



BIOTECH UPDATES

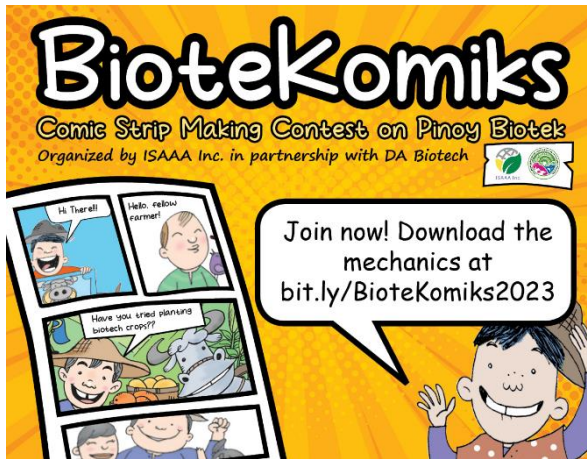
A weekly summary of world developments in biotechnology, produced by the ISAAA Global Knowledge Center on Biotechnology direct to your inbox.



สมาคมเทคโนโลยีชีวภาพสัมพันธ์

วันที่ 4 ตุลาคม 2566

ISAAA Inc. เปิดการแข่งขัน BioteKomiks ให้กับชาวฟิลิปปินส์



ISAAA Inc. ร่วมมือกับโครงการเทคโนโลยีชีวภาพด้านการเกษตรและการประมงของฟิลิปปินส์ (Philippine Agriculture and Fisheries Biotech Program - DA Biotek) เชิญนักเขียนการ์ตูนชาวฟิลิปปินส์เข้าร่วม BioteKomiks ซึ่งเป็นการประกวดสร้างการ์ตูนที่มีเนื้อหาหลักในหัวข้อ "สิ่งมหัศจรรย์ของ Pinoy Biotek" มีจุดมุ่งหมายเพื่อรวบรวมมุมมองของศิลปินเกี่ยวกับผลกระทบของ Pinoy Biotek ที่มีต่อการเกษตรและการ

ประมงของประเทศผ่านการ์ตูนสี่ช่อง

การประกวดนี้เปิดสำหรับชาวฟิลิปปินส์และมี 2 ประเภท: มือสมัครเล่นและมืออาชีพ เข้าร่วมการแข่งขันได้ฟรี โดยผู้เข้าร่วมสามารถส่งผลงานได้ 1 ภาพ ต่อ 1 ประเภทเท่านั้น แต่ละภาพอาจมีได้สูงสุด 4 ช่อง บนกระดาษขนาด 8.27" x 11.69" (A4) ต้องเป็นผลงานต้นฉบับและไม่ได้ตีพิมพ์ เป็นการ์ตูนสี่ช่อง และสามารถวาดด้วยมือหรือวาดแบบดิจิทัลก็ได้

การ์ตูนจะต้องมีชื่อเรื่อง และข้อความจะต้องเป็นเรื่องเกี่ยวกับวิทยาศาสตร์ สามารถใส่เครื่องมือการเล่าเรื่อง เช่น คำพูดหรือช่องคำพูด เพื่อถ่ายทอดข้อความได้ ผลงานจะต้องส่งผ่านทางอีเมลภายในหรือก่อนวันที่ 5 พฤศจิกายน พ.ศ. 2566 ไปที่ Contests@isaaa.org ผู้ชนะจะได้รับรางวัลเงินสด

ถ้า ำ ห ร้ บ ร ำ ย ล ะ เ อี ย ด ท้ ง ห ม ด ดู ไ้ จ ำ ก

<https://www.isaaa.org/contests/biotekomiks2023/pdf/BioteKomiks2023-Mechanics.pdf>

เครื่องมือที่ใช้ในการแก้ไขยีนด้วย CRISPR ที่มีขนาดเล็กลงและมีประสิทธิภาพมากขึ้น

นักวิจัยจากญี่ปุ่นได้พัฒนาเครื่องมือใหม่ที่ใช้แก้ไขยีนด้วย CRISPR นั่นคือ AsCas12f ซึ่งมีประสิทธิภาพใกล้เคียงกันกับเครื่องมือเดิมแต่มีขนาดเล็กกว่า โดยสามารถนำส่งเข้าสู่เซลล์ที่มีชีวิตผ่านทางไวรัสพาหะ ซึ่งทำให้มีประสิทธิภาพมากขึ้น



AsCas12a และ SpCas9 ถูกใช้กันอย่างแพร่หลายในการแก้ไขยีนในเซลล์ของมนุษย์ อย่างไรก็ตาม ด้วยขนาดใหญ่ที่ใหญ่ทำให้ยากต่อการนำส่งโดยใช้ adeno-associated virus (AAV) vectors (ไวรัสพาหะที่เก็บข้อมูลทางพันธุกรรม เป็นไวรัสชนิดที่ไม่ก่อโรคในคน) เพื่อแก้ไขปัญหานี้ นักวิจัยได้รวมการสแกนการกลายพันธุ์เชิงลึก (deep mutational scanning เป็นวิธีการที่ใช้เทคโนโลยี

การหาลำดับรุ่นถัดไปเพื่อวัดกิจกรรมของโปรตีนที่มีลักษณะเฉพาะ 105 รายการขึ้นไปในการทดลองครั้งเดียว) เข้ากับการออกแบบตามโครงสร้าง (structure-informed design) เพื่อสร้าง enAsCas12f 2 รูปแบบ

enAsCas12f 2 รูปแบบแสดงให้เห็นความสามารถในการแก้ไขยีนในเซลล์ของมนุษย์ ซึ่งเทียบได้กับ AsCas12a และ SpCas9 เมื่อ enAsCas12f ถูกรวมกับยีนที่เป็นคู่กัน (partner genes) ในไวรัสพาหะ AAV จะแสดงให้เห็นกิจกรรมการหยุดทำงานและการเปิดการทำงานที่มีประสิทธิภาพ รวมถึงการควบคุมการแสดงออกของยีนในหนู การนำมารวมกันจะทำให้ enAsCas12f มีศักยภาพที่จะใช้สำหรับการบำบัดด้วยยีน ภายในร่างกายของผู้ป่วย

(ครับ ก็เรียนรู่ว่าเทคโนโลยีใหม่ ๆ มีการพัฒนาอย่างต่อเนื่อง เพื่อนำไปสู่การใช้ประโยชน์ที่มีประสิทธิภาพสูงสุด)

อ่านเพิ่มเติมได้ที่ [https://www.cell.com/cell/fulltext/S0092-8674\(23\)00963-7?_returnURL=https%3A%2F%2Flinkinghub.elsevier.com%2Fretrieve%2Fpii%2FS0092867423009637%3Fshowall%3Dtrue](https://www.cell.com/cell/fulltext/S0092-8674(23)00963-7?_returnURL=https%3A%2F%2Flinkinghub.elsevier.com%2Fretrieve%2Fpii%2FS0092867423009637%3Fshowall%3Dtrue)

นักวิจัยพัฒนาวิธีการปรับเปลี่ยนเซลล์สัตว์แต่ละเซลล์ให้แตกต่างออกไป



นักวิจัยจาก ETH Zurich ได้พัฒนาวิธีการตัดแปลงพันธุกรรมเซลล์สัตว์แต่ละเซลล์ ซึ่งมีเป้าหมายเพื่อลดความซับซ้อนและเร่งกระบวนการวิจัยในสัตว์ทดลองด้วยการใช้กรรไกรตัดยีน CRISPR-Cas โดยทำการเปลี่ยนแปลงยีนหลายตำแหน่งในหลายเซลล์ของสัตว์ตัว

เดียวไปพร้อม ๆ กัน

สาเหตุของโรคทางพันธุกรรมมักถูกกำหนดโดยยีนหลายตัว อย่างไรก็ตาม เป็นเรื่องยากสำหรับนักวิทยาศาสตร์ที่จะระบุยีนเฉพาะที่เกี่ยวข้องกับโรคนี้ ดังนั้นนักวิจัยจึงสร้างวิธีการที่กำหนดเป้าหมายแต่ละเซลล์แตกต่างกัน ในการศึกษา นักวิจัยใช้อนุภาคของไวรัสที่เกี่ยวข้องกับอะดีโน (adeno-associated virus - AAV) ซึ่งเป็นไวรัสที่ส่งสารพันธุกรรมเข้าสู่เซลล์ เพื่อทำลายยีนต่าง ๆ ในเซลล์สมองของหนูตัวเต็มวัย

สิ่งที่น่าสนใจ คือ วิธีนี้แสดงให้เห็นเบาะแสของความผิดปกติทางพันธุกรรมที่หาได้ยากในมนุษย์ ที่เรียกว่ากลุ่มอาการที่โครโมโซมตำแหน่ง 22q11.2 ขาดหายไป (22q11.2 deletion syndrome) António Santinha นักศึกษาปริญญาเอกในกลุ่มของ Platt และผู้เขียนหลักของการศึกษานี้ กล่าวว่า เทคนิคนี้ยังสามารถนำมาใช้ในการศึกษาความผิดปกติทางพันธุกรรมอื่น ๆ ที่เกิดจากยีนหลายตัวที่เกี่ยวข้องกับความผิดปกติแต่กำเนิดได้

อ่านเพิ่มเติมได้ที่ <https://www.nature.com/articles/s41586-023-06570-y>

ผู้พัฒนาวัคซีนป้องกันโควิด-19 ครัวร์รางวัลโนเบล



Katalin Karikó และ Drew Weissman ได้รับรางวัลโนเบลสาขาสรีรวิทยาหรือการแพทย์ประจำปี พ.ศ. 2566 จากการค้นพบที่เป็นประโยชน์ในการพัฒนาวัคซีน mRNA ที่มีประสิทธิภาพเพื่อต่อสู้กับโควิด-19 รางวัลนี้ได้มอบให้เมื่อวันที่ 2 ตุลาคม พ.ศ. 2566

Drs. Karikó และ Weissman พบว่า mRNA ที่ดัดแปลงเบส มีโอกาสน้อยที่จะ

กระตุ้นการตอบสนองของระบบภูมิคุ้มกันและสร้างโปรตีนมากขึ้น การค้นพบนี้ถูกเผยแพร่ในปี พ.ศ. 2548 พร้อมด้วยเทคโนโลยีล่าสุดอื่น ๆ ที่นำไปสู่การพัฒนาและการยอมรับวัคซีนที่ใช้ mRNA ที่ประสบความสำเร็จสูงสุด 2 ชนิดในช่วงปลายปี พ.ศ. 2563 วัคซีนเหล่านี้ได้ช่วยชีวิตผู้คนได้นับสิบล้านคน และมีส่วนช่วยในการฟื้นตัวของโลกจากการระบาดใหญ่ของโควิด-19

Dr. Karikó เป็นศาสตราจารย์ที่ Szeged University ในประเทศฮังการี และเป็นผู้ช่วยศาสตราจารย์ที่ Perelman School of Medicine แห่งมหาวิทยาลัยเพนซิลวาเนีย (University of Pennsylvania) ส่วน Dr. Weissman เป็นศาสตราจารย์ด้านการวิจัยวัคซีนและเป็นผู้อำนวยการของ Penn Institute for RNA Innovations

อ่านเพิ่มเติมได้ที่ <https://www.nobelprize.org/prizes/medicine/2023/press-release/>

แปลและเรียบเรียงจาก <http://www.isaaa.org/kc/cropbiotechupdate/newsletter/default.asp> October 4, 2023

สมาคมเทคโนโลยีชีวภาพสัมพันธ์ ห้อง 805 ชั้น 8 อาคารวชิรานุสรณ์ คณะเกษตร มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์
จตุจักร กทม 10900 โทรศัพท์ 085-947-3738 Facebook: www.facebook.com/THBAA