



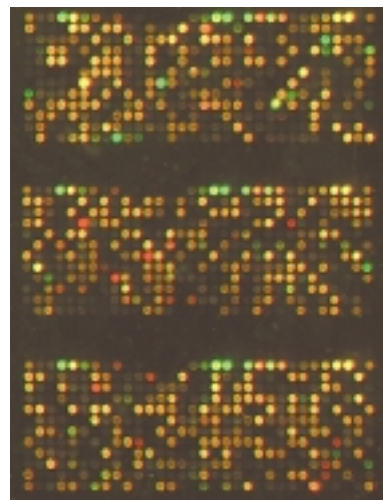
Informatika genetikaren zerbitzura

Garazi Andonegi Beristain

Elhuyar

Ezbairik gabe, azken urteetan zientziaren munduan punta-puntan dagoen gaia genetika da. Genomaren aurkikuntzak suposatu duen aurrerakadak genetikaren eragina arlo guztietara zabalarazi du. Hori frogatzen duen ikerketa da eskuartean duguna, informatika eta genetika uztartzen dituen, hain zuzen.

Donostiako Informatika Fakultateko Pedro Larrañagak eta Iñaki Inzak bioinformatikaren arloan egin duten ikerketa baten berri eman digute. Gaur egun gene-txip informatikoen bidez gene bakoitzaren zenbakizko balioa lor daiteke. Gaixo-talde bati esandako txipa aplikatuz gero, lortutako datu-basea koloretako mapa bat bezala ikus



ARTXIBOKOA

ARTXIBOKOA

Gene-txipen bidez gaixo baten gene bakoitzaren zenbakizko balioa lor daiteke.

daiteke. Horrela, mapa horretako posizio bakoitzeko intentsitateak eta koloreak, gaixo baten gene bateko informazioa kodetzen du. Datu-base horiek erabiliz eta teknika estatistikoak aplikatuz, gaixotasun konkretu bat zein genek eragin dezaketen aurkitzea dute helburu.

Ikuspegi globala

Orain arte egiten zenaren aurka, datu-baseetan dauden gene guztiak batera aztertu dituzte. Gaurdaino, datu-basean zeuden gene guztiak azterten ziren, baina ikuspegi globala kontuan izan gabe, hau da, geneen arteko elkarrreraginak kontuan hartu gabe. Orain, informatikaren aurrerapenei esker, posible da gene-kopuru bat bere osotasunean aztertea.


Pedrok eta Iñakik 65 bat pertsonaren 2.000-7.000 geneko datu-baseekin lan egin dute. Konbinazio guztiak aztertea lan izugarria izangoenez, sinplifikazio-metodoak erabiltzen dira, heuristika. Heuristika aplikatzea ez da ezinaren baitakoa soilik; izan ere, azken urteetan geneen diskriminazioaren bidez lortzen diren emaitzak hobek direla ikusi da. Hala, gaixotasun bat aurreikusteko egiten diren probabilitate-ereduek asmatze-tasa altuagoa dutela frogatu da. Eredu heuristiko ho-

riek zuzen planteatzean dago gakoa, milaka genetik zein baztertu behar diren aurreikusi behar baita.

Kasu praktikoak

Egindako lana hiru kasutara zuzendu dute: bi leuzemia-mota bereiztera, koloneko minbizia izan edo ez izan ikus-terera eta, hirugarrena, bederatzi minbizia-mota sailkatzera. Hiru datu-baseak aztertzeko lau eredu heuristiko erabili dituzte eta lortutako emaitzak bat datoz beste hainbat ikerketaren datuekin.

Ondorio nagusia da minbiziaren, leuzemiaren eta orokorrean edozein gaixotasunen eragileak oso gene gutxi direla: 2.000 edo 7.000 genetik 2-5era bitartean, adibidez. Gainera, lortzen diren eredu heuristikoen asmatze-tasa % 90 inguruan ibiltzen da. Asmatze-tasa hori baliozkotuta dago; hau da, edozein datu-baseri eredu heuristiko horiek aplikatuz gero, gutxi gorabehera asmatze-tasa hori lortuko litzateke.

Betiere kontuan izan behar da datu-baseetan ez dagoela oraindik orain informazio guztia, ez baitaude gene guztien balio numerikoak, ezta gaixo guztien laginak ere. Beraz, garapen luzea izango duen metodo informatiko baten aurrean gaude. 

Proiektuaren izenburua:

Sailkapen-prozeduren aplikazioa adierazpen genetikokoan.

Helburua:

Metodo konputazionalen aplikazioa biologia molekularrean.

Zuzendaria:

Pedro Larrañaga.

Lan-taldea:

Iñaki Inza, Basilio Sierra, Rosa Blanco.

Departamentua:

Konputazio-zientziak eta adimen artifiziala.

Fakultatea:

Informatika.

Finantzazioa

Zientzia eta Teknologia Ministerioa, Eusko Jaurlaritzaren eta EHU.