นักวิจัยจากมหาวิทยาลัยซีอานเจียวทง-ลิเวอร์พูล ประสบความสำเร็จในการพัฒนาการทำแผนที่กระบวนการดัดแปลง RNA

คณะนักวิจัยจากมหาวิทยาลัยซีอานเจียวทง-ลิเวอร์พูล (Xi'an Jiaotong-Liverpool University: XJTLU) ได้ทำการศึกษาการทำนายกระบวนการดัดแปลง m6A RNA ทั้งหมดหรือทรานสคริปโตม (whole-transcriptome) ซึ่งผลปรากฏว่าประสบความสำเร็จในการทำแผนที่ m6A epitranscriptome ที่มีความแม่นยำมากที่สุดในโลก

การวิจัยดังกล่าวนำโดย Dr Jia Meng จากภาควิชาวิทยาศาสตร์ชีวภาพ และได้รับการตีพิมพ์เผยแพร่ในวารสาร Nucleic Acids Research เมื่อไม่นานมานี้

Dr Meng กล่าวว่า ผลการวิจัยดังกล่าวอาจมีความสัมพันธ์และเป็นความหวังสำหรับการศึกษาโรคต่าง ๆ

"เป็นเรื่องยากที่จะทำนายว่า โรคใดบ้างที่จะได้ประโยชน์จากการวิจัย m6A RNA methylation แต่การศึกษาบ่งชี้ว่า เอนไซม์ของ m6A RNA methylation มีบทบาทสำคัญในโรคมะเร็งเม็ดเลือดขาว มะเร็งปอด และมะเร็งเต้านม" เขากล่าว

"ในฐานะที่เป็นชั้นฐานของการควบคุมยีน ผมไม่แปลกใจที่ได้เห็นว่า การควบคุม epitranscriptome ผ่านทางกระบวนการ m6A RNA methylation ที่สามารถผันกลับได้ (reversible) นั้น มีบทบาทสำคัญในหลายโรค

"ผลการวิจัยพิสูจน์ว่า การมุ่งการศึกษาเพิ่มเติมไปที่โรคมะเร็งนั้น ถือเป็นทิศทางที่มีความหวัง"

Dr Meng อธิบายว่า RNA ย่อมาจาก ribonucleic acid หรือกรดไรโบนิวคลีอิก ซึ่งรู้จักกันว่าเป็น 'ลูกพี่ลูกน้อง' ของ DNA โดยการดัดแปลง m6A RNA เป็นประเภทหนึ่งของการดัดแปลงโมเลกุลอาร์ RNA ทางชีวเคมี ซึ่งสามารถเปลี่ยนคุณสมบัติทางชีวภาพของโมเลกุล และควบคุมการแสดงออกของยีน โดยที่ไม่เปลี่ยนลำดับเบส

"ก่อนหน้านี้ การทำนายบริเวณที่มีการดัดแปลง m6A RNA อาจมีความแม่นยำสูงสุดที่เพียงประมาณ 80% โดยอาศัยข้อมูลลำดับเบสแบบดั้งเดิม" เขากล่าว

"สิ่งที่เราพบคือ ด้วยการเพิ่มคุณสมบัติของจีโนมอีก 35 ตัว เราก็สามารถเพิ่มความแม่นยำได้เป็นถึง 90% ซึ่งถือเป็นความก้าวหน้าครั้งใหญ่"

Dr Meng กล่าวว่า เรื่องนี้กำลังเป็นประเด็นที่วงการวิทยาศาสตร์ชีวภาพให้ความสนใจอยู่ในขณะนี้ เนื่องจากปัจจุบัน

มีการดัดแปลง RNA ที่แตกต่างกันอยู่มากกว่า 100 ประเภท และส่วนใหญ่แล้วไม่มีใครทราบฟังก์ชั่นการทำงานของกระบวนการเหล่านี้

Dr Meng เผยว่า m6A มีจำนวนมากเที่สุด และคาดว่าจะมีประโยชน์ต่อการศึกษามากที่สุด

ทีมวิจัยได้นำวิธีการเรียนรู้ของเครื่อง (machine-learning) มาใช้ในการร่างแผนที่ m6A epitranscriptome ด้วยการสร้างแบบจำลองการทำนายโดยอิงกับข้อมูลลำดับเบสแบบดั้งเดิมและคุณสมบัติของจีโนมแบบใหม่ เพื่อทำนายตำแหน่งบนยีนที่อาจมีความสัมพันธ์กับกระบวนการดัดแปลง RNA ได้อย่างแม่นนำ

นักศึกษาปริญญาเอก Kunqi Chen กล่าวว่า การทำนายที่มีความแม่นยำมากขึ้น และความเข้าใจที่ดีขึ้นเกี่ยวกับบริเวณทีเกิดการดัดแปลง RNA จะช่วยให้นักวิทยาศาสตร์บ่งชี้ได้ง่ายขึ้นว่า เอนไซม์ตัวใดที่มีความเกี่ยวข้องในกระบวนการดัดแปลง

“งานของเราจะมีส่วนสนับสนุนการศึกษาการทำงานและลักษณะของยีน รวมถึงความสัมพันธ์ระหว่างยีนกับโรคบางโรค” เขากล่าว