

תחום הביואינפורמטיקה עוסק בניתוח, ארגון והבנה של נתונים ביולוגיים באמצעות מחשב. היחידה לביואינפורמטיקה באוניברסיטת בן-גוריון בנגב הוקמה בשנת 2003 במטרה לקדם את המחקר המדעי באוניברסיטה באמצעות גישות וכלים מתחום הביואינפורמטיקה. כיום היחידה מהווה חלק מהמעבדות לתמיכת מחקר במכון אילזה כץ למדע וטכנולוגיה בתחום הננומטרי.

ד"ר לירון לוין, ראש היחידה לביואינפורמטיקה, יחד עם הסטודנט גיל שורק, ד"ר יוליה חיים מיחידת ה- single-cell transcriptomics פרופ' אסף רוזין ופרופ' אסתי יגר לוטם מהמחלקה לביוכימיה ופרמקולוגיה קלינית, ד"ר ורד כליפא-כספי מהיחידה לביואינפורמטיקה וחוקרים נוספים, פיתחו כלי חישובי חדש sNucConv –

כלי זה נעזר בטכנולוגיות ריצוף חומצות גרעין שהתפתחו בשנים האחרונות בכדי לאפשר ריצוף מולקולות RNA (חומצה ריבונוקלאית), תוך תיוג כל המולקולות שמקורן מכל תא בודד. כך התאפשר לראשונה למפות תת-אוכלוסיות של סוגי תאים שחלקן לא היו ידועות עד כה, ולנסות להבין את משמעותן הן בתפקוד התקין של רקמות והן במצבי חולי.

עד כה השימוש בטכנולוגיה זו של ריצוף תאים בודדים הוגבל הן בשל מחירה הגבוה מאוד, היותה עדיין בפיתוח, והן לאור העובדה שחלק מהרקמות בגוף (כמו רקמות שומן ומוח) אינן מאפשרות אנליזה מתאים שלמים, אלא מצריכות אנליזה דומה מגרעיני התאים שמבודדים מהם. למרות שה-RNA בגרעין מצוי במתאם עם ה-RNA בתא השלם, מדובר בהבדלים משמעותיים ביניהם, שמצריכים התייחסות ייחודית.

דה-קונבולוציה היא גישה חישובית להעריך מיהן אוכלוסיות התאים המרכיבות רקמה, מריצוף RNA המופק מהרקמה כולה (bulk RNA), כלומר, לא מתאים בודדים או מגרעינים. כלי הדה-קונבולוציה החישוביים הקיימים אומנו על אנליזת ריצוף של תאים בודדים שלמים, לא של גרעינים.

"במחקר הנוכחי ייצרנו 'סט לימוד' לתוכנות הדה-קונבולוציה, ובחנו את דיוקם של כלים חישוביים קיימים, שלא נוצרו להתמודד עם ריצוף RNA מגרעינים, אלא מתאים שלמים. כיוון שהביצועים של הכלים הקיימים נמצאו ירודים מאד, נדרשנו לפתח שיטה שתתמודד עם הפער בין תאים שלמים לגרעיני תאים ואכן בעזרת השימוש בבינה מלאכותית הצלחנו להגיע לתוצאות מרשימות", הסביר ד"ר לירון לוין.

צוות החוקרים שפיתח את הכלי החישובי החדש נעזר בבינה מלאכותית ובמאגר דגימות ייחודי שיצר הכולל דגימות שרוצפו במקביל ע"י ריצוף גרעינים וגם של הרקמה שלמה. התוצאות הצביעו על מתאם גבוה בין סוגי התאים ש-sNucConv-העריך לבין התאים שהתגלו בפועל (מתאם של ~0.9). עוד הדגימו החוקרים, שנדרשות רק 3-4 דגימות שמרוצפות בשתי השיטות במקביל בכדי לייצר כלי חישובי מדויק המסוגל לזהות כ-15 סוגי תאים שונים.

"מידע זה יאפשר לחוקרים נוספים ליצור כלים ייעודיים להערכת ההרכב התאי לרקמות אחרות, למשל – המח", סיכם ד"ר לוין.

מחקר זה (מס <https://doi.org/10.1016/j.isci.2024.110368>) 'נתמך ע"י האקדמיה הלאומית הישראלית למדעים Human Cell Atlas project, והקרן הגרמנית למדע.

