

## CÔNG BỐ BẢN ĐỒ BIẾN THỂ GIEN NGƯỜI

Các nhà khoa học vừa lập ra một loại bản đồ về các biến thể gen người. Đây là một bước tiến nhằm tìm những gen giải thích sự khác biệt về sức khỏe giữa các cá nhân và tại sao mọi người lại có những cách phản ứng khác nhau đối với thuốc cũng như

Các nhà khoa học vừa lập ra một loại bản đồ về các biến thể gen người. Đây là một bước tiến nhằm tìm những gen giải thích sự khác biệt về sức khỏe giữa các cá nhân và tại sao mọi người lại có những cách phản ứng khác nhau đối với thuốc cũng như môi trường.

Bản đồ HapMap hứa hẹn giải thích bộ gen của bạn khác với bộ gen người ngồi cạnh như thế nào.

Bản đồ cũng có tiềm năng giúp các nhà khoa học hiểu rõ hơn sinh học, sự tiến hoá của con người và chẩn đoán bệnh tật. Một nhóm các nhà khoa học quốc tế đã công bố phần đầu tiên của bản đồ này trên tạp chí Nature số ra tuần trước. Theo TS Panos Deloukas thuộc Viện Wellcome Trust Sanger, một thành viên tham gia dự án, đây là một sự kiện khoa học quan trọng bởi bản đồ liên quan trực tiếp tới bộ gen người và là công cụ tăng cường hiệu quả cho các nghiên cứu di truyền. Dự án gen người đã chỉ ra rằng bộ gen của hai người bất kỳ giống nhau 99,9%. Giờ thì các nhà khoa học đã hoàn tất một bản đồ chi tiết hơn (còn gọi là HapMap), chỉ ra các biến thể gen để giải thích 0,1% khác biệt. Dự án HapMap quốc tế này, quy tụ 200 nhà khoa học từ Anh, Mỹ, Canada, Nhật Bản, Nigeria và Trung Quốc, đã lập ra bản đồ biến thể gen người bằng cách dùng các mẫu ADN của 269 người từ châu Á, châu Phi và Mỹ. Phần đầu tiên của HapMap chứa hơn 1 triệu biến thể. Phần thứ hai sẽ chứa khoảng 2 triệu biến thể nữa. Các biến thể này được di truyền như những khối thông tin. Sử dụng HapMap, các nhà khoa học có thể so sánh các hình thái biến thể ở bệnh nhân mắc một bệnh nào đó với người khỏe mạnh để xác định các nguyên nhân di truyền gây bệnh. Theo GS Peter Donnelly thuộc ĐH Oxford, nói cách khác HapMap là công cụ để chúng ta tìm kiếm những gen liên quan tới các căn bệnh phổ biến. Nó cũng sẽ giúp con người hiểu các tiến trình quan trọng khác trong sinh học, chẳng hạn như tiến hoá, tái kết hợp và những tác động tạo nên biến thể gen người. Ngoài ra, HapMap sẽ cho phép các nhà khoa học tiến hành những nghiên cứu chi tiết hơn về di truyền. Cụ thể là nó đã tiết lộ rằng các gen liên quan tới sửa chữa ADN không đa dạng như những gen đóng vai trò trong phản ứng miễn dịch của cơ thể. GS Deloukas dự đoán trong 2-3 năm nữa sẽ có rất nhiều thông tin được đưa ra từ những nghiên cứu như thế. Minh Sơn (Theo ABCNews, Reuters)

