CUỘC THI SÁNG TẠO TẾ BÀO GỐC 2026
LẦN THỨ 11 | CHỦ ĐỀ: TẾ BÀO GỐC & AI
TIỆM BÁN HOA
MĐT: 514
ĐƠN VỊ TỔ CHỨC
ĐƠN VỊ TÀI TRỢ

Ứng dụng AI xây dựng mô hình đánh giá và tối ưu hóa chất lượng tế bào beta sản xuất insulin biệt hóa từ dòng tế bào gốc vạn năng cảm ứng (iPSC) hỗ trợ điều trị đái tháo đường type I

ĐẶT VẤN ĐỀ

- Đái tháo đường type 1 là bệnh lý mạn tính do hệ miễn dịch phá hủy tế bào beta đảo tụy, dẫn đến thiếu hụt insulin và rối loạn điều hòa glucose máu.
- Tế bào beta biệt hóa từ iPSC là nguồn tế bào tiềm năng cho liệu pháp thay thế, nhưng còn hạn chế về mức độ trưởng thành và tương đồng với tế bào beta người.
- Cần ứng dụng AI phân tích dữ liệu scRNA-seq và spatial transcriptomics để hỗ trợ đánh giá, phục vụ sàng lọc chất lượng tế bào beta biệt hóa từ iPSC và đề xuất quy trình tối ưu hóa.

MỤC TIÊU

Xây dựng mô hình AI đánh giá mức độ trưởng thành của tế bào beta biệt hóa từ iPSC dựa trên dữ liệu scRNA-seq và spatial transcriptomics. Từ đó đề xuất phương pháp tối ưu hóa quy trình biệt hóa.

PHƯƠNG PHÁP

1. Nuôi cấy và biệt hóa iPCS

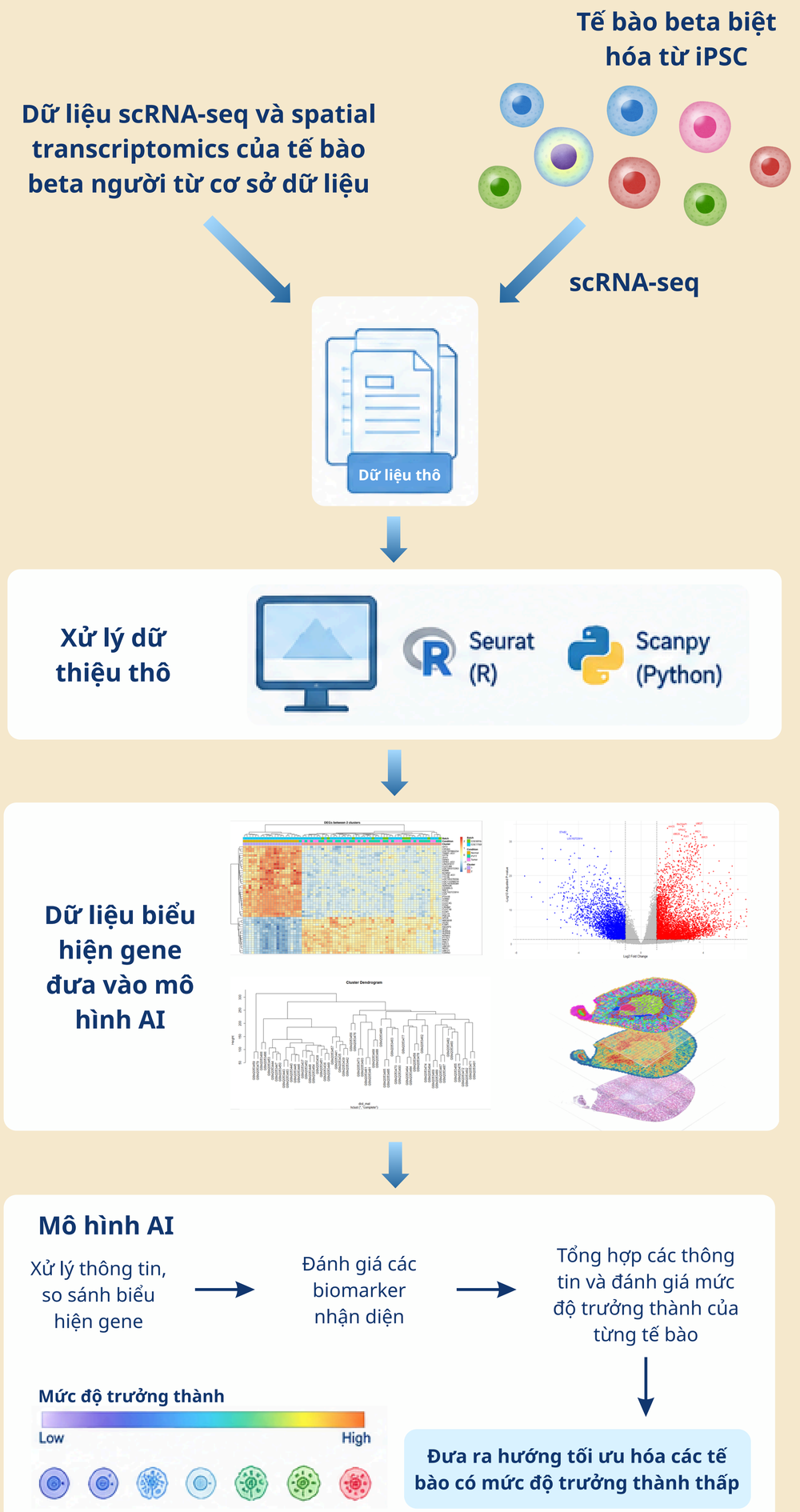
- Nuôi cấy: Sử dụng môi trường E8 hoặc mTeSR1 kết hợp Matrigel hoặc vitronectin để hỗ trợ iPSC bám dính, tăng sinh và duy trì trạng thái vạn năng. Kiểm soát điều kiện nuôi cấy, mật độ tế bào và đánh giá các dấu ấn vạn năng, khả năng biệt hóa cũng như tính ổn định nhiễm sắc thể.
- Biệt hóa: iPSC được biệt hóa thành tế bào beta đảo tụy qua 4 giai đoạn: hình thành nội bì xác định, tiền thân tụy, tiền thân nội tiết và trưởng thành tế bào beta. Quá trình sử dụng môi trường RPMI 1640 hoặc DMEM/F12 kết hợp các yếu tố như Activin A, CHIR99021, KGF/FGF7 và T3 tùy giai đoạn.

2. Phân tích dữ liệu scRNA-seq và spatial transcriptomics

- Thu thập dữ liệu scRNA-seq và dữ liệu spatial transcriptomics → Loại bỏ tế bào và gene có chất lượng thấp, chuẩn hóa dữ liệu và phân nhóm tế bào dựa trên đặc điểm biểu hiện gene → Xác định và chú giải các quần thể tế bào, sau đó tìm các gene có mức biểu hiện khác biệt giữa tế bào beta biệt hóa từ iPSC và tế bào beta người → Phân tích các gene và con đường sinh học liên quan đến quá trình trưởng thành, tổng hợp insulin và chức năng của tế bào beta → Lựa chọn các gene chỉ thị sinh học (biomarker) có khả năng phản ánh mức độ trưởng thành và chức năng của tế bào beta biệt hóa từ iPSC.

3. Xây dựng mô hình AI:

- Đánh giá: Dựa vào dữ liệu scRNA-seq và spatial transcriptomics của tế bào beta có nguồn gốc từ iPSC với dữ liệu tham chiếu của tế bào beta người trưởng thành để đánh giá độ tin cậy của các biomarker, xây dựng mô hình đánh giá mức độ trưởng thành của tế bào.
- Tối ưu hóa quá trình biệt hóa: Sàng lọc được các tế bào không đạt chất lượng thông qua điểm số từ sớm. Kết hợp các dữ liệu biểu hiện gene, thành phần môi trường nuôi cấy, và sự phát triển của tế bào beta thông qua đó đưa ra các giải pháp cải thiện các tế bào có mức độ trưởng thành thấp.



KẾT QUẢ DỰ KIẾN

- Tìm và đánh giá được các biomarker có khả năng phản ánh mức độ trưởng thành và chức năng của tế bào beta biệt hóa từ iPSC.
- Xây dựng được mô hình AI đánh giá chất lượng tế bào beta biệt hóa từ dòng tế bào gốc vạn năng cảm ứng (iPSC). Mô hình AI có thể đưa ra các giải pháp tối ưu hóa, từ đó đề xuất hướng điều chỉnh điều kiện hoặc quy trình biệt hóa iPSC nhằm nâng cao mức độ trưởng thành và chức năng của tế bào beta.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

Phone: 028 3636 1206 (nhánh 3)
Website: 2026.stemcellinnovation.com.vn
Email: sci@sci.edu.vn