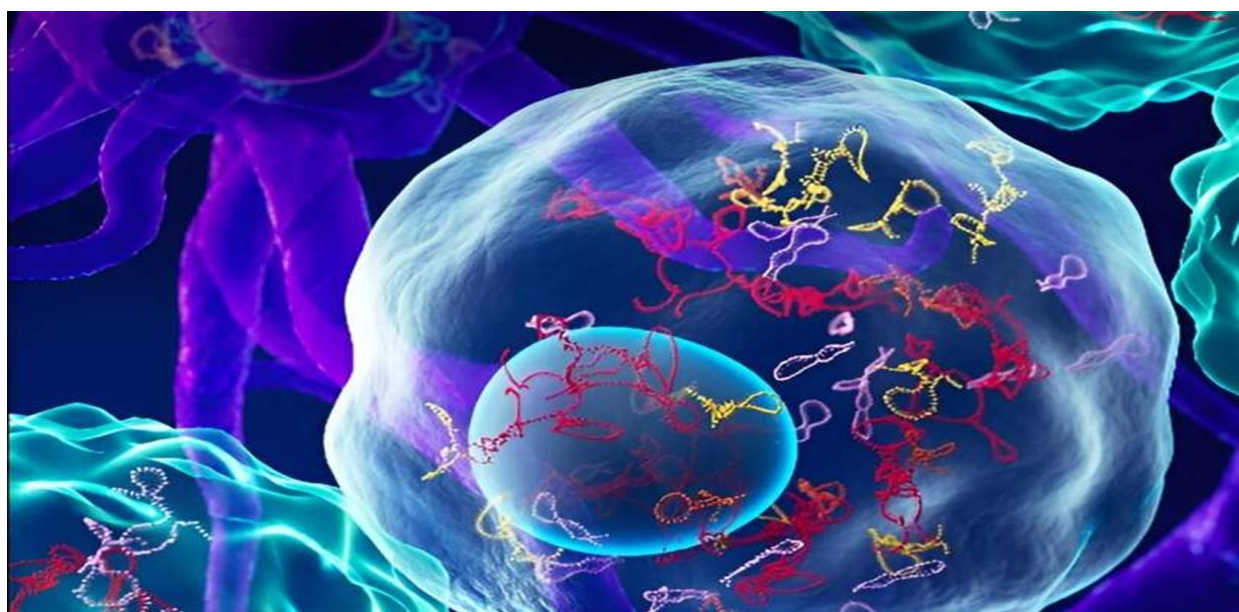


رویکرد جدید در توالی یابی ساختار RNA تک سلولی ، نشانگرهای زیستی را برای رشد و بیماری انسان آشکار می کند/

دکتر مریم اسلامی

پزشک و دکتری تخصصی ژنتیک، فلوشیپ پزشکی بازساختی



محققان مؤسسه ژنوم A*STAR سنگاپور (GIS) یک رویکرد نوآورانه برای تعیین توالی اسید ریبونوکلئیک تک سلولی (RNA) برای مطالعه نقش ساختار RNA در سلول های فردی، یافته اند. اشکال RNA در سلول های منفرد می تواند متفاوت باشد و عملکردهای مختلفی را هدایت کند.

این رویکرد جدید که Sc-SPORT نامیده می شود، برای کاوش ساختار رونوشت های RNA در تک سلولی ، استفاده می شود. این رویکرد قادر است نشانگرهای زیستی حیاتی برای رشد انسان و بیماری را بر اساس شکل و نه توالی شناسایی کند. در حالی که تجزیه و تحلیل بیان ژن تک سلولی میزان تنوع موجود در سلول های فردی به ظاهر مشابه را نشان داده است، مشخص نیست که

آیا عناصر دیگر نیز می توانند بر سرنوشت سلول تأثیر بگذارند یا خیر. از طریق این رویکرد، محققان اکنون می توانند از ساختار RNA به عنوان یک سطح اضافی از اطلاعات برای شناسایی انواع سلول در حال توسعه و بیماری ها استفاده کنند.

مقاله " ساختار RNA در تک سلولی، تعیین کننده های جدیدی از هویت سلول را نشان می دهد" در Nature Methods منتشر شد.

در دهه گذشته، درک اجزای مختلف در سلول های منفرد، از طریق فناوری های متنوع توالی یابی تک سلولی، پیشرفت کرده است. با کاوش عمیق تر در لایه های تک سلولی، پیش بینی مسیرهای سلولی دقیق تر می شود.

این مطالعه نشان دهنده اولین کاوش ساختار RNA در سطح تک سلولی است که به طور خاص انواع سلول های کمیاب و ناهمگونی ساختار RNA را، هدف قرار می دهد. در گذشته، هنگام مطالعه ساختار RNA در مقادیر زیاد، محققان برای شروع به میلیون ها سلول نیاز داشتند. چنین رویکردی دیدن تفاوت های خاص در ساختار RNA در بین سلول ها را دشوار می کرد.

اکنون، با انجام کاوش در ساختار RNA در سلول های منفرد، محققان می توانند اطلاعات موجود در هر سلول را بهتر درک کنند و تشخیص دهند که چه زمانی ممکن است سلول ها اشتباه کنند.

مطالعه ساختار RNA در سلول های منفرد، درهایی را برای شناسایی نشانگرهای زیستی ساختار در سلول های فردی که می توانند در بیماری دچار اختلال شوند، باز می کند و یک سطح اطلاعات اضافی را به اطلاعات تک سلولی موجود، اضافه می کند.

این ساختار RNA می تواند به عنوان یک نشانگر زیستی جدید یا هدف دارویی برای بیماری هایی باشد که در آن سطوح RNA تغییر نمی کند. محققان را قادر می سازد تا انواع سلول ها را بر اساس ساختار RNA شناسایی کنند، علاوه بر آن، آن ها بتوانند بهتر درک کنند که چگونه ویروس های RNA می توانند در سلول های منفرد، وارد و جای گیر شوند.

در حال حاضر، این تیم در حال بهینه سازی رویکردهای افزایش مقیاس برای توالی یابی ساختار RNA تک سلولی و استفاده از این رویکرد برای فرآیندهای پیچیده تر رشد سلولی و سرطان است.

دکتر Wan Yue گفت: برخلاف روش‌های سنتی که میلیون‌ها سلول را به طور همزمان مطالعه می‌کنند، این پیشرفت به بررسی ساختارهای RNA در هر سلول به صورت جداگانه، پرده‌برداری از الگوها و نشانگرهای زیستی منحصر به فرد می‌پردازد و درک ما را از سرنوشت سلولی، غنی می‌کند. در مواجهه با COVID-19 بیماری همه گیر ناشی از یک ویروس RNA، درک چگونگی چین خوردگی RNA در سلول‌ها بسیار مهم است.

این مطالعه نه تنها عملکردهای اساسی RNA را روشن می‌کند، بلکه راه را برای بینش بی سابقه ای در مورد پتانسیل RNA به عنوان یک تغییر دهنده در علوم زیست پزشکی، هموار می‌کند.

یافته‌های این مقاله اخیر نیز در مقایسه با مطالعات قبلی به دلیل توانایی کاهش میلیون‌ها سلول به یک سطح تک سلولی برای توالی‌یابی ساختار RNA، منحصر به فرد است.

پروفسور Liu Jian Jun، مدیر اجرایی در A*STAR گفت: در چشم انداز سریع در حال تکامل تحقیقات RNA، کار انجام شده در GIS بر تعهد ما به رمزگشایی پیچیدگی های RNA، تاکید می‌کند.

افزایش آگاهی از نقش RNA، به ویژه در زمینه همه‌گیری COVID-19، به آمادگی بهتر برای مقابله با همه‌گیری کمک می‌کند و بینش‌های جدیدی را برای درمان‌های بالقوه علیه ویروس‌های RNA ارائه می‌دهد.

<https://phys.org/news/2024-01-approach-cell-rna-sequencing-unveils.html>