

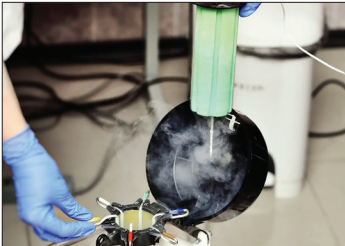
مسن ترین

نوزادان لقاح مصنوعی به دنیا آمدند

به گفته مرکز ملی اهدای جنین (NEDC)، دو نوزاد دوقلوی حاصل از جنین‌های منجمدی که بیش از ۳۰ سال پیش لقاح یافته بودند، متولد شدند. آنها رکورد مسن ترین جنین‌های منجمدشده را شکستند که منجر به تولد زنده شده است. این دوقلوها به عنوان «پیرترین نوزادان جهان» لقب گرفته‌اند و در خانواده جدیدی به سرپرستی گرفته شده‌اند. به طور شگفت‌انگیزی، این دو نوزاد تازه متولد شده فقط پنج سال پس

از تولد پدر خوانده کنونی‌شان تشکیل شده‌اند؛ این جنین‌ها از پدری در ۵۰ سالگی و یک اهداکننده تخمک ۳۴ ساله در سال ۱۹۲۲/۱۳۷۱ لقاح یافته‌اند. این دوقلوها رکورددار قبلی، مولی‌گیبسون‌را شکست دادند که در سال ۲۰۲۰ از جنینی ۲۷ساله متولد شده بود. فیلیپ ریچ وی، پدر جدید دوقلوها در بیانیه‌ای که اسکای نیوز گزارش داد، گفت: «این پدیده حیرت‌انگیز است، به تعبیری آنها

بزرگ‌ترین فرزندان ما هستند، حتی اگر کوچک‌ترین فرزندان ما باشند.» جنین‌ها در مراحل مختلف رشد در معرض مایعی قرار می‌گیرند که قبل از انجماد سریع، آب را از سلول‌ها خارج می‌کند و در این مرحله تا زمان بارداری در نیترژون مایع ذخیره می‌شوند. به این ترتیب، آی‌وی‌اف می‌تواند منجر به تولد نوزادانی از رویان‌هایی شود که چندین دهه قبل لقاح یافته‌اند. / IFLScience



«جام‌جم» از نتایج مطالعه جدیدی برای کنترل جمعیت موش‌های شهری گزارش می‌دهد

تله ژنی برای موش‌های مودی



برخلاف تصویر دوست‌داشتنی و مهربانی که از موش‌های خانگی در کارتون‌های خاطره‌انگیز دوران بچگی‌مان مثل «جری» به خاطر داریم، بی‌شک هیچ‌کس پذیرای چنین مهمان ناخونده‌ای در محیط زندگی‌اش نیست. موش‌های شهری این روزها در کلانشهرهایی مانند تهران به معضل خطرناکی تبدیل شده‌اند که علاوه

بر آسیب به منظر شهری، احتمال انتقال آلودگی و بیماری‌های مختلفی را به همراه دارند. به همین دلیل همیشه پیدا کردن راهکاری مناسب برای مقابله با این چوندگان مودی و کنترل جمعیت‌شان موردتوجه مدیران شهری و پژوهشگران بوده اما این‌بار مسیر کنترل جمعیت، سر از پژوهش‌های مهندسی ژنتیک در آورده است؛ در مطالعه‌ای جدید گروهی از محققان استرالیایی موفق به نوعی دست‌ورزی ژنی در موش‌های خانگی شده‌اند که می‌تواند به شکل مؤثری در کنترل جمعیت این گونه‌کمک‌کننده باشد.



در مطالعه جدیدی که نتایج آن به‌تازگی در نشریه معتبر علمی پی‌ان‌ای‌اس (PNAS) منتشر شده، گروهی از محققان استرالیایی برای اولین‌بار موفق شده‌اند از نوعی محرک ژنی برای القای ناباروری در جنس ماده موش‌های خانگی استفاده کنند.

پیش از این استفاده از محرک‌های ژنی با روش‌های دیگر مهندسی ژنتیک مانند غیرلقاح‌سازی ژنی، جهش و ... برای کنترل جمعیت گونه‌های خاص مانند گونه‌های مهاجم میکروبی ازجمله ویروس‌ها و باکتری‌ها یا ناقلان بیماری‌ها مورد توجه قرار گرفته‌بود اما عملیاتی نشد. حالا برای اولین‌بار، این تیم تحقیقاتی موفق شده که از دست‌ورزی ژنتیک برای کنترل یک جمعیت پستاندار استفاده کند. این درحالی‌است که استفاده از جنین‌های برای کنترل جانداران ناقل بیماری‌های مختلف به انسان ازجمله‌پشه‌انوفل که عامل بیماری خطرناک مالاریاست نیز در حال پیگیری است. به نظر می‌رسد که پیشرفت چشمگیر و سریع دانش بشر از ژن‌ها و تغییرات مولکولی درون سلول‌های زنده در ۵۰ سال اخیر و استفاده از مهندسی ژنتیک به‌منظور ایجاد تغییرات مطلوب درگونه‌های مختلف جانداران، حالا به فصل جدیدی وارد شده است. تقریباً روزی نیست که شاهد خبری در مورد اثربخشی روش‌های مختلف مهندسی ژنتیک، از ژن‌درمانی تا ویرایش ژنی و تنظیم بیان ژن‌ها برای ارائه راهکاری درمانی یا تشخیصی نباشیم.

انتقال تغییرات دلخواه با ژن‌های خودخواه

در استرالیا کنترل جمعیت موش‌های خانگی مهاجم به‌ویژه در جزیره‌های کوچک که کنترل جمعیت طبیعی گونه‌های مهاجم به‌دلیل شرایط فیزیکی و طبیعی محیط به‌درستی فراهم نیست، بسیار مهم است. مدل‌سازی رایانه‌ای که این گروه تحقیقاتی ارائه کرده، نشان می‌دهد که فقط ۲۰ سال طول می‌کشد تا ۲۵۰ موش دستکاری‌شده ژنتیک جمعیت ۲۰۰ هزارتایی موش‌ها در یک جزیره راز بین ببرند. این سرعت به معنای کنترل جمعیت در طول زمان است که از ایجاد آثار نامطلوب تغییرات ناگهانی در جمعیت یک گونه جلوگیری می‌کند.

در بیشتر جانوران، براساس فرضیات علم ژنتیک وراثت که با عنوان ژنتیک مندلی می‌شناسیم، هر نسخه از ژن‌های منفرد ۵۰درصد احتمال دارد که به فرزندان یک موجود زنده منتقل شود اما بخش‌هایی از ژنوم جانداران هم هستند که از این قاعده تبعیت نمی‌کنند و معمولاً با احتمال بسیار بیشتری به فرزندان منتقل می‌شوند که به آنها در اصطلاح «عناصر ژنتیک خودخواه» گفته می‌شود.

در روش‌های مهندسی ژنتیک از جنین بخش‌هایی از ژنوم الگوبرداری می‌شود که مطمئن باشیم تغییر مورد نظرمان با احتمال بالایی به تمام فرزندان در نسل‌های بعدی منتقل می‌شود. در مطالعه جدید تیم تحقیقاتی با استفاده از ابزار ویرایش دی‌ان‌ای به نام «کریسپر – کاس ۹» که این روزها زیاد در مordش می‌شنویم استفاده کرده‌است تا بتواند تغییر دلخواه در ژنوم موش‌ها را به نحوی ایجاد کند که حتماً به نسل‌های بعدی هم منتقل شود. آنها برای این کار از ساختار ژن طبیعی که از موش‌های نر با احتمال ۹۵درصد به فرزندان منتقل می‌شود، استفاده کردند.

کنترل تدریجی جمعیت در طول چند نسل

محقق اصلی این مطالعه، پروفیسور پل توماس از دانشگاه آدلاید، درخصوص این پژوهش توضیح می‌دهد: «کاری که ما انجام دادیم این است که عنصر ژنتیک به‌اصطلاح خودخواه را به شکلی تغییر دهیم تا با ایجاد تغییر در توالی دی‌ان‌ای، موجب ناباروری در جمعیت موش‌های ماده در نسل‌های بعدی شود.» وی می‌افزاید: «آنچه اتفاق می‌افتد این است که اگر تعداد کمی از این موش‌های دست‌ورزی‌شده دارای محرک ژنی را در میان یک جمعیت موش‌های شهری قرار دهیم، با جفتگیری آنها در جمعیت به‌تدریج این ژن مورد انتظار در جمعیت پخش و ژن ناباروری به نسل‌های بعدی منتقل می‌شود که درنهایت طی چند نسل شاهد کنترل جمعیت خواهیم بود.»



استفاده از روش‌های مهندسی ژنتیک برای کنترل جمعیت گونه‌های مهاجم مانند گونه‌های میکروبی ازجمله ویروس‌ها و باکتری‌ها یا ناقلان بیماری‌ها در سال‌های اخیرمورد توجه قرار گرفته است

نگاه

آینده روشن ویرایش ژنی

توسعه محرک‌های ژنی بحث‌برانگیز است و برخی از دانشمندان معتقدند برای توسعه دانش مهندسی ژنتیک و کاربردی‌تر شدن آن، به وضع قوانینی جهانی برای تنظیم چنین تحول بزرگی نیاز است؛ زیرا این فناوری هم مانند هر فناوری نوپه‌لور دیگر در صورت کنترل نشدن، با وجود فوایدی که برای بهبود زندگی بشر به همراه خواهد داشت، می‌تواند عواقب خطرناکی هم به دنبال داشته باشد. از آنجا که کشور ما نیز همسو با دیگر کشورها در توسعه روش‌های مهندسی ژنتیک و ویرایش ژنی گام برداشته و تحقیقات ارزشمندی در این زمینه در

را رمزگشایی کرده است. به گفته متا، ای‌اس‌ام‌فولد به اندازه نتایج دیپ‌مایند (DeepMind) گوگل دقیق نیست، اما ۶۰برابر سریع‌تر است.

دانشمندان برای این‌که صحت مدل خود را آزمایش کنند، از پایگاه داده‌ای از دی‌ان‌ای متانومی استفاده کردند؛ یعنی مواد ژنتیکی که مستقیماً از مکان‌هایی مانند خاک، آب دریا و روده و پوست انسان گرفته شده‌اند. آنها با این اطلاعات توانستند ساختار بیش از ۶۱۷میلیون پروتئین را طی دو هفته پیش‌بینی کنند.

این عدد ۴۰۰میلیون بیشتر از آن چیزی است که شرکت دیپ‌مایند متعلق به گوگل چهار ماه پیش اعلام کرده بود. دیپ‌مایند ادعا کرده بود که ساختار تقریباً هر پروتئین شناخته‌شده‌ای را برآورد کرده است. این به این معناست که بسیاری از این پروتئین‌ها قبلاً دیده نشده‌اند، احتمالاً به این دلیل که از موجودات ناشناخته می‌آیند.

گفته می‌شود بیش از ۴۰۰میلیون پیش‌بینی پروتئین برنامه ای‌اس‌ام‌فولد با کیفیت بالا محسوب می‌شوند، به این معنی که این برنامه قادر است شکل آنها را با دقتی تا سطح اتم پیش‌بینی کند. روش استاندارد برای تعیین ساختار پروتئین، استفاده از کریستالوگرافی اشعه ایکس است – مشاهده چگونگی پراکندگی پرتوهای پرا انرژی نور در اطراف پروتئین‌ها – اما این روش پرهزحمت و زمانبر است و برای همه انواع پروتئین‌ نمی‌توان از آن استفاده کرد.

پس از چند دهه کار، فقط حدود ۱۰هزار ساختار پروتئینی از طریق کریستالوگرافی اشعه ایکس رمزگشایی شده است. محققان امیدوارند از این برنامه برای کارهای متمرکز بر پروتئین استفاده کنند. شرکت متا گفته است: «برای توسعه بیشتر کار، ما در حال مطالعه این موضوع هستیم که چگونه مدل‌های زبانی می‌توانند برای طراحی پروتئین‌های جدید و کمک به حل چالش‌های سلامت، بیماری و محیط‌زیست استفاده شوند.» منابع: LiveScience. frontlinegenomics.com. cen.acs.

جام جم

دانش

SCIENCE

پنجشنبه ۳ آذر ۱۴۰۱ شماره ۶۳۶۴

دانش فضایی

رکورد تازه جیمزوب



حمیدرضا قنبریا

ا گروه دانش و سلامت

تلسکوپ فضایی جیمزوب به‌تازگی رکورد جدیدی ثبت کرده است؛ اطلاعات مولکولی و شیمیایی دقیق از آسمان یک سیاره فراخورشیدی. مجموعه‌ابزارهای بسیار حساس این تلسکوپ روی جو سیاره‌ای گازی با جرم مشابه زحل منظومه شمسی خودمان به نام «واسپ-۳۹»ی متمرکز شد که به دور ستاره‌ای در فاصله ۷۰۰ سال نوری از زمین می‌چرخد. در حالی که سایر تلسکوپ‌های فضایی از جمله هابل و اسپیتزر قبلاً جواین سیاره داغ را مورد مطالعه قرار داده بودند، خوانش جدید جیمزوب، فهرست کاملی از اتم‌ها، مولکول‌ها و حتی نشانه‌هایی از شیمی فعال و ابرهای این سیاره را ارائه می‌دهد.

عناصر و مولکول‌های کشف شده

این اکتشاف وجود دی‌اکسید گوگرد در جو سیاره «واسپ-۳۹»ی را نشان می‌دهد. مولکولی که از واکنش‌های شیمیایی ایجاد شده توسط نور پراثری ستاره مادر این سیاره ایجاد می‌شود. در زمین نیز لایه‌ای از جو، به روشی مشابه توسط نور خورشید ایجاد می‌شود. واسپ-۳۹ بی‌دمایی حدود ۸۷۱درجه سانتی‌گراد و جوی عمدتاً از هیدروژن دارد، بنابراین نمی‌تواند قابل سکونت باشد اما این نتایج جدید می‌تواند راه را برای یافتن شواهدی از حیات بالقوه در دیگر سیارات قابل سکونت باز کند. نزدیکی این سیاره به ستاره میزبان خود، هشت برابر نزدیک‌تر از عطارد به خورشید ما است و می‌تواند به‌عنوان آزمایشگاهی برای مطالعه‌اثرات تابش ستارگان میزبان بر سیارات فراخورشیدی استفاده شود. شناخت بیشتر ارتباط سیاره‌ها با ستاره‌های میزبان‌شان درک عمیق‌تری از چگونگی ایجاد تنوع سیارات مشاهده‌شده در کهکشان به ارمغان آورد.



سایر اجزای جوی شناسایی شده توسط جیمزوب عبارتند از سدیم، پتاسیم، بخارآب و همچنین ویژگی‌های آب موجود سیاره در طول موج‌های بلندتر که قبلاً دیده نشده بود. جیمزوب همچنین دی‌اکسیدکربن را با وضوحی دو برابر داده‌های گزارش شده از مشاهدات قبلی توسط دیگر تلسکوپ‌ها را ارائه داد. منوکسیدکربن نیز شناسایی شد اما نشانه‌ای از متان و سولفید هیدروژن در داده‌ها وجود نداشت. وجود این مولکول‌ها، برای دانشمندانی که فهرستی از شیمی سیارات فراخورشیدی را به منظور درک بهتر شکل‌گیری و توسعه این جهان‌های دوردست را گردآوری می‌کنند، بسیار مهم است. جزئیات ارائه شده توسط جیمزوب به اخترشناسان اجازه داد تا به گذشته این غول گازی نگاهی بیندازند و یاد بگیرند که چگونه چنین جهان داغ و سوزانی به وجود آمده است. محققان از نسبت کربن به اکسیژن، پتاسیم به اکسیژن و گوگرد به هیدروژن موجود در جو سیاره، استنباط کردند که باید از برخورد چند سیاره کوچک‌تر تشکیل شده باشد. علاوه بر این، فراوانی بسیار بیشتر اکسیژن در مقایسه با کربن در ابرهای ضخیم نشان داد که واسپ-۳۹ نسبت به امروز بسیار دورتر از ستاره خود شکل گرفته است.

پیشخوان

برکردن شکاف داده‌ها

در مجله نیچر

توالی انتشار: هفته‌نامه

شماره: هفته سوم نوامبر ۲۰۲۲ / هفته اول آذر ۱۴۰۱ **وبگاه:** nature.com

فقدان داده‌ها در مورد نتایج اقتصادی در بسیاری از نقاط جهان، مانع توسعه و ارزیابی سیاست‌های عمومی می‌شود. در شماره این هفته مجله نیچر، مارشال بک و همکارانش نشان می‌دهند که چگونه می‌توان تصاویر ماهواره‌ای را با یادگیری ماشین ترکیب کرد تا به رفع شکاف موجود در داده‌ها کمک کنند. این تیم با استفاده از تصاویر ماهواره‌ای و داده‌های نظرسنجی محلی در مورد ثروت خانوار، یک شبکه عصبی را برای پیش‌بینی نتایج اقتصادی خانوارهای سراسر کشور، ازجمله آنهایی که اخیراً به شبکه برق متصل شده‌اند، ایجاد کردند. نتایج حاصل از این پروژه، یک رابطه علت و معلولی مثبت بین دسترسی به برق و ثروت دارایی در روستاها را تاییدکرد.



سعبیلا کیان پور

ا گروه دانش و سلامت

شده اما به‌تازگی دانشمندان شرکت متا، شرکت مادر فیسبوک و اینستاگرام، از یک مدل هوش‌مصنوعی برای پیش‌بینی ساختار بیش از ۶۰۰میلیون پروتئین متعلق به ویروس‌ها، باکتری‌ها و سایر میکروب‌ها استفاده کرده‌اند.

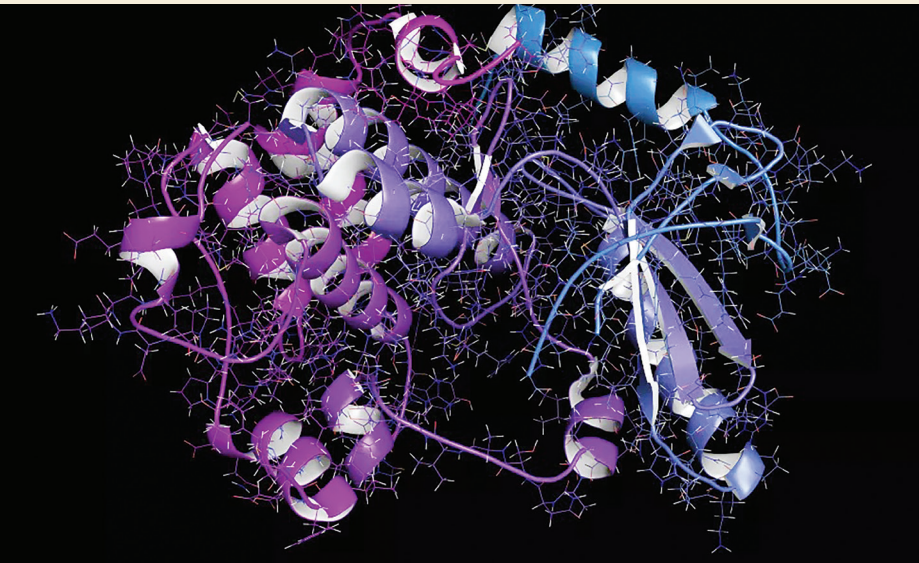
استفاده از مدل‌های یادگیری زبان

این برنامه که ای‌اس‌ام‌فولد (ESMFold) نام دارد، از مدلی استفاده کرده که در ابتدا برای رمزگشایی زبان انسان طراحی شده بود. مدل‌های یادگیری زبان شکلی از هوش مصنوعی هستند که با می‌گیرند الگوهای زبان را پیش‌بینی کنند، جای خالی حروف در کلمات را حدس بزنند و حتی کلمات و جملات بعد را پیش‌بینی کنند. هوش مصنوعی حتی می‌تواند تا آنجا پیش رود که معنای کلمات را درک کند. استفاده از این مدل برای پیش‌بینی ساختار پروتئین‌ها ایده جدیدی است. این ایده بر این منطق استوار است که الگویی اساسی در رابطه با چگونگی تکامل پروتئین‌های مرتبط باهم وجود دارد.

با ارائه توالی اسیدهای آمینه به این مدل یادگیری زبان به نحوی که

انگار این توالی اسیدآمینه‌ها مانند کلمات هستند، مدل باید بتواند در مورد سایر توالی‌ها پیش‌بینی کند و درنهایت بتواند پیچش‌ها و چرخش‌های پروتئین‌هایی را که ساختار سه‌بعدی آنها را تعیین می‌کند، پیش‌بینی نماید.

این پیش‌بینی‌ها از ساختار پروتئین‌ها، که در «اطلس متانژنومیک منبع باز» گردآوری شده است، می‌تواند برای کمک به توسعه داروهای جدید، مشخص کردن فرآیندهای میکروبی



ناشناخته و ردیابی ارتباطات تکاملی بین گونه‌های دوردست مورد استفاده قرار گیرد.

سبقت متا از گوگل

ای‌اس‌ام‌فولد اولین برنامه‌ای نیست که به پیش‌بینی ساختار پروتئین‌ها می‌پردازد. امسال، شرکت دیپ‌مایند متعلق به گوگل اعلام کرد که شکل تقریباً ۴۰۰میلیون پروتئین شناخته‌شده