

Сделал на одну больше на случай, если какая-то новость окажется слабо связанной с биоинформатикой

Подход машинного обучения для предсказания эффективности CRISPR технологий

Исследователи из института Würzburg Helmholtz и Helmholtz AI Cooperative изобрели подход, основанный на машинном обучении, для предсказания эффективности технологий CRISPR более точно, чем раньше.

С целью борьбы с патогенами, лечения генетических заболеваний или достижения других положительных эффектов используются молекулярно-биологические технологии CRISPR, которые специфически изменяют или заглушают гены и подавляют выработку белка. Одним из таких молекулярно-биологических инструментов является CRISPRi. До сих пор было сложно предсказать эффективность этого метода для конкретного гена, однако теперь разработанный подход позволяет увеличить точность предсказаний

<https://www.sciencedaily.com/releases/2024/01/240113144439.htm>

Voice-to-Text модель для сбора данных

Regeneron внедрила передовой научный подход к оцифровке лабораторных данных. Они наблюдали за учеными и обнаружили, что при сборе данных команда ученых использовала записи от руки на бумаге. Это тормозило производительность команды. Исследователи Regeneron предоставили возможность собирать данные без использования рук с помощью преобразования голоса в текст. Некоторые ученые отнеслись к этому со скептицизмом, однако впоследствии сполна оценили разработку

<https://www.bio-itworld.com/news/2024/07/09/regeneron-uses-voice-to-text-for-science-first-data-digitization-efforts-for-animal-research>

Машинное обучение для диагностики воспалительных заболеваний у детей

РНК выполняет ряд биологических функций, от доставки генетической информации до производства белков. Но РНК также выводится из клеток в результате их гибели или активного высвобождения и затем может попасть в плазму крови.

Cornell-led collaboration разработал модели машинного обучения, которые используют эти бесклеточные остатки молекулярной РНК для диагностики воспалительных заболеваний у детей, которые трудно опознать. Диагностический инструмент может точно определить, есть ли у пациента болезнь Кавасаки (KD), мультисистемный

воспалительный синдром (MIS-C), вирусная или бактериальная инфекция, одновременно контролируя состояние органов пациента.

<https://www.rna-seqblog.com/cornell-researchers-develop-machine-learning-diagnostic-models-that-use-cell-free-molecular-rna/>

Исследование болезни Альцгеймера с использованием секвенирования РНК

Болезнь Альцгеймера уже давно связана с изменениями в головном мозге, но точная клеточная динамика, приводящая к ее возникновению, остается неясной. В недавнем исследовании, проведенном учеными Hebrew University of Jerusalem, использовалось секвенирование РНК (RNA-seq), чтобы выявить эти изменения и получить представление о том, как развивается болезнь Альцгеймера. В этом исследовании исследователи применили RNA-seq для анализа более 1,65 миллиона отдельных клеток мозга 437 пожилых людей, создав подробный “клеточный атлас” стареющего мозга.

<https://www.rna-seqblog.com/rna-sequencing-and-the-beyond-model-together-provide-the-key-to-unlocking-the-complex-cellular-landscape-of-the-aging-brain/>