

Bên cạnh tác động điểu trị, các loại thuốc cũng đem lại những tác động phụ không mong muốn.

Vì vậy, nhóm các nhà nghiên cứu từ trung tâm nghiên cứu khoa UCSF, Viện Nghiên cứu y sinh (NIBR) thuộc hãng Novartis và hãng đột biến SeaChange đã phát triển một mô hình máy tính có thể dự đoán tác động phụ tiêu cực của nhiều loại thuốc hiện hành. Phần mềm này không chỉ giúp tiết kiệm rất nhiều tiền bạc mà còn tăng tốc độ giảm thiểu gian nghiên cứu và không sợ đột biến nguy hiểm trong nghiên cứu thử nghiệm đột biến tính.



Mô hình máy tính SEA của trung tâm nghiên cứu khoa UCSF sẽ dự đoán sự tương tác giữa các hình dạng của hàng loạt thuốc với hàng ngàn hợp chất khác để dự đoán các tác động phụ có thể xảy ra. Lý thuyết của công nghệ SEA là sự liên quan của protein đến hiệu ứng đột biến lý và nó còn hiệu quả cho việc thăm dò đối với các đột biến phức tạp mà đột biến sáng chế.

Các nhà khoa học trong nhóm nghiên cứu đã thử nghiệm và hiện thử trên màn hình máy tính 656 loại thuốc đang lưu hành trên thị trường để dự đoán qua một trong 73 loại protein với phương pháp thử nghiệm của Viện NIBR. Mô hình máy tính đã xác định được 1.241 tác động phụ mà trong đó đã từng có 348 hiệu ứng tương tác thuốc được ghi nhận từ các số liệu của hãng Novartis. Bên cạnh đó việc quen lý để báo các tác động phụ cho một nhà thời gian so với thông thường vì mô hình máy tính có thể giảm quy mô hàng trăm hợp chất cùng một lúc.

Theo Michael Kaiser, người đồng sáng lập SeaChange thì mô hình máy tính là biện pháp song hành chứ không loại trừ việc kiểm tra hiệu ứng qua đường vật, tuy vậy nó sẽ giúp bớt dùng đường vật để tăng tốc độ giảm thiểu gian nghiên cứu.