lập nhóm nghiên cứu liên ngành gồm các nhà khoa học máy tính, các nhà toán học và các nhà chuyên về di truyền học loài người,” phó giáo sư ngành khoa học máy tính Petros Drineas phát biểu.

“Vì chúng tôi đã phát hiện ra rằng chương trình này chạy rất tốt, nên chúng tôi hy vọng thực hiện nó trên một quy mô lớn hơn nữa, sử dụng hàng trăm ngàn SNP và hàng ngàn người,” Phó giáo sư Drineas nói. “Chương trình này sẽ là một công cụ quý giá trong việc hiểu được dòng họ gen của chúng ta và hướng tới các loại thuốc và các phương pháp chữa bệnh khác bởi vì có khả năng là những điều này có thể ảnh hưởng những người với tổ tiên khác nhau theo những cách rất khác nhau.”

Hiểu được cấu trúc di truyền khác biệt của chúng ta là một bước cực kỳ quan trọng để làm sáng tỏ được cơ sở gen đối với các chứng bệnh phức tạp. Mặc dù bộ gen của loài người giữa người này và người kia thì giống nhau đến 99% nhưng chính 1% còn lại có ảnh hưởng chính đến sự phản ứng của chúng ta đối với bệnh tật, virus, thuốc uống và độc tố. Nếu các nhà nghiên cứu có thể khám phá ra các chi tiết về gen cực nhỏ này, những chi tiết khiến chúng ta khác biệt nhau, thì các nghiên cứu y sinh và phương pháp chữa trị có thể được thực hiện tùy theo cơ địa của mỗi người.

Chương trình này sẽ giúp người ta hiểu được lai lịch độc đáo của mình và hỗ trợ các nhà sử học và các nhà tâm thần học trong các nghiên cứu của họ về các quần thể khác nhau bắt nguồn từ đâu và làm thế nào con người trở thành một xã hội đa dạng trên toàn cầu.

Chương trình này có độ chính xác hơn 99% khi thử nghiệm và xác định chính xác tổ tiên của hàng trăm người. Số người này bao gồm những người đến từ các quần thể có sự di truyền tương tự nhau (như Trung Quốc và Nhật Bản) và các quần thể có sự di truyền phức tạp như Puerto Ricans, những người mà có thể có nhiều lai lịch khác nhau bao gồm tổ tiên người da đỏ, tổ tiên người Châu Âu và tổ tiên người Châu Phi.

“Khi chúng tôi so sánh các phát hiện của mình với những cơ sở dữ liệu đang có, thì chỉ có một người là bị xác định sai,” giáo sư Drineas cho biết. Ông giải thích rằng các kết quả này chỉ là bước khởi đầu nhưng cực kỳ hứa hẹn. Nhóm nghiên cứu hiện đang tiếp tục làm việc để kiểm tra chương trình của mình với quy mô lớn hơn.

Bên cạnh phó giáo sư Drineas, thuật toán này còn được phát triển bởi các nhà khoa học đến từ California, Puerto Rico, and Hy Lạp.

Mặc dù bộ gen của loài người giữa người này và người kia thì giống nhau đến 99% nhưng chính 1% còn lại có ảnh hưởng chính đến sự phản ứng của chúng ta đối với bệnh tật, virus, thuốc uống và độc tố. (Ảnh: Credit: James. J. Caras, National Science Foundation)

Biểu đồ các gen đánh dấu này cho thấy 255 người đến từ 4 châu lục. Màu đỏ và xanh lá cây tượng trưng cho các kiểu gen giống nhau. Màu đen tượng trưng cho các biến dị gen. Những mẫu hình nằm trong bốn vùng châu lục, làm nổi bật sự giống nhau về gen giữa những người có cùng tổ tiên. (Ảnh: Democritus University of Thrace/Peristera Paschou)