

 Zawartość zarchiwizowana w dniu 2023-04-17

Jak scharakteryzować tożsamość komórkową poprzez sekwencjonowanie RNA z pojedynczej komórki

Finansowani ze środków UE naukowcy opracowali metodę dokładnej oceny działania leku na konkretne komórki w wyizolowanej tkance trzustki. Może to pomóc w opracowaniu celowanych terapii farmakologicznych do leczenia cukrzycy typu 1.



ZDROWIE



© nobeastsofierce, Shutterstock

Zrozumienie genotypu poszczególnych komórek ma kluczowe znaczenie dla określenia, jak bardzo różnią się one od siebie w takich stanach jak rak oraz zaburzenia immunologiczne i metaboliczne. W ostatnich latach obserwuje się rosnące zainteresowanie terapeutycznym celowaniem w kwasy rybonukleinowe (RNA) – kluczowe elementy pośredniczące w ekspresji informacji genetycznej – dzięki ich głównej roli w procesach biologicznych.

Częściowo wspierany przez dwa finansowane ze środków UE projekty, CHROMABOLISM i EpigenomeProgramming, zespół naukowców opracował technikę dokładniejszej analizy wpływu określonych leków na wyizolowaną tkankę trzustki przy użyciu udoskonalonej metody sekwencjonowania RNA z pojedynczej komórki. Wyniki ich badań zostały opublikowane w czasopiśmie „[Genome Biology](#)” .

W [komunikacie prasowym](#)  autorstwa instytucji przyjmującej projektów CHROMABOLISM i EpigenomeProgramming, Centrum Badań nad Medycyną Molekularną (ang. Center for Molecular Medicine, CeMM) Austriackiej Akademii

Nauk, czytamy: „Ich badanie (...) opisuje technikę, którą opracowano w celu rozwiązania problemu zanieczyszczenia cząsteczek RNA w transkryptomice jednokomórkowej, co pozwoliło na uzyskanie dokładnych wyników dynamicznych odpowiedzi na działanie leku w komórkach trzustki”. Dalej czytamy: „Wyniki te pomogą w przyszłości w rozwoju terapii celowanych na potrzeby leczenia cukrzycy typu 1”. Transkryptomika odnosi się do badania transkryptomów – całych transkryptów RNA obecnych w pojedynczej komórce lub populacji komórek – w celu zbadania ekspresji genów.

Jak wyjaśniono w tym samym komunikacie prasowym, obszary trzustki, w których znajdują się jej komórki endokryne (produkujące hormony), znane jako wysepkі Langerhansa, zawierają komórki beta, alfa i delta. Komórki beta wydzielają insulinę – hormon, który odgrywa ważną rolę w regulacji metabolizmu glukozy. Jak zauważono w komunikacie prasowym, w przypadku cukrzycy typu 1, która jest chorobą przewlekłą, „układ odpornościowy organizmu omyłkowo atakuje i niszczy komórki beta produkujące insulinę w trzustce”. „Celem medycyny regeneracyjnej jest uzupełnianie masy komórek beta, a tym samym wspomaganie, a ostatecznie zastąpienie obecnych insulinoterapii. Zmiany w składzie wysepek, w tym niewystarczająca czynność i różnicowanie komórek beta, przyczyniają się również do rozwoju cukrzycy typu 2”. Dalej czytamy: „Dlatego też głębsze zrozumienie tożsamości i wzajemnych powiązań różnych typów komórek znajdujących się w wysepkach umożliwia lepszą charakteryzację obu postaci cukrzycy i może przyczynić się do opracowania nowych koncepcji terapeutycznych”.

Potężna technika

Zgodnie z komunikatem prasowym CeMM, choć w ostatnim czasie miał miejsce postęp w zakresie profilowania transkryptomów pojedynczych komórek, „podejścia te nadal stwarzają wyzwania natury technologicznej, biorąc pod uwagę fakt, że w eksperymencie całkowicie wykorzystywana jest tylko niewielka ilość obecnego RNA. Dlatego też niezbędne jest zapewnienie jakości i czystości transkryptomów pozyskanych z poszczególnych komórek”.

W komunikacie prasowym wyjaśniono, w jaki sposób naukowcy „zidentyfikowali niespodziewanie wysoką ekspresję hormonów w nieendokrynnych typach komórek, zarówno w ich własnym zbiorze danych, jak i w innych opublikowanych badaniach dotyczących pojedynczych komórek”. Dodano w nim też, że naukowcy chcieli wyjaśnić, „czy mogłoby to być wynikiem zanieczyszczenia cząsteczkami RNA, na przykład z umierających komórek, i w jaki sposób można by wyeliminować to zjawisko, aby uzyskać bardziej wiarygodny zbiór danych”. Ich celem było „opracowanie, weryfikacja i zastosowanie metody do eksperymentalnego określania i komputerowego usuwania takich zanieczyszczeń”.

Projekt CHROMABOLISM (Chromatin-localized central metabolism regulating gene expression and cell identity) skupia się na ułatwieniu badania podatności związanych z chromatyną na bezprecedensowym poziomie głębokości. Projekt EpigenomeProgramming (An experimental and bioinformatic toolbox for functional epigenomics and its application to epigenetically making and breaking a cancer cell) analizuje rolę epigenetyki w przypadku raka.

Więcej informacji:

[projekt CHROMABOLISM](#)

[projekt EpigenomeProgramming](#)

Słowa kluczowe

CHROMABOLISM, EpigenomeProgramming, cukrzyca typu 1, kwas rybonukleinowy, transkryptom

Powiązane projekty



European Research Council
Established by the European Commission

PROJEKT

An experimental and bioinformatic toolbox for functional epigenomics and its application to epigenetically making and breaking a cancer cell

EpigenomeProgramming

3 Października 2023



European Research Council
Established by the European Commission

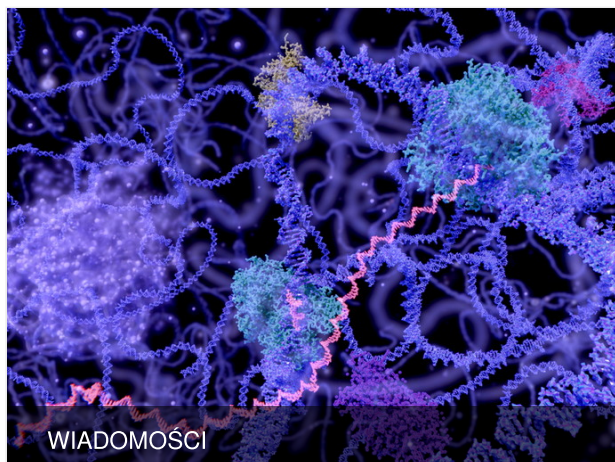
PROJEKT

Chromatin-localized central metabolism regulating gene expression and cell identity

CHROMABOLISM

6 Lutego 2024

Powiązane artykuły



POSTĘPY NAUKOWE

Badanie daje nadzieję na pokonanie agresywnych postaci nowotworu



10 Lipca 2019



Nowe informacje na temat mutacji RNA oraz rola „opiekunów”



2 Marca 2020

Ostatnia aktualizacja: 5 Czerwca 2020

Permalink: <https://cordis.europa.eu/article/id/418329-how-to-characterise-cellular-identity-by-single-cell-rna-sequencing/pl>

European Union, 2025