

IA do Google pode ajudar a mapear causas genéticas de doenças

Por Vivaldo José Breternitz

Pesquisadores do DeepMind, o braço de pesquisa avançada em inteligência artificial do Google, desenvolveram uma ferramenta que poderá ajudar a identificar os fatores genéticos que impulsionam o desenvolvimento de doenças, abrindo caminho para novos tratamentos.

Batizado de AlphaGenome, o sistema prevê como mutações interferem no controle dos genes, alterando o momento em que acontecem, em quais células do corpo e em que intensidade.

Muitas doenças comuns de caráter hereditário, como problemas cardíacos, distúrbios autoimunes e condições de saúde mental, já foram associadas a mutações que afetam a regulação genética, assim como diversos tipos de câncer. No entanto, identificar quais falhas específicas são responsáveis continua sendo um desafio.

“Vemos o AlphaGenome como uma ferramenta para compreender o que os elementos funcionais do genoma fazem, o que esperamos venha a acelerar nossa compreensão fundamental do código da vida”, afirmou Natasha Latysheva, pesquisadora da DeepMind, em entrevista coletiva à imprensa.

O genoma humano é composto por cerca de 3 bilhões de pares de bases nitrogenadas, identificados pelas letras A, T, C e G (Adenina, Timina, Citosina e Guanina), que formam o código do DNA. Apenas 2% desse material genético contém instruções para a produção de proteínas, os blocos fundamentais da vida. O restante atua como um “maestro” da atividade genética, determinando onde, quando e em que intensidade cada gene deve ser ativado.

Treinado em bancos de dados públicos de genética humana e de camundongos, o AlphaGenome aprendeu a relacionar mutações em tecidos específicos com seus impactos na regulação dos genes. A ferramenta é capaz de prever como mutações podem afetar diferentes processos biológicos.

A equipe da DeepMind acredita que o recurso permitirá mapear quais trechos do código genético são mais essenciais para o desenvolvimento de determinados

tecidos, como células nervosas e hepáticas, e identificar mutações críticas para o surgimento de câncer e outras doenças. Além disso, pode servir de base para novas terapias genéticas, possibilitando a criação de sequências inéditas de DNA, que poderiam ativar um gene em células nervosas sem afetar células musculares.

Outros especialistas também destacaram o potencial da ferramenta. Carl de Boer, pesquisador da University of British Columbia, no Canadá, afirmou que “o AlphaGenome pode identificar se mutações afetam a regulação do genoma, quais genes são impactados e em quais tipos de células. A partir daí, um medicamento poderia ser desenvolvido para neutralizar esse efeito”.

Marc Mansour, professor clínico de hemato-oncologia pediátrica no University College London, já vem utilizando o AlphaGenome e disse que ele representa uma “mudança de patamar” na busca por causas genéticas do câncer.

Para Gareth Hawkes, geneticista da University of Exeter, o avanço é significativo: “O genoma não codificante corresponde a 98% dos nossos 3 bilhões de pares de bases. Entendemos relativamente bem os 2% que codificam proteínas, mas o fato de termos o AlphaGenome capaz de prever o que os outros 2,94 bilhões de pares fazem é um grande passo à frente”.

Esperamos que as expectativas acerca da ferramenta se confirmem, marcando mais um passo positivo na utilização da inteligência artificial para benefício da humanidade.

*Vivaldo José Breternitz é Doutor em Ciências pela Universidade de São Paulo, professor, consultor e diretor do Fórum Brasileiro de Internet das Coisas.

<https://medicinasa.com.br/ia-genetica-doencas/>

Veículo: Online -> Site -> Site Medicina S/A - São Paulo/SP