

xPore: An AI-Powered App for Bioinformaticians

เป็นการศึกษาเกี่ยวกับการพัฒนาเทคนิคใหม่ในการตรวจสอบการแก้ไข โดยทีมวิจัยได้พัฒนาเทคนิคการคำนวณที่เรียกว่า “xPore” ที่สามารถระบุการแก้ไข RNA ที่แตกต่างกันจากข้อมูลการอ่าน RNA โดยตรงผ่าน nanopore โดยในการแก้ไข RNA เช่น N⁶-methyl adenosine (m⁶A) สามารถปรับเปลี่ยนฟังก์ชันของ RNA ในเซลล์ได้ แต่การวัดความแตกต่างในการแก้ไข RNA นั้นยังคงเป็นที่ท้าทายเช่นเดิม

xPore สามารถระบุตำแหน่งของ m⁶A ที่ความละเอียดระดับฐานเดียว ประมาณส่วนของ RNA ที่ถูกแก้ไขในเซลล์ และวัดอัตราการแก้ไขที่แตกต่างกันในสภาวะต่าง ๆ ผลการทดลองแสดงว่า xPore มีความแม่นยำสูงและสามารถลบข้อจำกัดในการศึกษาการแก้ไข RNA ที่เกิดขึ้นก่อนหน้านี้

ทีมวิจัยได้นำ xPore ไปใช้กับข้อมูลการอ่าน RNA โดยตรงจากหูกแบบเซลล์และตัวอย่างผู้ป่วยโรคมัลติพล์ myeloma โดยไม่ต้องมีตัวอย่างควบคุมที่จับคู่ พบว่าหลายไซต์ m⁶A ถูกเก็บรักษาไว้ในทุกประเภทเซลล์ ในขณะที่บางส่วนแสดงความแตกต่างที่สำคัญในอัตราการแก้ไข

วิธีการ

- xPore ใช้ประโยชน์จากการอ่านการจัดลำดับ RNA โดยตรงจากเทคโนโลยีนาโนพอร์เพื่อรวบรวมข้อมูลเกี่ยวกับทั้งลำดับ RNA และการปรับเปลี่ยน
- ใช้แบบจำลองกราฟิกการแจกแจงแบบสองฐานที่ได้รับการฝึกฝนบนชุดข้อมูลขนาดใหญ่เพื่อแยกแยะฐานที่ได้รับการปรับเปลี่ยนและไม่ได้ปรับเปลี่ยน
- xPore ประมาณการอัตราการเปลี่ยนแปลงผ่านการจำลองทางสถิติและพิจารณาอคติที่มีอยู่ในการถอดรหัสข้อมูลการจัดลำดับนาโนพอร์

xPore เป็นเครื่องมือที่มีประสิทธิภาพในการระบุและหาปริมาณการปรับเปลี่ยน RNA ที่แตกต่างกัน เครื่องมือนี้สามารถใช้เพื่อศึกษาบทบาทของการปรับเปลี่ยน RNA ในการกำกับแสดงออกของยีนและการทำงานของเซลล์ นอกจากนี้ยังสามารถใช้เพื่อสำรวจการเปลี่ยนแปลงในการปรับเปลี่ยน RNA ที่เกี่ยวข้องกับโรคและการตอบสนองต่อสิ่งเร้าจากสิ่งแวดล้อม