Swift Biosciences เปิดตัวแนวทางเตรียมไลบรารีสำหรับการทำ Methyl-Seq ระดับเซลล์เดียวรูปแบบใหม่ รองรับปริมาณงานสูงสุด

ผลการวิจัยที่ตีพิมพ์ในนิตยสาร Science แสดงให้เห็นการทำงานของตัวบ่งชี้อีพีเจเนติกส์ ในการค้นพบเซลล์ชนิดย่อยและลำดับเบสควบคุมที่ก่อให้เกิดความหลากหลายของเซลล์

Swift Biosciences ผู้นำด้านโซลูชั่นเตรียมไลบรารีระดับนวัตกรรม สำหรับการทำ Next Generation Sequencing (NGS) ประกาศเปิดตัวเทคนิคหาลำดับเมทิเลชันระดับเซลล์เดียวรูปแบบใหม่ ด้วยเทคโนโลยี Accel-NGS(R) Adaptase(TM) ซึ่งเป็นโซลูชั่น NGS-prep ที่มีประสิทธิภาพและทนทานสำหรับการตรวจหาลำดับไบซัลไฟท์ทั้งจีโนมในระดับเซลล์เดียว เทคนิคใหม่นี้ช่วยให้สามารถวิเคราะห์บริเวณที่มีการเติมหมู่เมธิลได้อย่างมีประสิทธิภาพ ครอบคลุมเซลล์กว่าหลายพันตัวจากเนื้อเยื่อที่ไม่เป็นเนื้อเดียวกัน (heterogeneous) และยังทำงานเพื่อนำไปใช้ประโยชน์ในส่วนอื่นด้วย ทั้งการจำแนกเซลล์ การควบคุมกลไกของเซลล์ในเนื้อเยื่อปกติ การเปลี่ยนแปลงทางอีพีเจเนติกส์เมื่อเกิดโรค และการสงวนการควบคุมระดับเอพิจีโนมิกส์ตามวิวัฒนาการ

การเติมหมู่เมธิลเป็นตัวชี้วัดทางชีวภาพที่มีความเสถียร เพื่อนำไปค้นหาชนิดของเซลล์และลำดับเบสควบคุมเบื้องหลังการทำงานของเซลล์ และเมื่อมีการศึกษาการแสดงออกของอาร์เอ็นเอระดับเซลล์เดียวประกอบด้วยแล้ว การเติมหมู่เมธิลระดับเซลล์เดียวก็จะสามารถบ่งชี้ลำดับเบสควบคุมเหล่านี้ ซึ่งจะควบคุมโปรไฟล์การแสดงออกของเซลล์แต่ละชนิด รวมถึงความแตกต่างระหว่างเซลล์ นอกจากนี้ ผลการวิจัยทางคลินิกล่าสุดยังมีการค้นพบรูปแบบของการเติมหมู่เมธิลในโรคประเภทต่างๆ เช่น โรคมะเร็ง ซึ่งช่วยระบุชนิดของเนื้องอก ประเมินปริมาณเซลล์มะเร็ง (tumor burden) จากการตรวจด้วยของเหลว และมีความสัมพันธ์กับการลุกลามของโรค การพยากรณ์โรค และการตอบสนองต่อยา

ไม่นานมานี้ เทคนิคดังกล่าวได้รับการกล่าวถึงในนิตยสาร Science ในรายงานชื่อ “Single Cell Methylomes Identify Neuronal Subtypes and Regulatory Elements in Mammalian Cortex” ผลงานของคณะผู้ร่วมโครงการจากสถาบัน Salk Institute มหาวิทยาลัย University of California San Diego และ Swift Biosciences ซึ่งได้ดำเนินการตรวจแยกโดยอาศัยการคัดเลือกเซลล์ด้วยสารเรืองแสง การแปรสภาพไบซัลไฟท์ และใช้โมดูล Accel-NGS Adaptase ของ Swift ร่วมกับส่วนประกอบอื่นๆที่มีการวางจำหน่าย ผลการวิจัยที่ตีพิมพ์นี้พบว่า อัตราการทำ read-mapping ได้ปรับตัวเพิ่มขึ้นกว่า 2 เท่าเมื่อเทียบกับเทคนิคอื่นๆ ซึ่งช่วยเพิ่มปริมาณข้อมูลต่อการหาลำดับหนึ่งครั้งได้อย่างมีนัยสำคัญ ขณะเดียวกันก็ช่วยลดต้นทุนโดยรวมด้วย

“โครงการดังกล่าวเป็นอีกหนึ่งความร่วมมือทางวิทยาศาสตร์ที่เทคโนโลยีของ Swift มีส่วนผลักดันขอบเขตในวงการวิทยาศาสตร์นี้” ทิโมธี ฮารกินส์ ประธานและซีอีโอของ Swift Biosciences และผู้ร่วมจัดทำรายงานฉบับนี้ กล่าว “เรารู้สึกตื่นเต้นต่อข้อมูลเชิงลึกที่เราเพิ่งค้นพบใหม่ในเรื่องกระบวนการพื้นฐานของเซลล์ รวมถึงผลกระทบอันลึกซึ้งต่ออนาคตของวงการการแพทย์แม่นยำ”

“เทคโนโลยี Adaptase ที่เป็นกรรมสิทธิ์ของเรา สร้างไลบรารี NGS ที่มีความซับซ้อนสูงขึ้นจากดีเอ็นเอสายเดี่ยวแบบ low-input” ดร.ลอรี คูริฮารา ผู้อำนวยการอาวุโสฝ่ายวิจัยและพัฒนา และผู้ร่วมจัดทำรายงาน กล่าว “เทคนิคระดับเซลล์เดียวของเรามีขั้นตอนการทำงานที่น้อยกว่าเทคนิคอื่นๆ ทั้งยังมีระบบประมวลผลระดับเซลล์เดียวแบบหลายทาง เพื่อยกระดับศักยภาพรองรับการใช้งานที่มีปริมาณข้อมูลสูง”

Accel-NGS Adaptase Module วางจำหน่ายแล้ววันนี้