



单细胞组学测序在科研中的应用

博淼生物科技（北京）有限公司

全国统一服务电话：400-6506-908

网址：www.biomio.com

邮箱：marketing@biomio.com

地址：北京市丰台区丰管路10号优橙创新中心B座3012-3015



Part1 单细胞测序研究背景及应用

Part2 单细胞测序方案设计策略

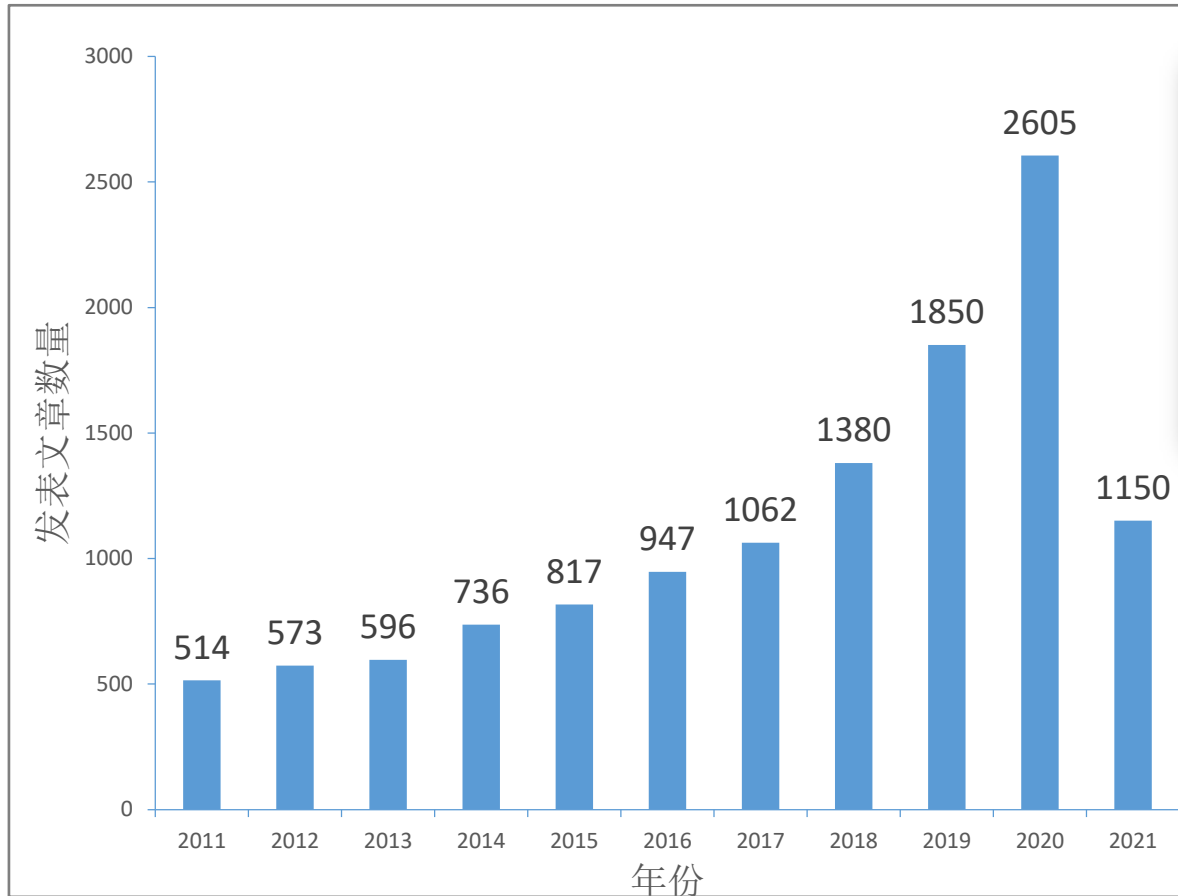
Part3 案例分析

Part4 博淼特色服务

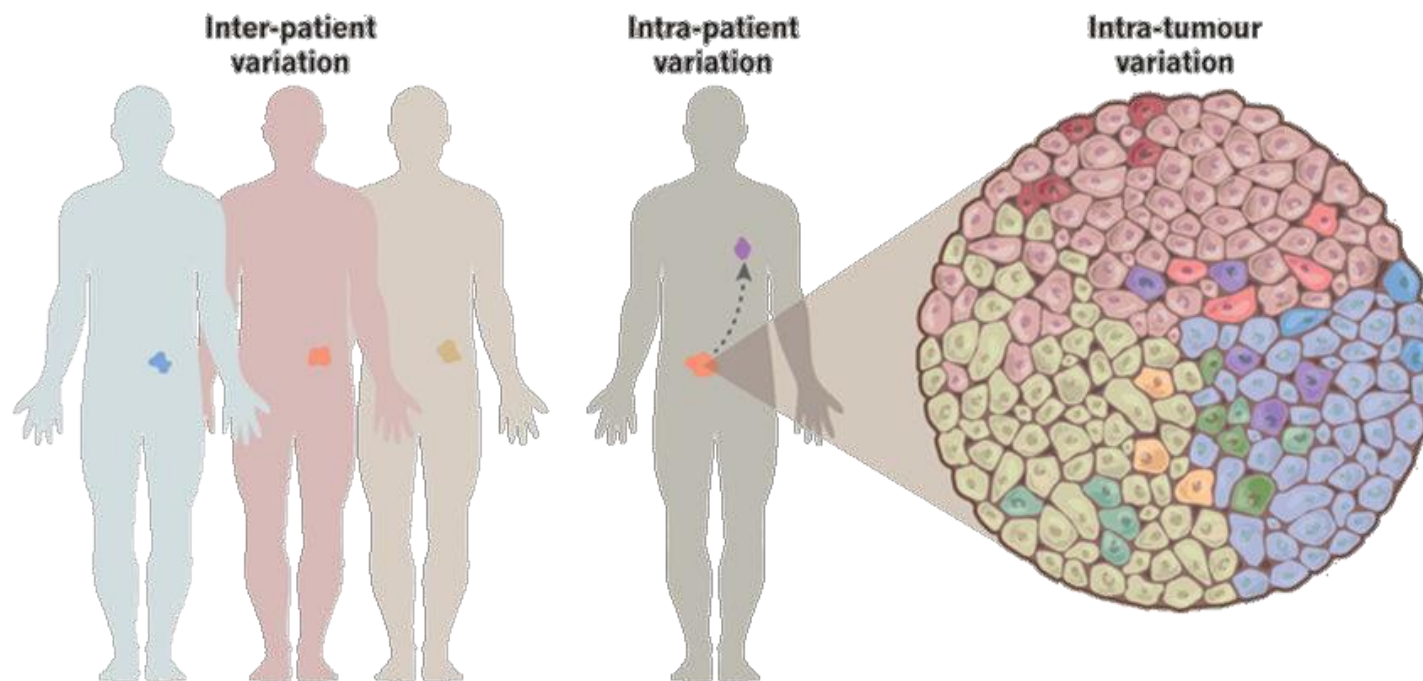
01

单细胞测序研究背景及应用

单细胞技术引领重大发现



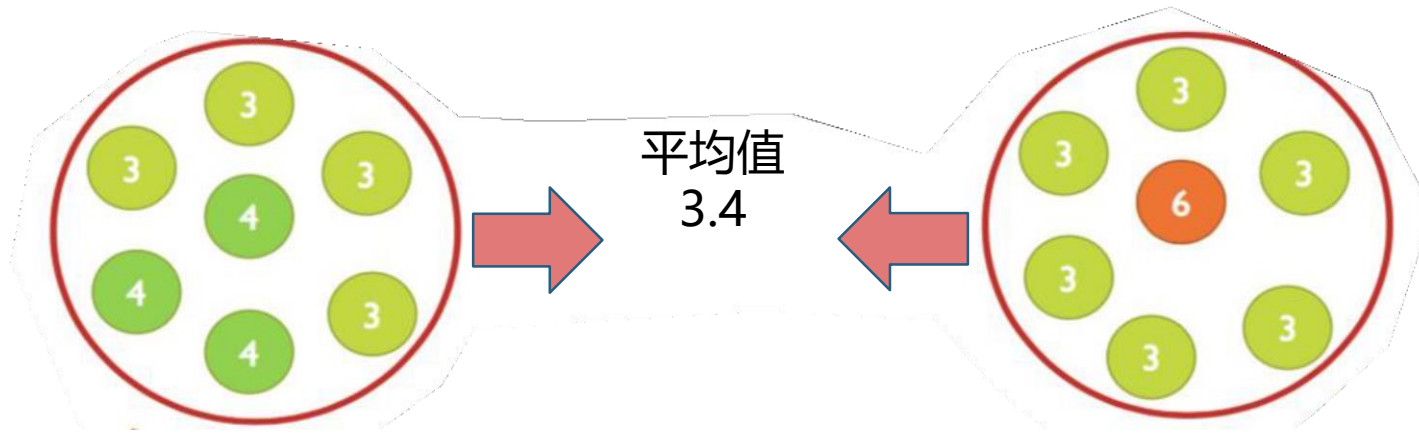
肿瘤异质性



为什么用单细胞分析技术

□ 细胞是人体内最小功能单元

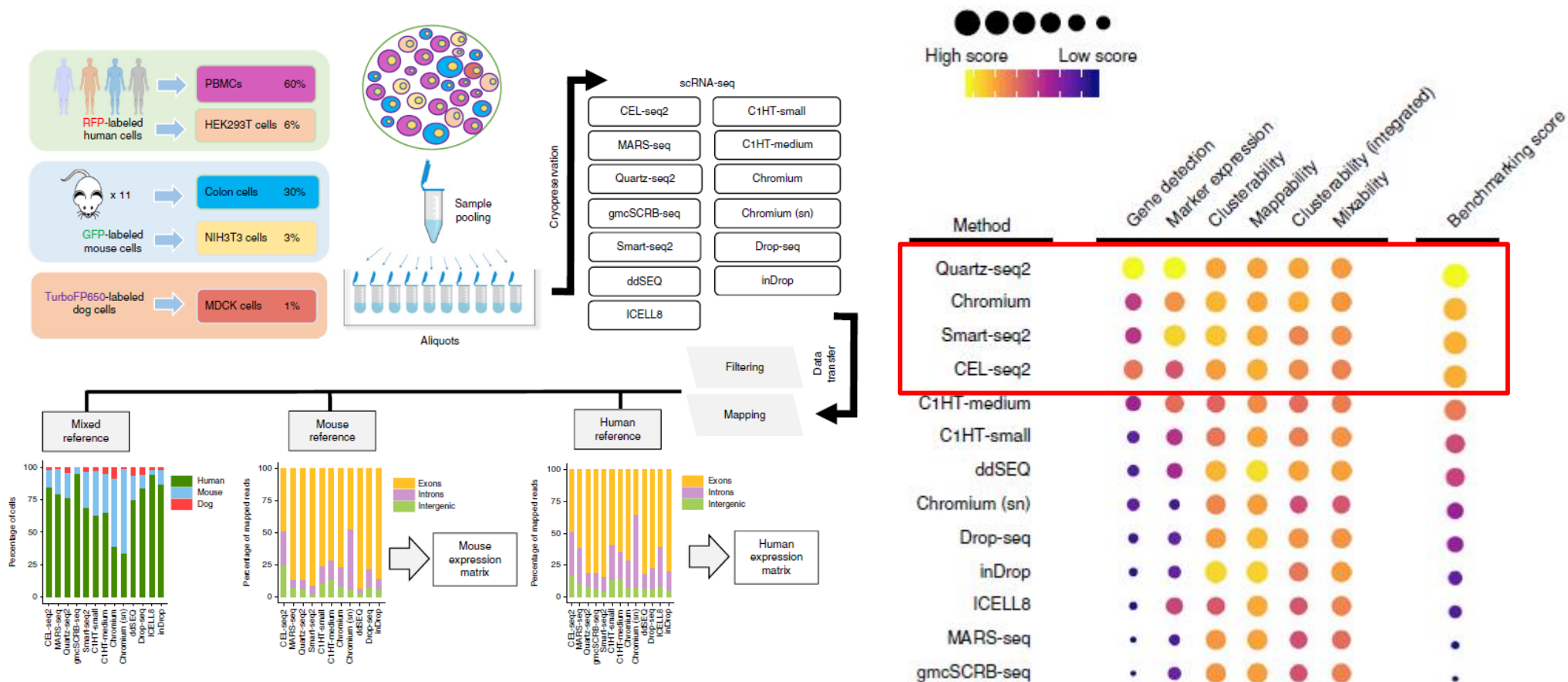
比较两个细胞群.....



结论：两个细胞群表现出的平均值为3.4，所以这两个细胞群性质一样？

单细胞分析可以检测出细胞群落中橙色的癌细胞，但是群体细胞分析获得的平均值并不能区别出癌细胞。

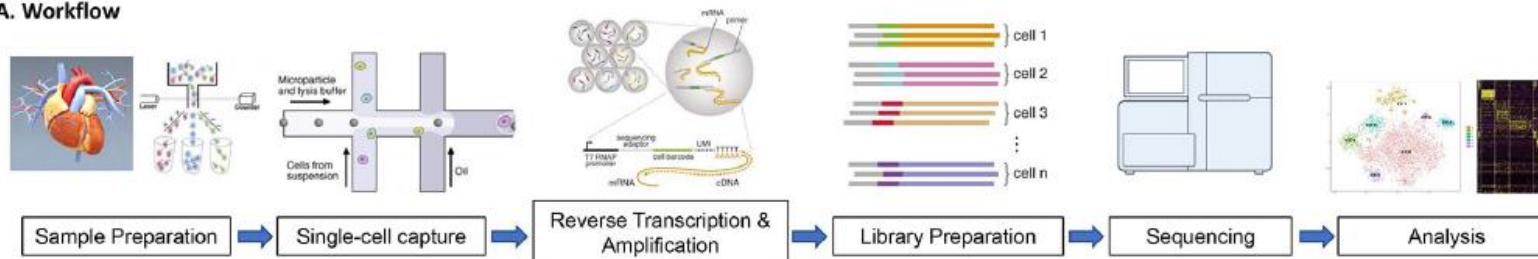
不同单细胞技术平台性能比较



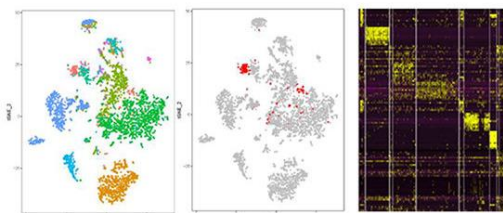
基于基因检测灵敏度、分群、比对率等各方面比较，低通量Quartz-seq2、Smart-seq2和CEL-seq2表现出色，而高通量10x Chromium的表现最好

单细胞测序在心血管研究中的应用

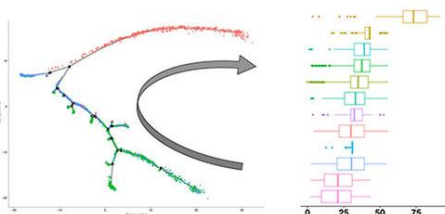
A. Workflow



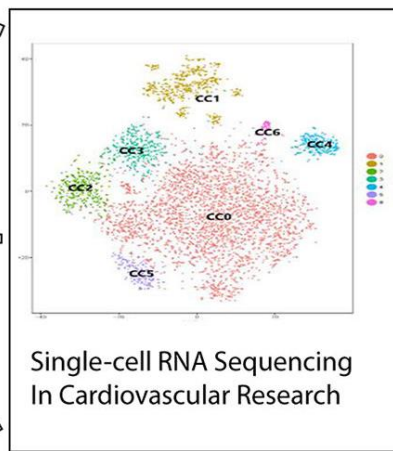
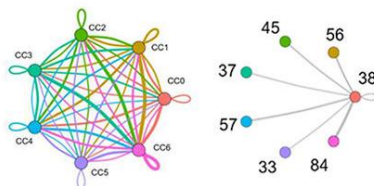
Identification of novel cell populations



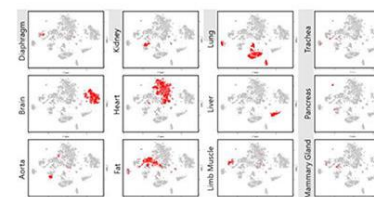
Cell lineage trajectory



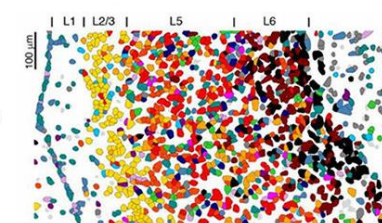
Cell-to-cell communication



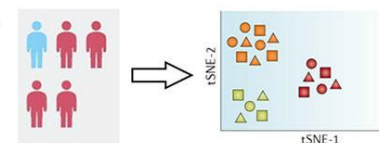
Organ/tissue-specific characteristics



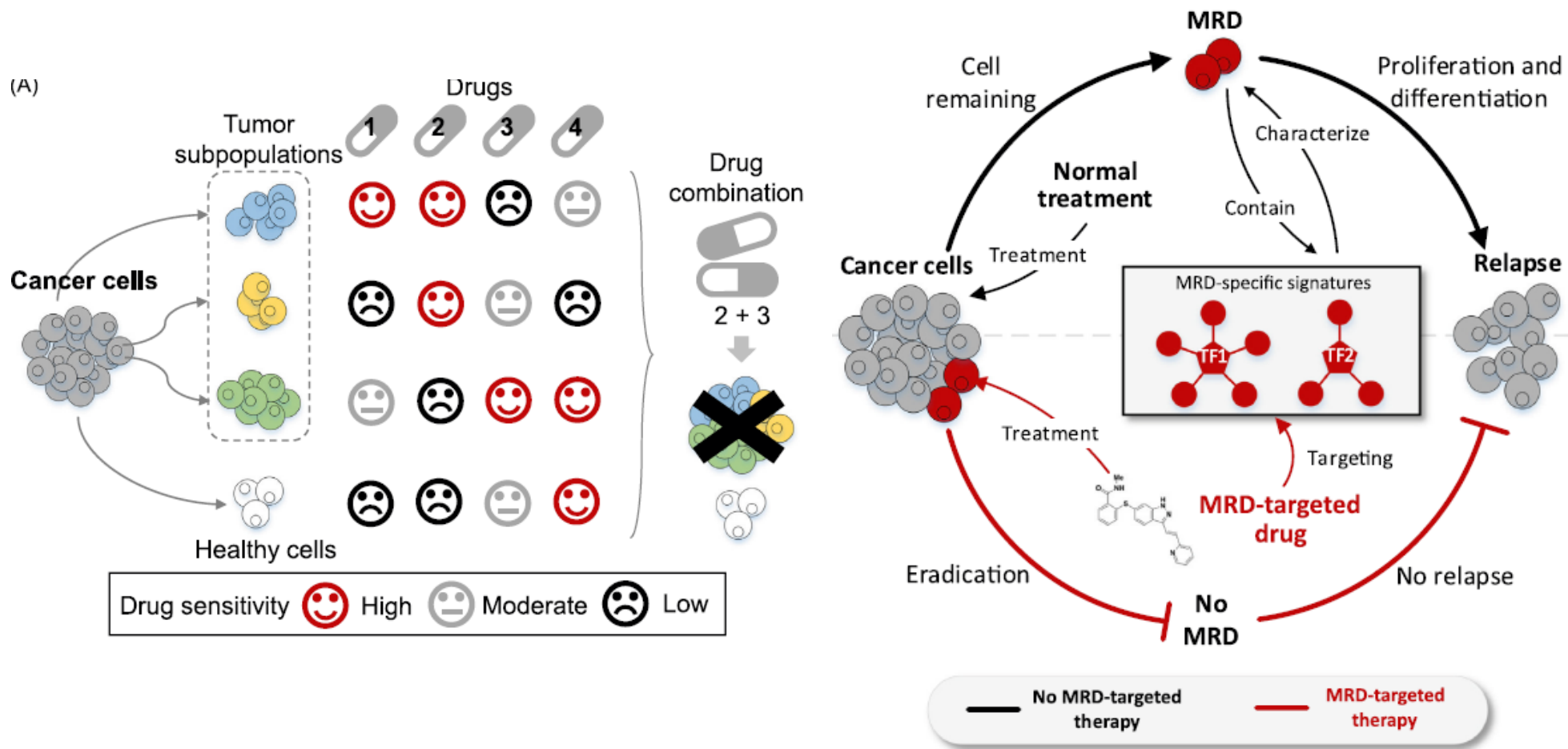
Spatial single cell transcriptome mapping



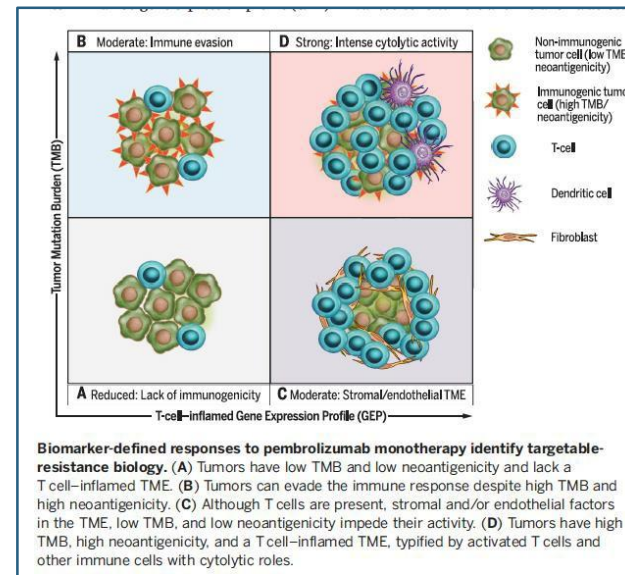
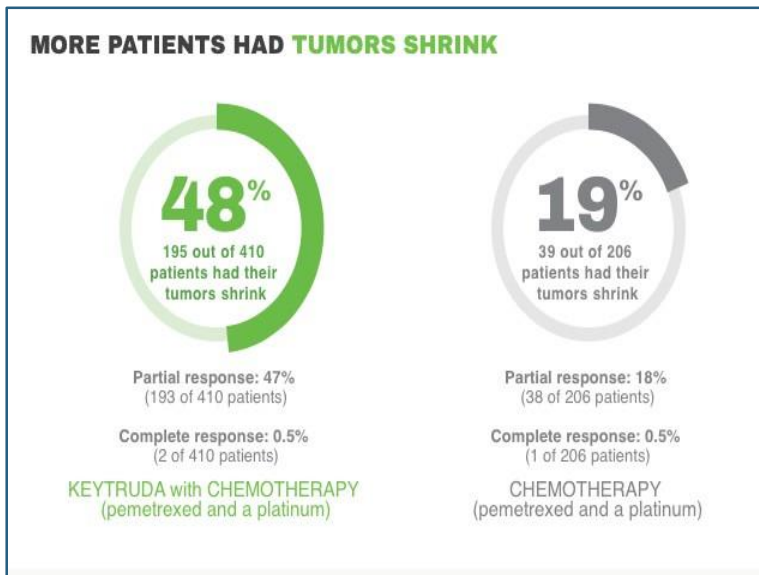
Precision Medicine: Patient-specific cell heterogeneity and drug response



单细胞水平预测药物的敏感性



肿瘤分型及用药指导



Advanced NSCLC patients tested positive for PD-L1 50%+
<https://www.keytruda.com/non-small-cell-lung-cancer/clinical-trial-results/>

Cristescu et al., Science 362, 197 (2018) 12 October 2018

痛点:

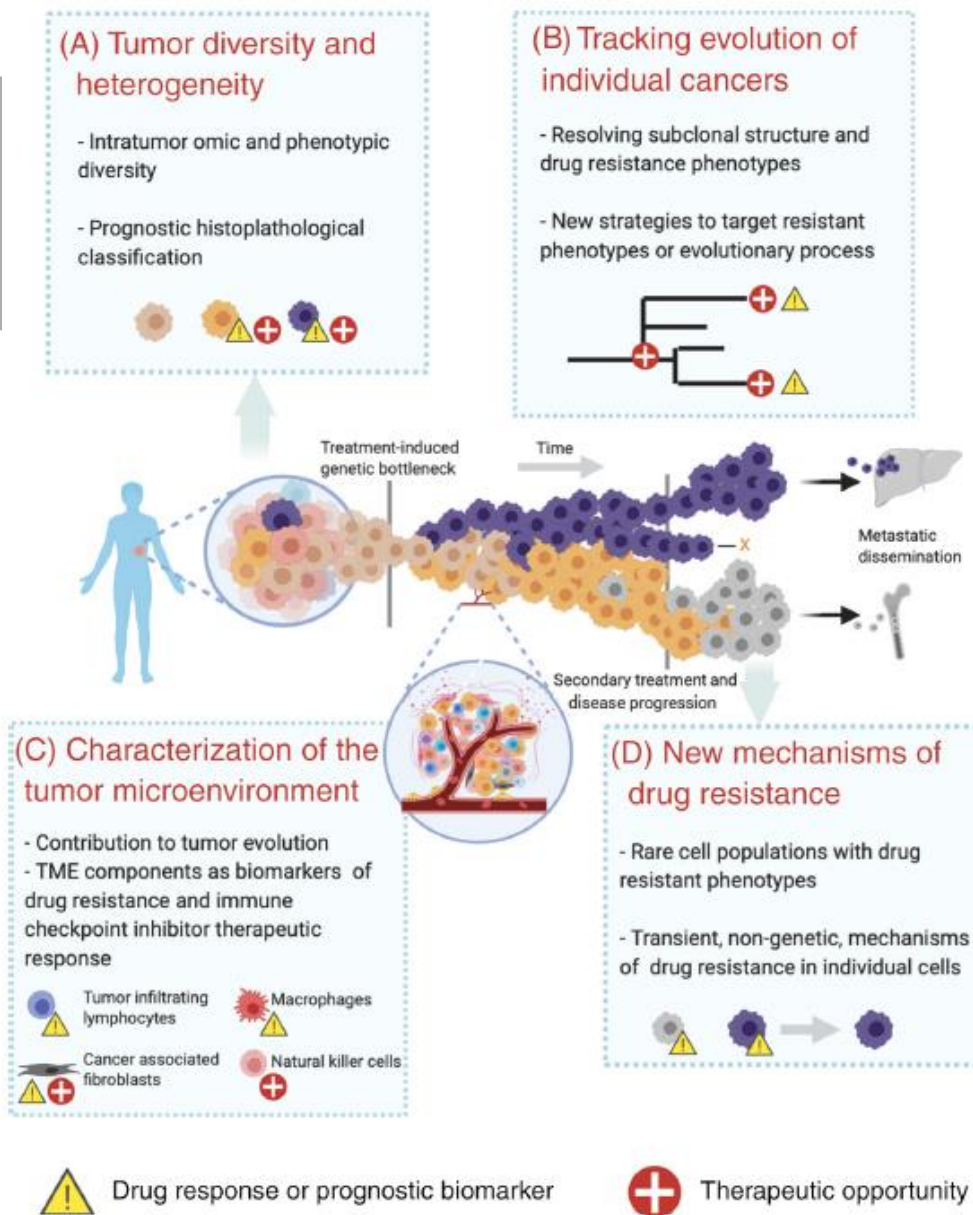
基于现有诊断的肿瘤治疗有效率尚未尽如人意

需求:

肿瘤及微环境基因表达谱类全面解析

单细胞测序助力癌症精准用药

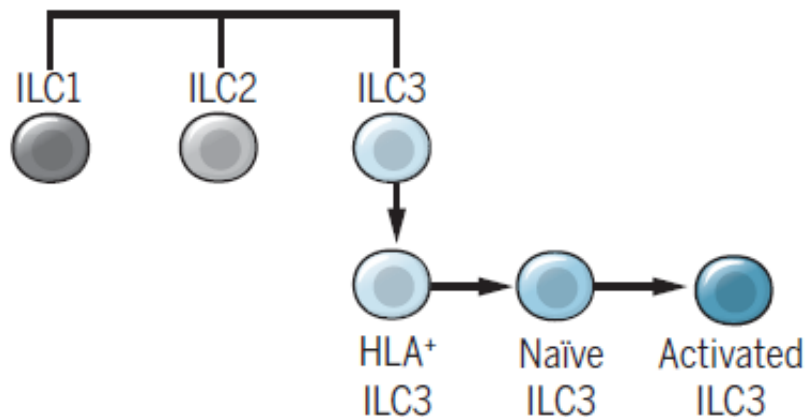
癌症精准医疗需要整合肿瘤异质性、克隆进化和微环境对耐药性和患者预后的影响



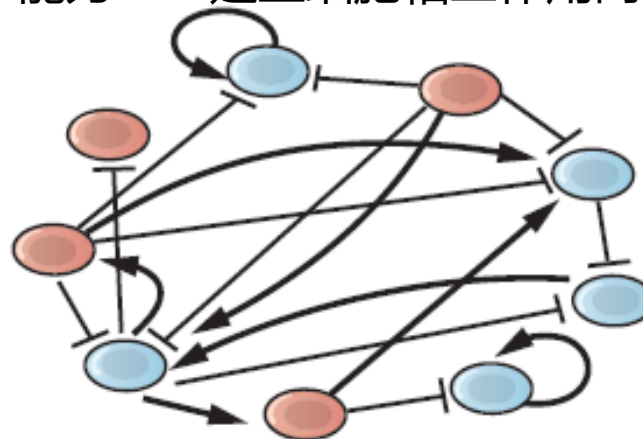
开发预后和药物反应生物标志物从“群体组学”到“单细胞组学”过渡

制定个性化治疗策略

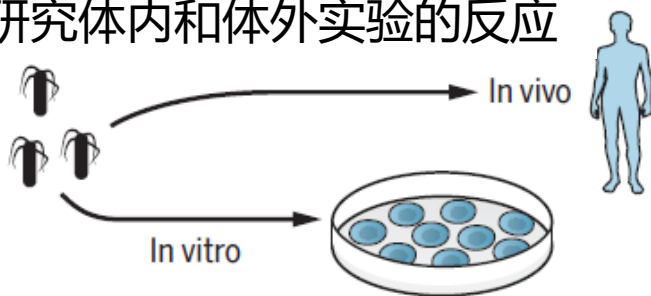
能力一：分出新的细胞亚群



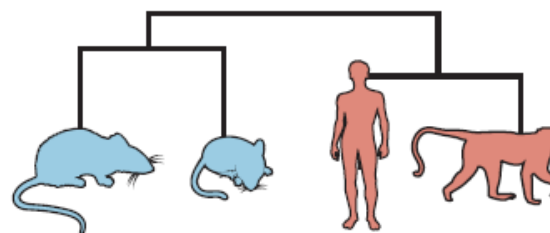
能力二：建立细胞相互作用网络



能力三：研究体内和体外实验的反应



能力五：不同物种之间的比较



能力四：研究细胞在不同器官中的情况



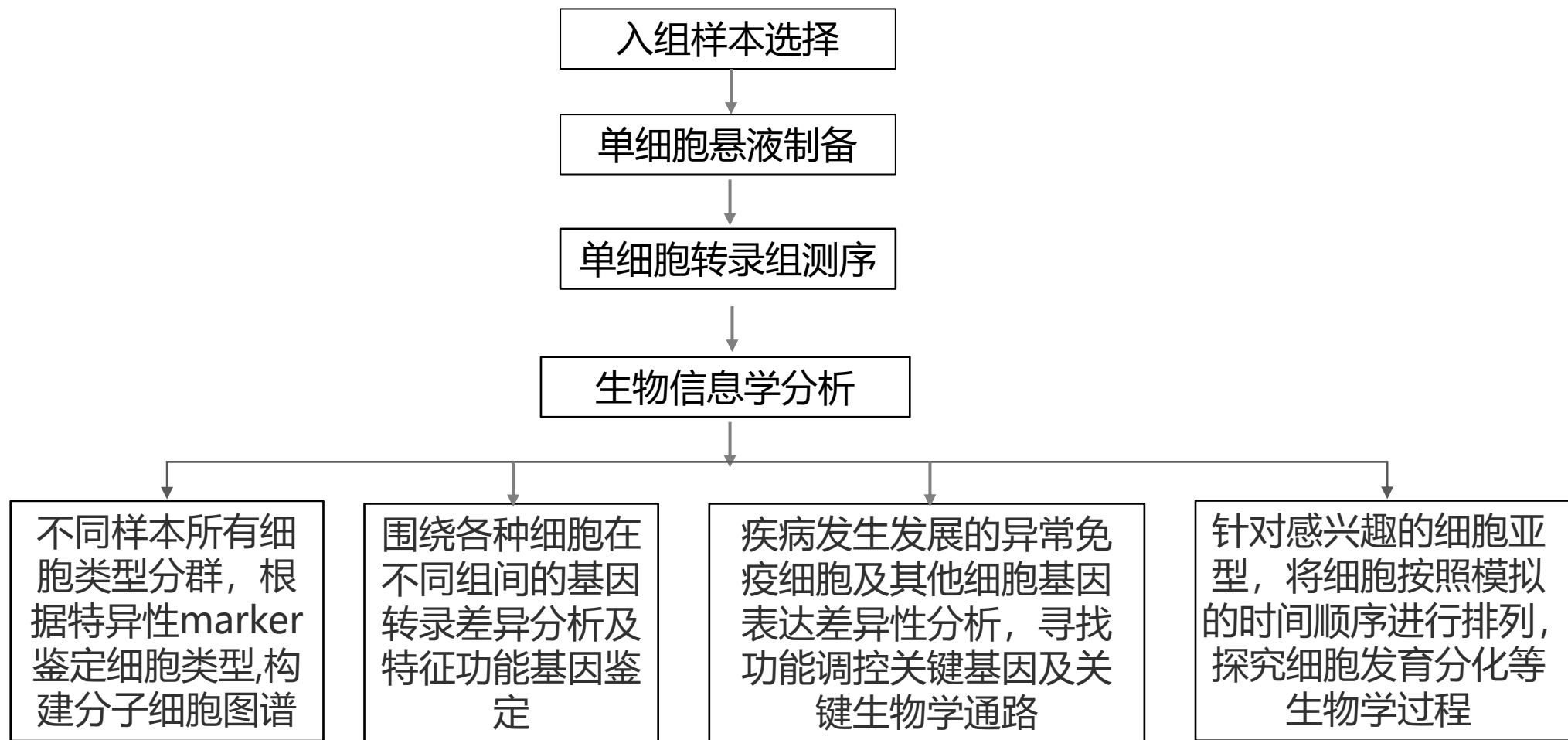
能力六：不同人群之间比较



02

单细胞测序方案设计策略概述

经典单细胞转录组——scRNA-seq



分析内容

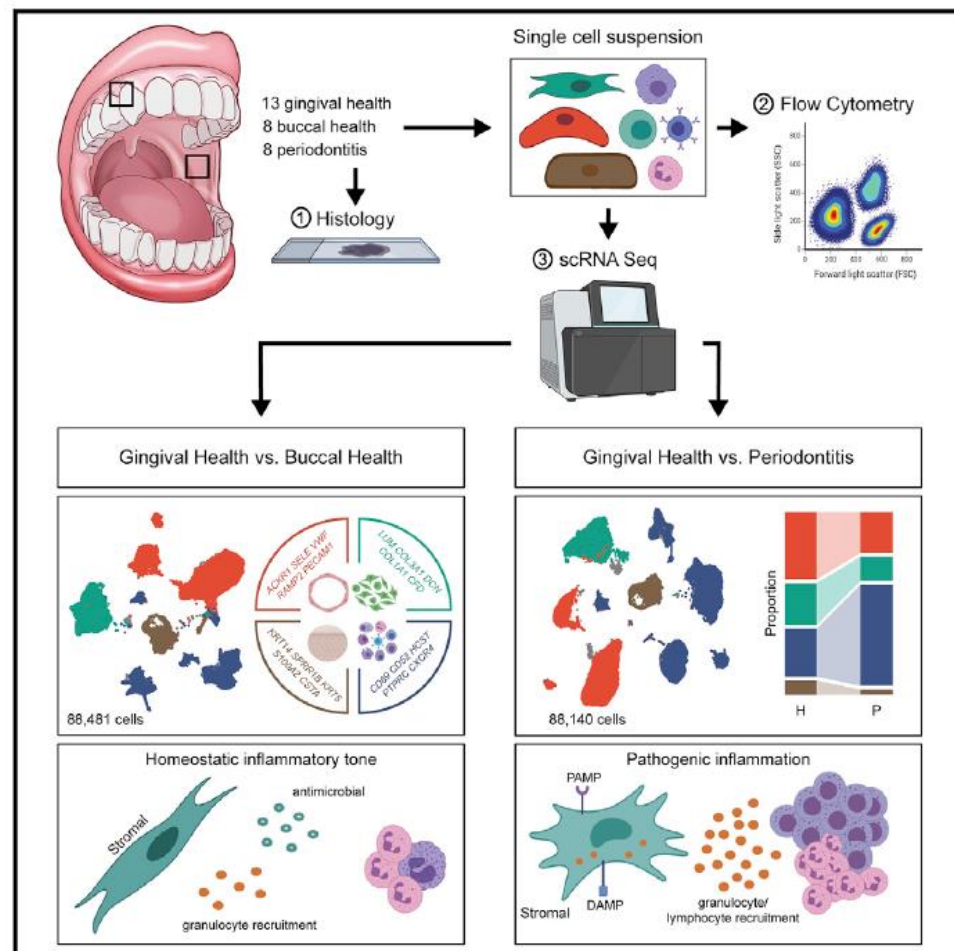
1.QC	1.细胞基因数目, UMI数据、线粒体基因含量分布
	2. 细胞线粒体基因含量统计
	3.T-SNE/UMAP降维展示细胞指标
2.单样本分析 (标准分析)	4.不同cluster占比饼图展示
	5.细胞了Cluster信息
	6.Cluster基因平均表达UMI
	7.PCA降维分型展示
	8.UMAP/T-SNE降维分型展示
	9.Cluster差异基因分析
	10.Top10 Marker基因热图展示
	11.Top10 Marker基因小提琴图
	12.Top10 Marker基因T-SNE/UMAP展示
	13.GO功能富集分析
	14.KEGG通路富集分析

3.多样本整合分析 (高级分析)	15.细胞聚类分群
	16.T-SNE降维展示cluster
	17. T-SNE降维展示samples
	18.不同cluster差异基因分析
	19.Marker基因Violin图展示
	20.Marker基因T-SNE/UMAP图展示
	21.Marker基因热图
	22.差异基因火山图
	23.Cluster组间差异基因分析
	24.GO功能富集分析
	25.KEGG通路富集分析
4.定制化分析	26.单细胞轨迹分析
	27.细胞间配受体分析 (细胞间相互作用)
	28.转录因子预测分析

.....

案例一 牙周炎患者口腔粘膜单细胞测序揭示中性粒细胞调控组织免疫

Graphical abstract



研究背景： 口腔黏膜组织对环境信号的解释和反应机制仍未得到广泛的认识，使得对这一显著暴露和弹性组织的研究具有广泛的兴趣。

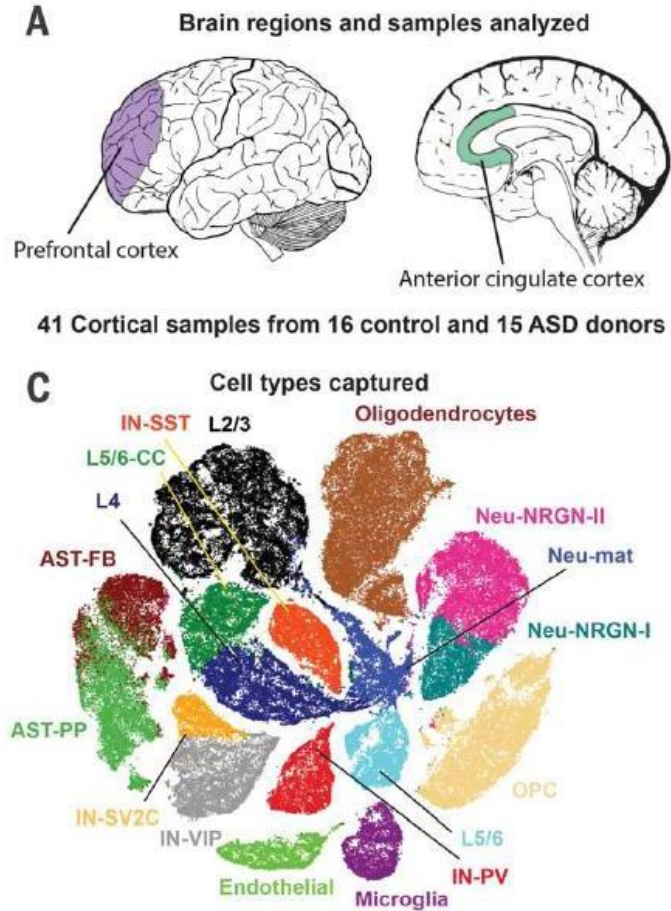
研究目的： 理解组织特异性病理生理学，揭示口腔黏膜组织的复杂细胞景观

样本情况： 健康牙龈组 (N=13) 和健康口腔粘膜组 (N=8) 和牙周炎组 (N=8) 共29个样本，~120000个细胞。

结论：

1. 牙周炎患者或非牙周炎患者口腔黏膜的单细胞图谱的构建。
2. 不同的基质和免疫细胞群促进屏障免疫
3. 基质细胞炎症与中性粒细胞募集有关
4. 牙周炎易感性细胞特异性表达模式的鉴定

案例二 单细胞基因组学鉴定自闭症中细胞类型特异性分子变化



研究背景：自闭症是一种由于神经系统失调导致的发育障碍，虽然有大量的转录组研究显示自闭症的病理性分子通路存在共同性，但有关其特定细胞类型的基因表达变化尚不清晰。

研究目的：自闭症患者特异细胞类型的分子特征。

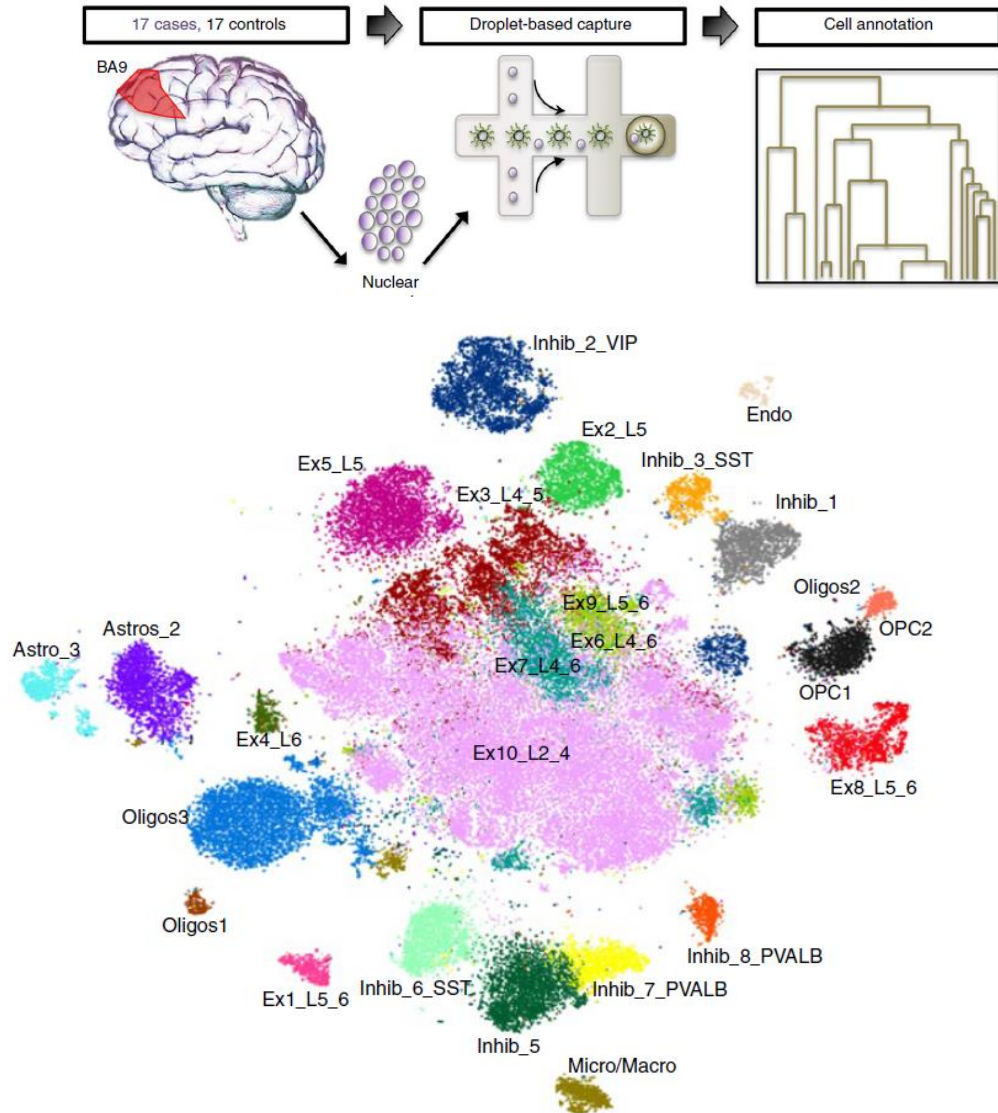
样本情况：15位自闭症患者以及16位对照个体的41例样本，共104559个细胞。

结论：

- 1.根据转录组特征对细胞核进行聚类，研究人员在脑细胞样本中发现了17种细胞类型。
- 2.皮层上层神经元和小胶质细胞中的特定基因组与自闭症的临床严重程度相关，因此具有自闭症特异性表达变化的基因或可成为优先考虑的治疗靶点。
- 3.自闭症会优先影响上层兴奋性神经元的突触信号传导和小胶质细胞的分子状态，表明上层皮层回路中的分子变化与自闭症的行为表现有关。

单细胞核转录组测序的应用实例

案例三 MDD患者单核转录组学与少突胶质细胞前体细胞和兴奋性神经元有关



研究背景： 重度抑郁症(MDD)对全球疾病负担产生巨大影响，影响到全世界数百万人，近30年来一直是导致残疾的主要原因。过去对MDD的分子研究使用了死后脑组织的大块匀浆，掩盖了单个细胞类型中的基因表达变化

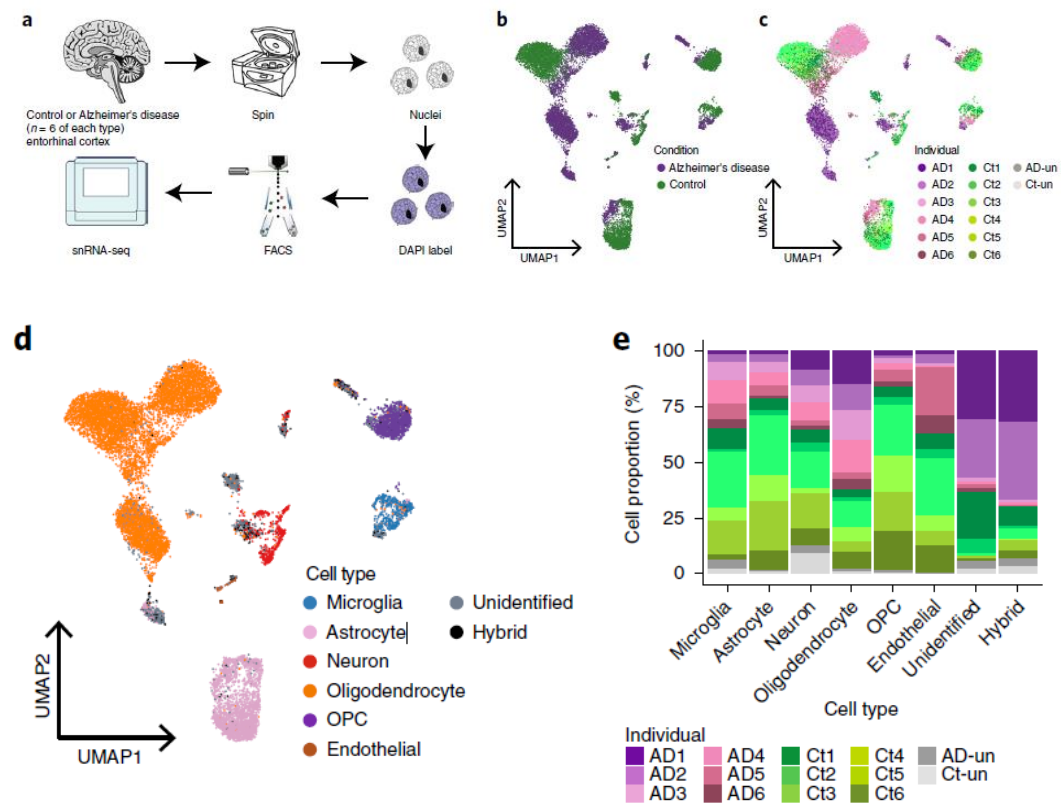
研究目的： 细胞类型特异性对重度抑郁疾病的关联性

样本情况： 男性重度抑郁症患者(n = 17)和健康对照组(n = 17)的背外侧前额叶皮层，共约73,000个细胞。

结论：

1. 鉴定了26个细胞群，其中超过60%的细胞群显示出不同组之间的基因表达差异。
2. 发现了16种独特的细胞类型，显示了抑郁症中基因表达差异的证据，包括4种非神经元簇和6种中间神经元簇，这为抑郁症中多种细胞类型之间复杂的相互作用提供了支持
3. 未成熟OPCs (cluster OPC2)和深层兴奋神经元(cluster Ex7)中存在显著的基因表达变化，它们的DEGs大部分与先前涉及MDD的基因重叠。

案例四 阿尔茨海默氏症患者单细胞图谱揭示细胞类型特异性基因表达调控



研究背景：阿尔茨海默氏症(Alzheimer's disease)是老年痴呆症中最常见的一种，由于目前没有有效的治疗方法，迫切需要了解基因调控网络是如何驱动阿尔茨海默病的不同细胞类型的特定转录变化

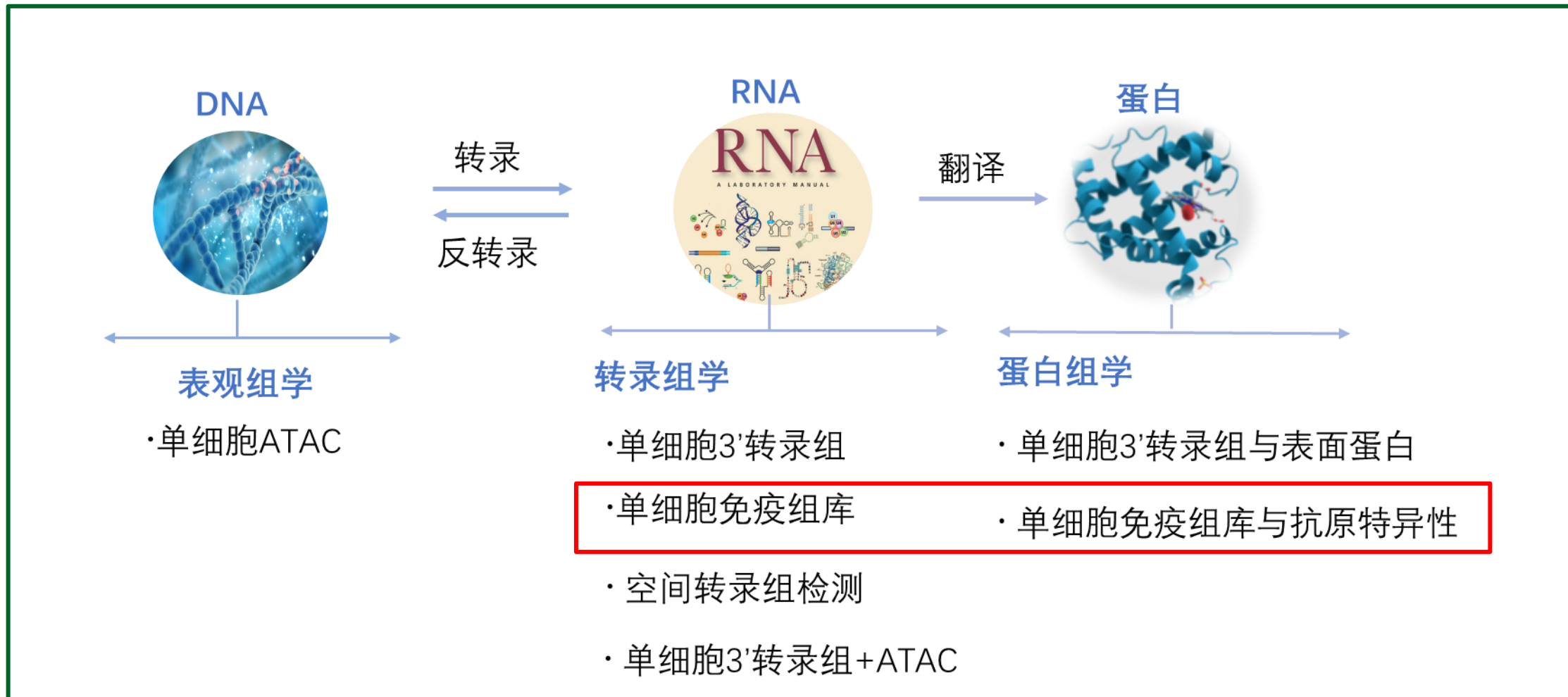
研究目的：细胞类型特异性与AD的关联性

样本情况：对照组 (n=6) 和阿尔茨海默氏症患者(n=6)的内嗅皮层样本进行了单核RNA测序，得到了13214个高质量核。

结论：

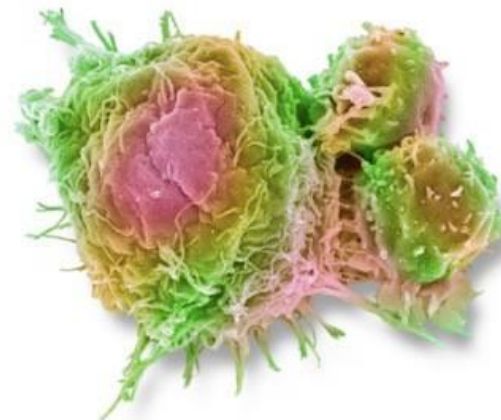
1. 鉴定了7个细胞群，发现了新的特异性标记基因如KCNQ3 (microglia) , ADGRV1 (astrocyte) 等。
2. 对每类细胞进行亚群细分及功能性分析
3. 与GWAS数据联合分析，GWAS鉴定的阿尔茨海默病基因在不同细胞类型和细胞类型亚群中表现出特定的基因表达模式，发现主要溶酶体调节因子TFEB驱动GWAS基因网络，控制星形胶质细胞向阿尔茨海默病的细胞状态转变。

单细胞免疫组库测序解决方案



免疫组库：机体内T淋巴细胞和B淋巴细胞**多样性**的总和,可以全面地反映机体免疫系统在特定时间段内应对外界刺激应答的能力,可以用于表征机体免疫系统的健康状况。

T cells attacking a tumor cell



Full-length sequencing of the TCR α and β transcripts in each T cell is critical to dissecting these interactions.

T细胞和B细胞多样性

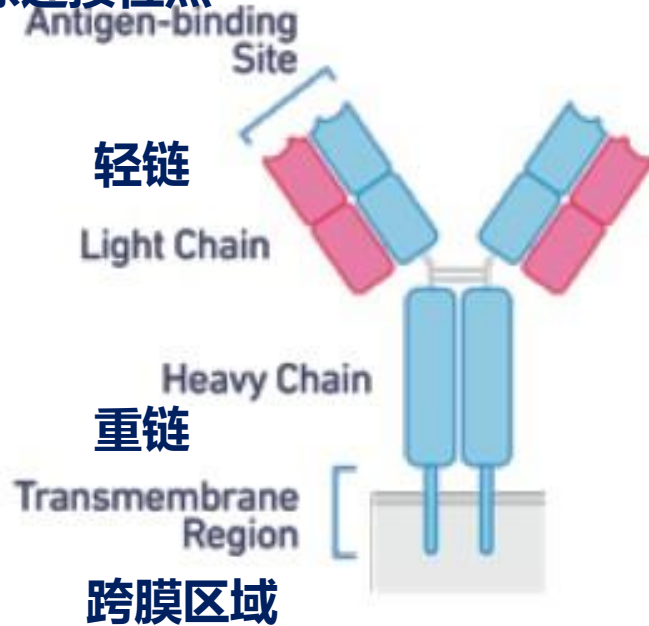
- 主要是表面受体的多样性，TCR (T cell receptor) 和BCR (B cell receptor) 的多样性
- BCR包含了游离的抗体免疫球蛋白和非游离的结合在细胞表面的受体蛋白。

表面免疫球蛋白orB细胞受体

抗体

T细胞受体

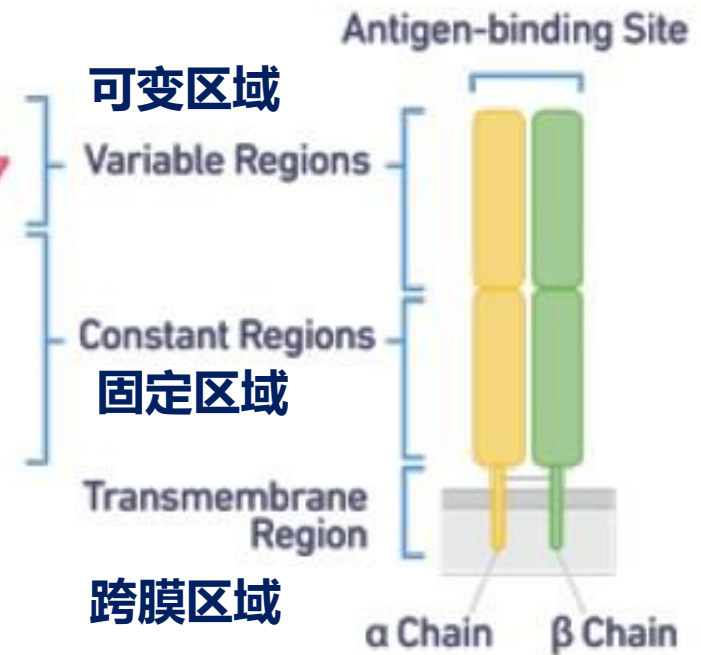
抗原连接位点



BCR



Ig



TCR

V(D)J决定BCR多样性的基因序列

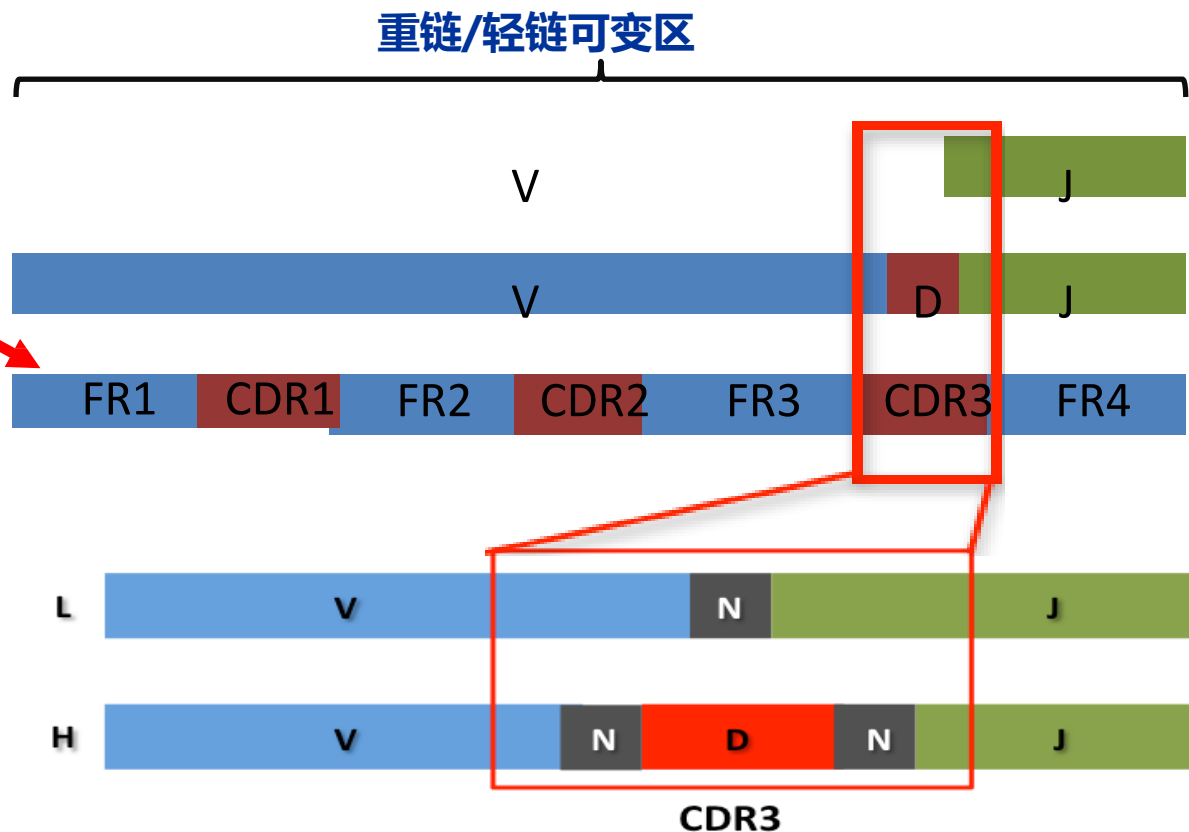
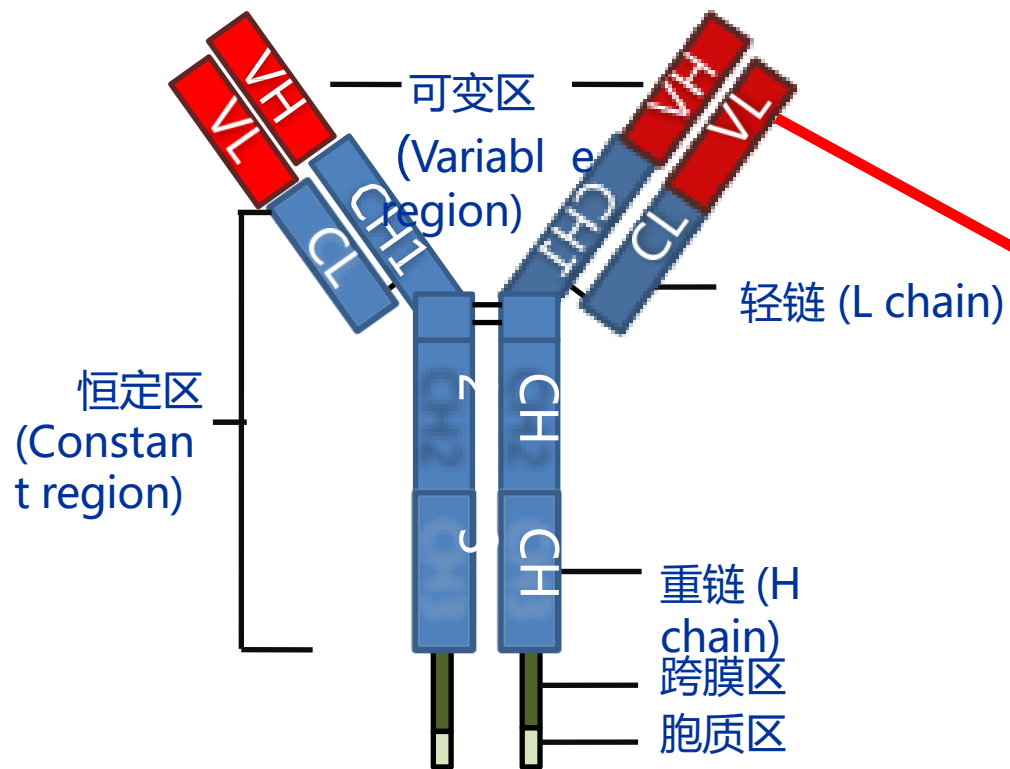


图 1.1 免疫球蛋白分子结构示意图

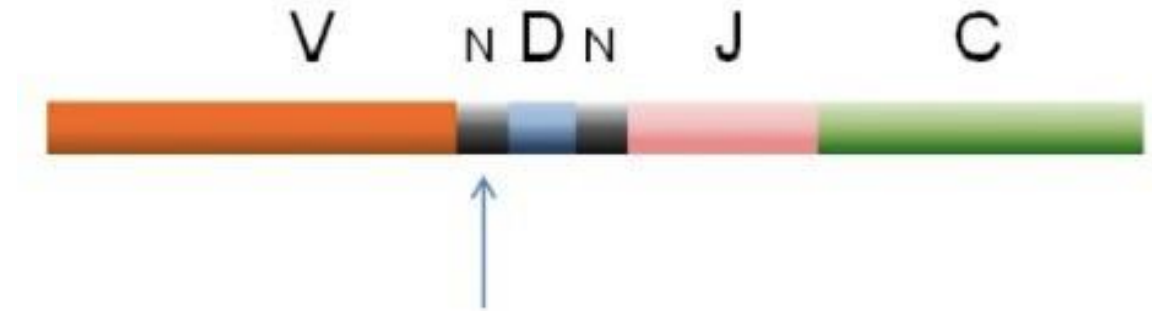
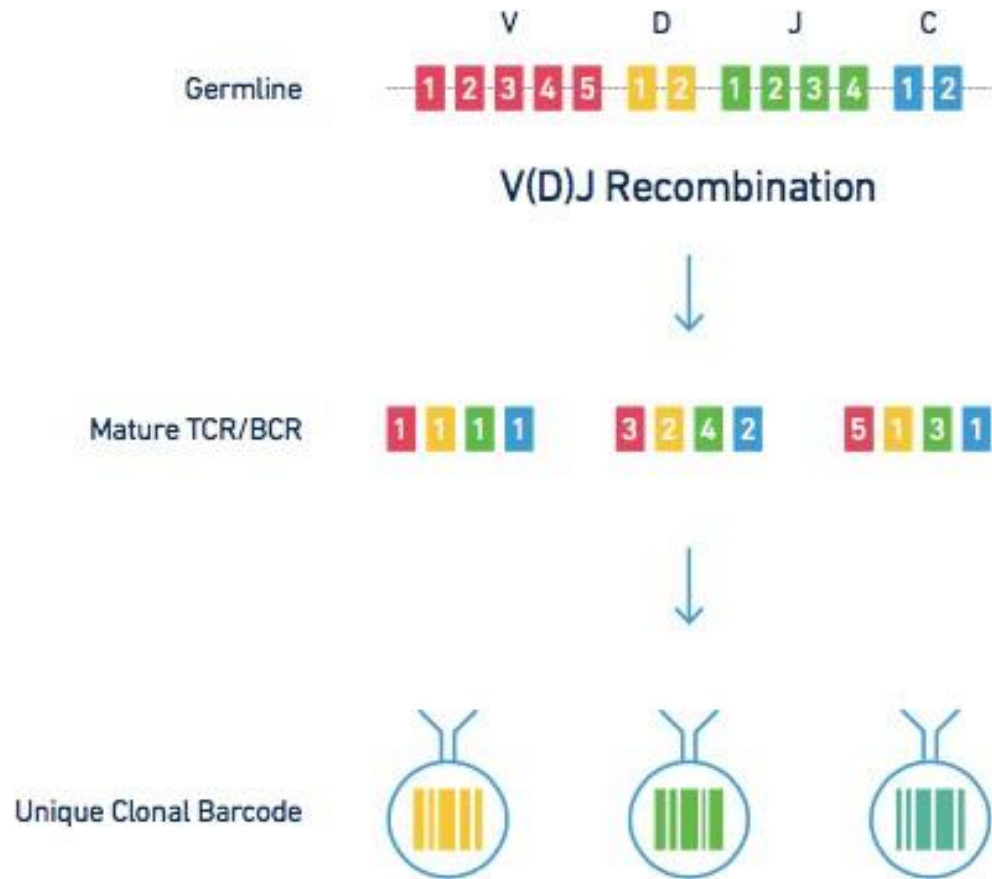
图 1.2 重链/轻链可变区结构

FR为区：框架区，比较保守；

CDR：互补决定区，高度可变，决定着该抗体分子结合抗原的特异性和亲和力；

CDR3是在VDJ重组后形成的，由D和部分V、J基因片段共同参与编码，变异程度最大，是免疫细胞识别抗原特异性和亲和力的最关键的区域。

V(D)J决定BCR多样性的基因序列

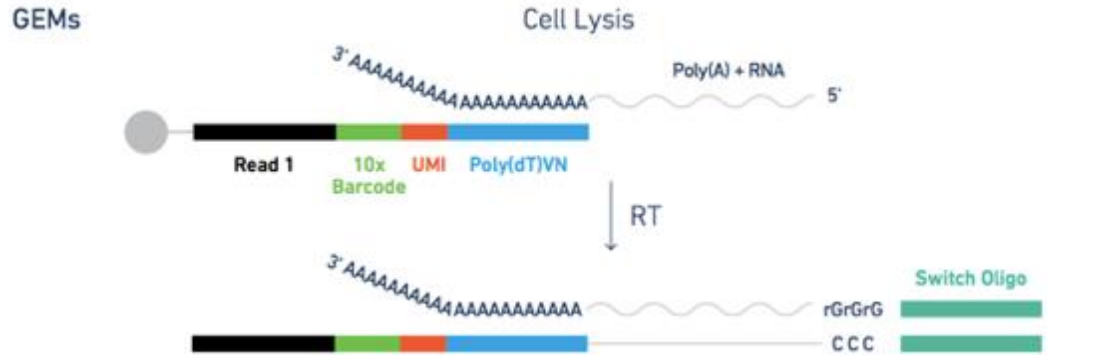


链接的多样性: 3~5bp随机的插入或者缺失

- V、D、J 基因片段重排
- N-区核苷酸插入
- $V\alpha$ 、 $V\beta$ 配对

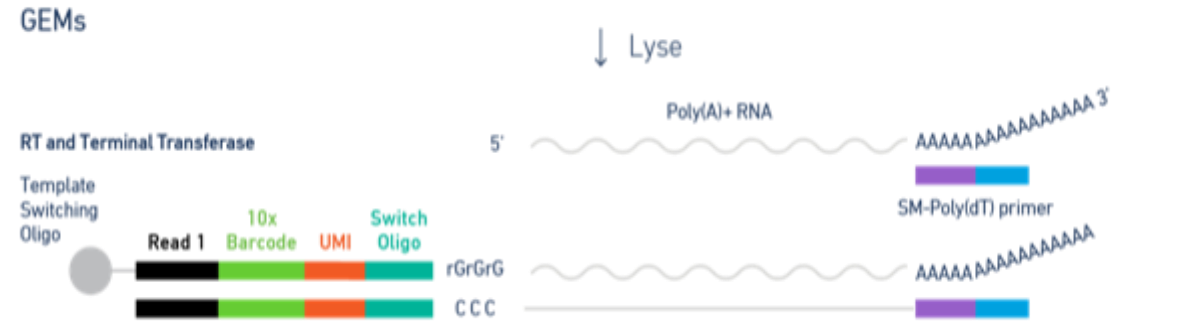
10X Genomics平台单细胞免疫组库

SC3'



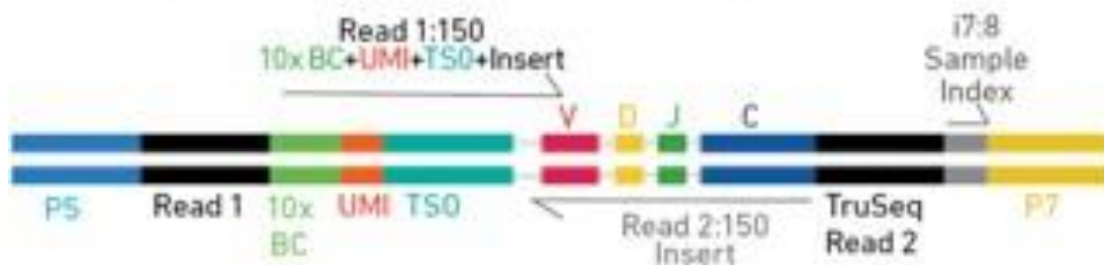
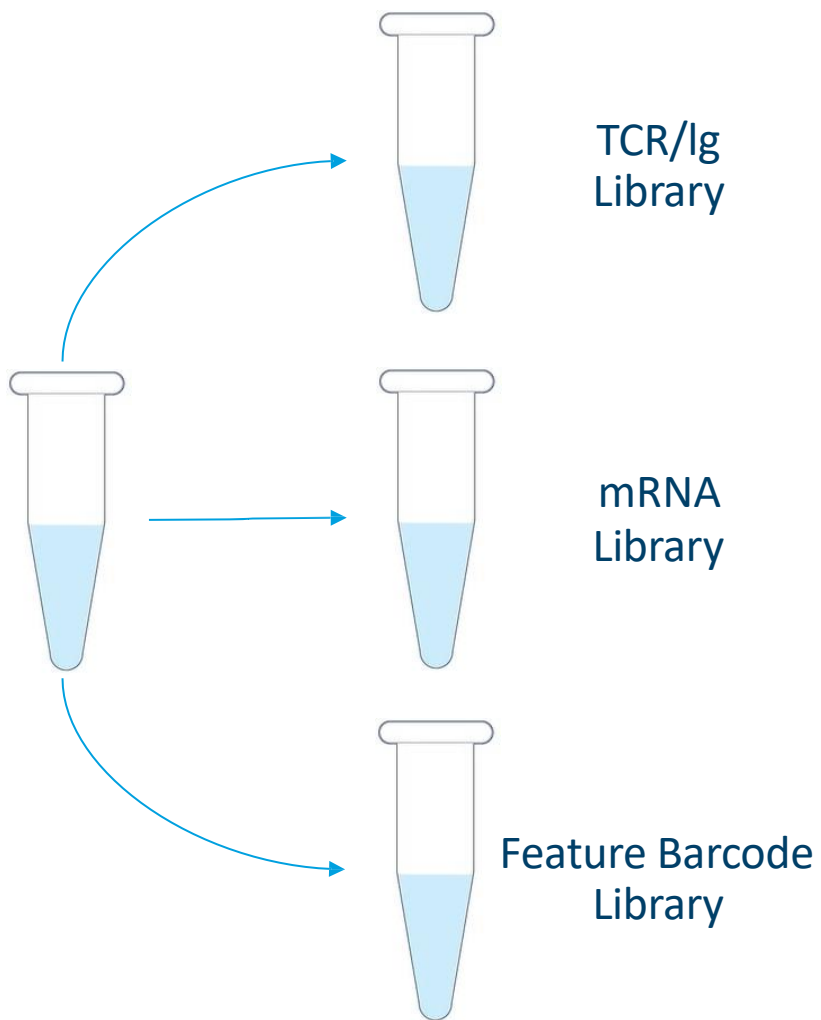
- UMI and Cell Barcode at 3' position
- Switch Oligo and RT primer contain sequences for universal PCR amplification

SC V(D)J

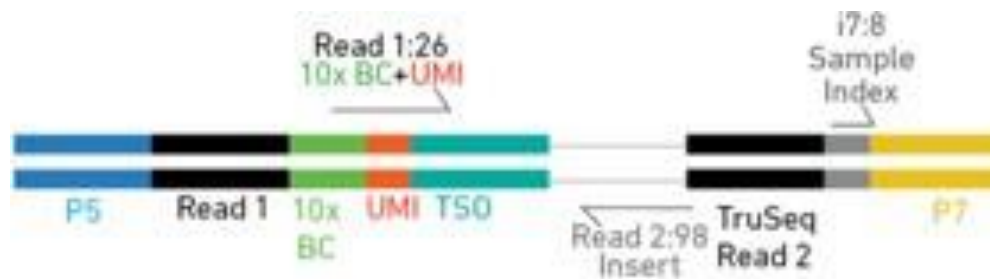


- UMI and Cell Barcode at 5' position
- Switch Oligo and RT primer contain sequences for universal PCR amplification

Post cDNA Library Construction



5k Reads
150:150



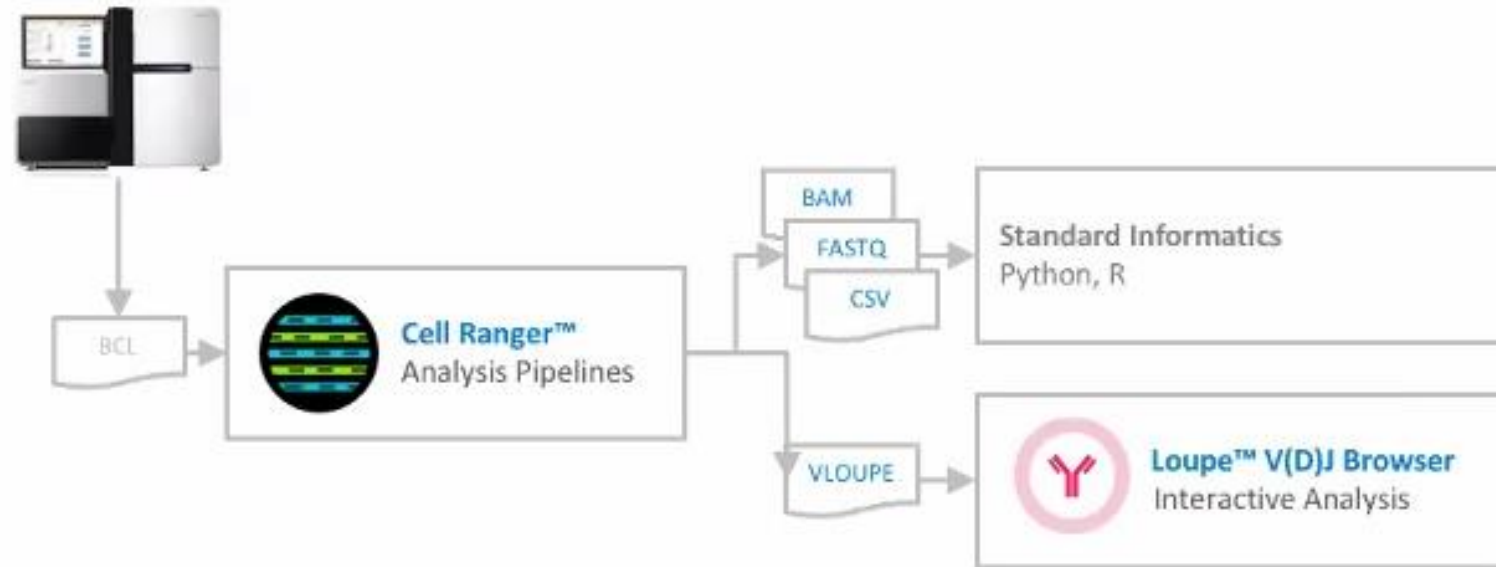
50k Reads
28:98



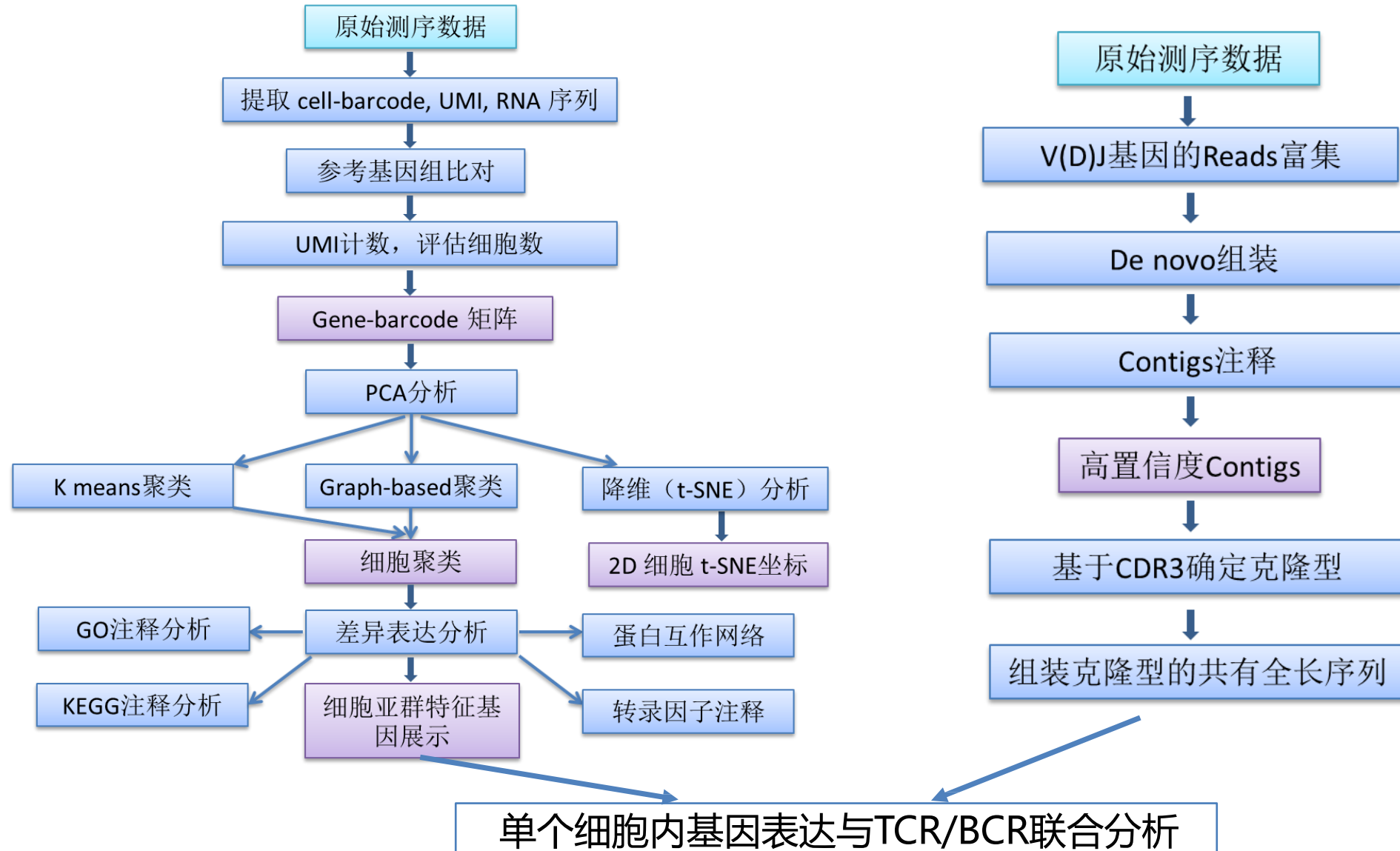
5k Reads
28:98

V(D)J Analysis Workflow for Enriched Libraries

- Sequence Chromium V(D)J libraries to ~5,000 read pairs per cell
 - Cell Ranger™ pipeline assembles reads into full-length V(D)J segments at single cell resolution
- Loupe™ Cell Browser and Loupe™ V(D)J Browser enables interactive analysis



免疫组库+5' 表达谱分析流程



单细胞免疫组库不同解决方案

方案设计	方案名称	技术特点	应用方向
方案一	5' 转录组测序+V (D) J测序	两种组学检测，一次上机，分开建库	罕见细胞类型鉴定、发现细胞亚型新的marker基因；肿瘤异质性分析，发现新的致病途径和机制；发现发生异常增殖的细胞类型，结合传统病理学特征，辅助疾病分型等
方案二	5' 转录组测序+V (D) J测序+抗原特异性	三种组学检测，5' gel bead同时捕获mRNA及特异的抗原	发现新的亚群，探索单个细胞亚群的免疫组库，进一步探索免疫细胞亚群的特异抗原功能，有利于临床精准免疫治疗的应用
方案三	5' 转录组测序+V (D) J测序+细胞表面蛋白+抗原特异性	四种组学检测，5' gel bead同时捕获mRNA及感兴趣的抗原和抗体序列	增加表面蛋白的标记物，更加精细化的亚群区分，结合探索单个细胞亚群的免疫组库，更进一步探索免疫细胞亚群的特异抗原功能，有利于临床精准免疫治疗的应用

肿瘤治疗

研究多种肿瘤类型（结直肠癌、卵巢癌、肝癌、黑色素瘤等）的浸润淋巴细胞，捕捉肿瘤发生时免疫微环境的变化，寻找免疫治疗的靶点，从而辅助免疫治疗更好的抗击肿瘤。

移植和免疫重建

器官或者骨髓移植时，经常会诱发宿主排斥反应的发生，从而发生慢性移植抗宿主病。免疫组库测序技术可以检测移植后T细胞库，进行从而识别移植后感染或者复发的高危人群

自身免疫疾病

分析异常表达的免疫细胞（T细胞或抗体），发现临床诊断的标志物。寻找优于现有标准的生物标记物、研究免疫系统在自身免疫中的机制，从而为疾病的诊疗提供依据。

用药及疫苗评估

对疾病用药后的外周血样本进行评估，确认药物是否激发免疫反应及其功效；获得特征性的BCR (IG) 序列，缩短抗体开发的流程

其他方面

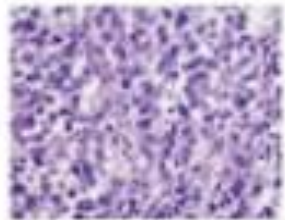
免疫组库在感染性疾病、免疫谱的差异状态调查、免疫疗法研究等方面提供重要的依据。

单细胞免疫组库测序-样品要求

- 细胞数量： 10^6 数量级,浓度500~2000cell/ μ l
- 细胞活性：85%以上
- 不能成团：成团率小于5%
- 细胞直径：< 30微米
- 样品新鲜：样品处理好后马上运输到博淼生物完成实验



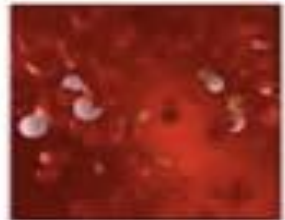
"Tumor"



- 浸润淋巴细胞



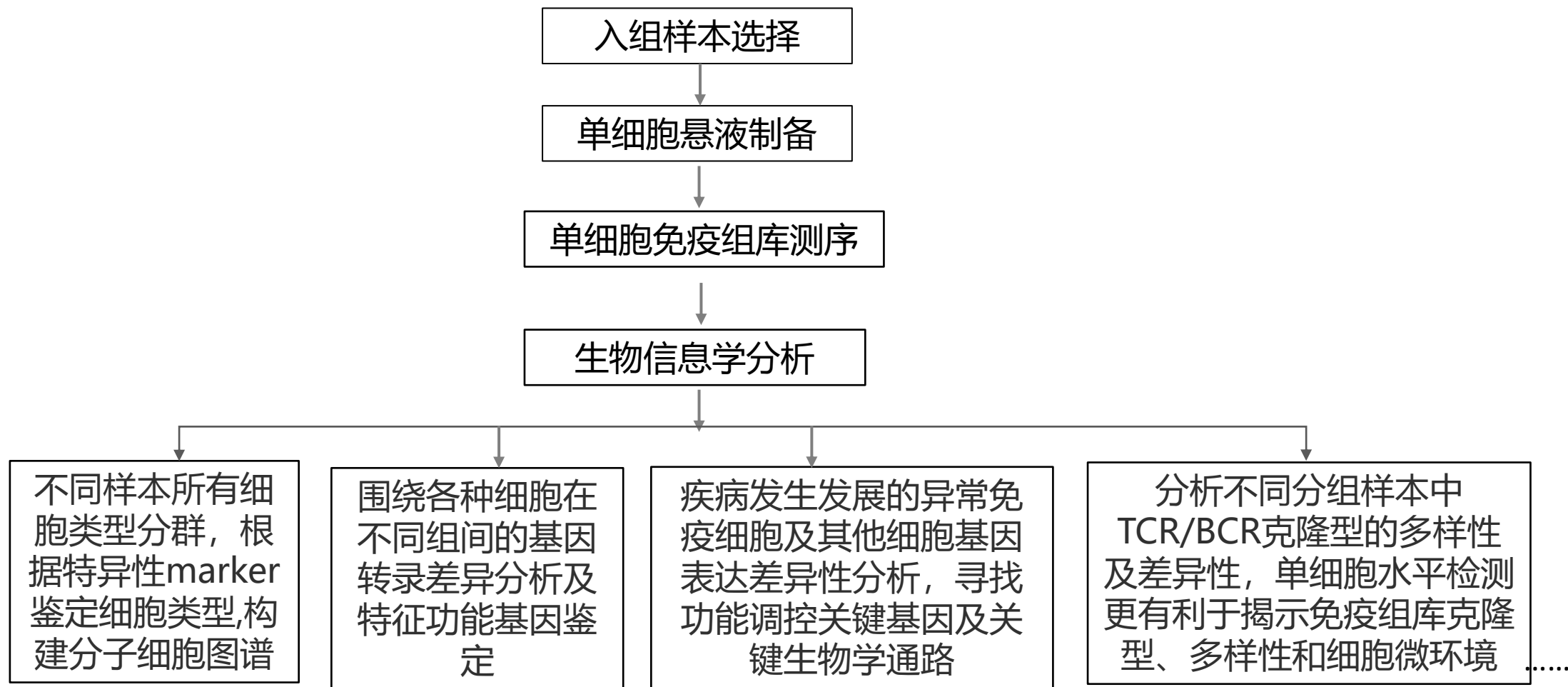
"Blood"



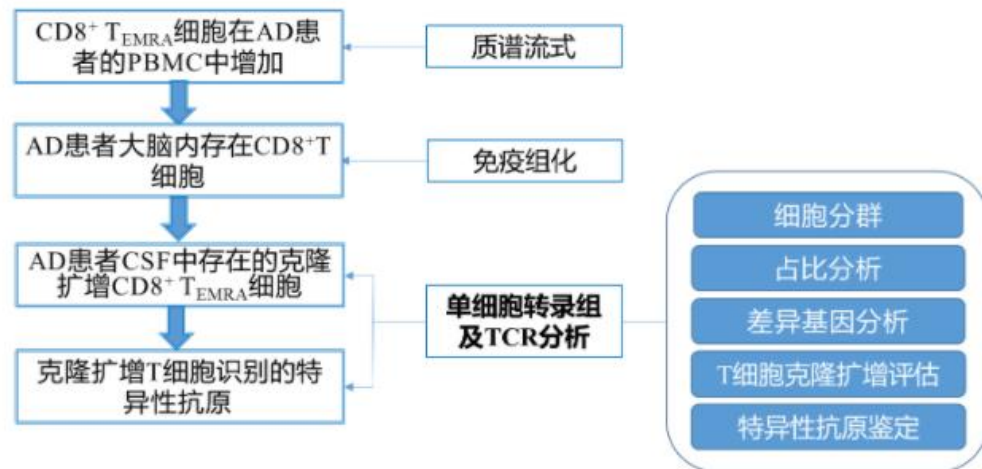
- PBMC
- 免疫细胞



单细胞免疫组库测序研究思路



案例一 阿尔茨海默症病人脑脊液中存在克隆扩增的CD8+T细胞



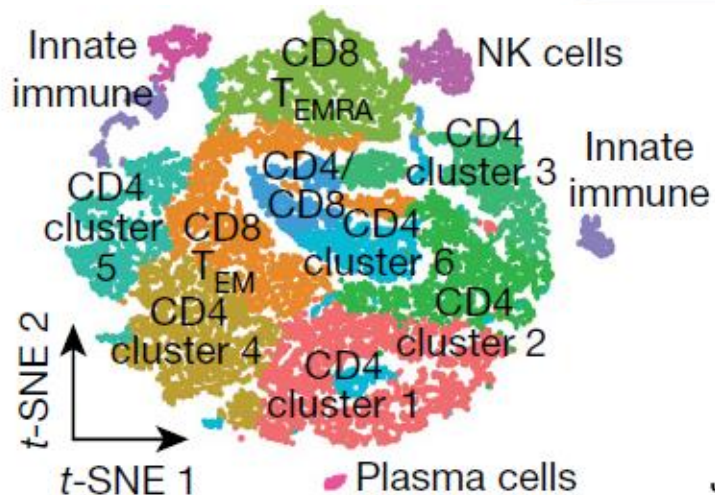
研究背景：阿尔茨海默氏症是一种无法治愈的神经退行性疾病，神经炎症具有重要的功能。然而，关于适应性免疫反应在阿尔茨海默病中的作用知之甚少。

研究目的：适应性免疫反应在阿尔茨海默病中的作用

样本情况：对照组 (n=7) 和MCI or AD患者 (n=6)的脑脊液样本进行了单细胞免疫组库测序，共21267细胞。

结论：

1. AD患者外周血CD8+T_{EMRA}增多且与认知能力呈负相关
2. CD8+T cell存在于AD患者的大脑中
3. 通过TCR数据发现，在阿尔茨海默病患者的脑脊液中存在克隆扩增的CD8+ TEMRA细胞
4. 使用机器学习、克隆和肽筛选来证明阿兹海默病患者脑脊液中克隆扩展的tcr对两种分离的eb病毒抗原的特异性



案例而二 大规模单细胞转录组图谱揭示COVID-19免疫特征

2020年5月自发组建了“新冠肺炎单细胞研究中国联盟 (Single Cell Consortium for COVID-19 in China (SC4))”，旨在协同建立新冠肺炎单细胞转录组大队列大数据，为揭示新冠肺炎发病机制和免疫学特征发出中国的声音

样本类型

196个新冠病人 (包括正常对照) 的284个样本 (包括痰液、肺泡灌洗液、胸水、外周血等)

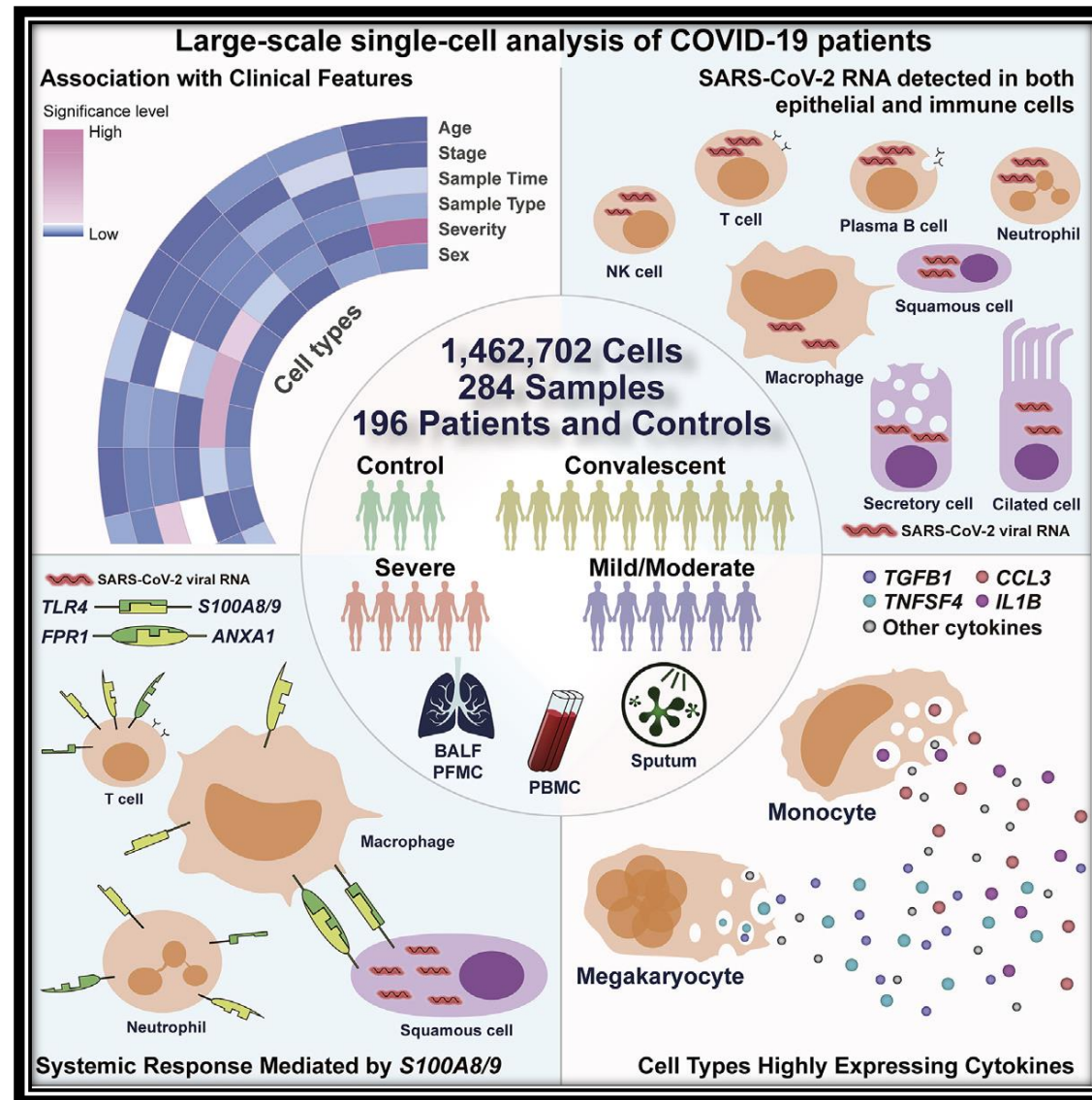
单细胞免疫组库测序

25T近150万个细胞的单细胞转录组测序数据

整合分析

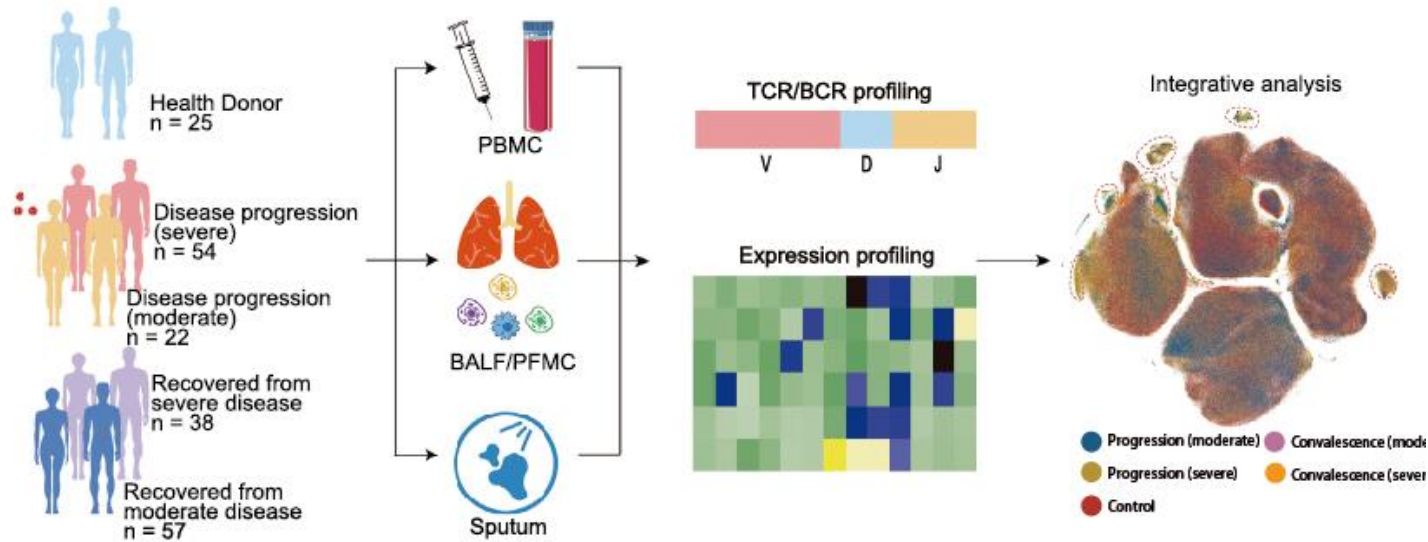
揭示了新冠病毒感染机制和在不同疾病发病阶段机体免疫反应特点

- ✓ 通过整合146万个单细胞详细描绘COVID-19免疫景观
- ✓ 外周免疫亚型与不同的临床特征相关
- ✓ SARS-CoV-2 RNA存在于多种上皮细胞和免疫细胞中
- ✓ 巨核细胞和单核细胞亚群可能参与了细胞因子风暴

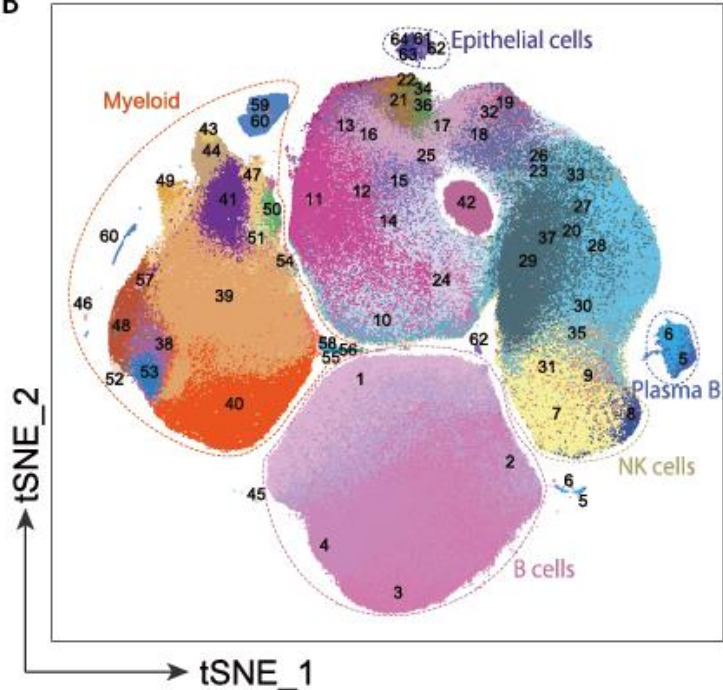


构建精细化细胞图谱

A

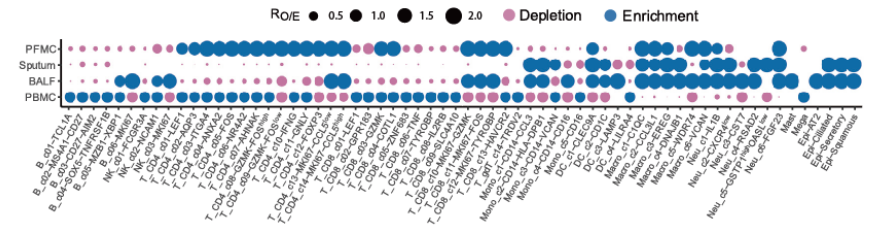


B

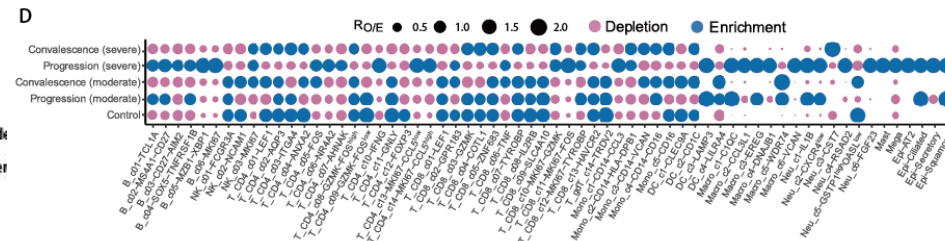


B cells	22 T_CD4_c13-MKI67-CCL5 ^{low}	45 DC_c3-LAMP3
1 B_c01-TCL1A	23 T_CD4_c14-MKI67-CCL5 ^{high}	46 DC_c4-LILRA4
2 B_c02-MS4A1-CD27	CD8+ T cells	47 Macro_c1-C1QC
3 B_c03-CD27-AIM2	24 T_CD8_c01-LEF1	48 Macro_c2-CCL3L1
4 B_c04-SOX5-TNFRSF1B	25 T_CD8_c02-GPR183	49 Macro_c3-EREG
Plasma cells	26 T_CD8_c03-GZMK	50 Macro_c4-DNAJB1
5 B_c05-MZB1-XBP1	27 T_CD8_c04-COTL1	51 Macro_c5-WDR74
6 B_c06-MKI67	28 T_CD8_c05-ZNF683	52 Macro_c6-VCAN
NK cells	29 T_CD8_c06-TNF	53 Neu_c1-IL1B
7 NK_c01-FCGR3A	30 T_CD8_c07-TYROBP	54 Neu_c2-CXCR4 ^{low}
8 NK_c02-NCAM1	31 T_CD8_c08-IL2RB	55 Neu_c3-CST7
9 NK_c03-MKI67	32 T_CD8_c09-SLC4A10	56 Neu_c4-RSAD2
CD4+ T cells	33 T_CD8_c10-MKI67-GZMK	57 Neu_c5-GSTP1 ^{high} OASL ^{low}
10 T_CD4_c01-LEF1	34 T_CD8_c11-MKI67-FOS	58 Neu_c6-FGF23
11 T_CD4_c02-AQP3	35 T_CD8_c12-MKI67-TYROBP	59 Mast
12 T_CD4_c03-ITGA4	36 T_CD8_c13-HAVCR2	60 Mega
13 T_CD4_c04-ANXA2	37 T_gdT_c14-TRDV2	Epithelial cells
14 T_CD4_c05-FOS	Myeloid cells	61 Epi-AT2
15 T_CD4_c06-NR4A2	38 Mono_c1-CD14-CCL3	62 Epi-Ciliated
16 T_CD4_c07-AHNAK	39 Mono_c2-CD14-HLA-DPB1	63 Epi-Secretory
17 T_CD4_c08-GZMK-FOS ^{high}	40 Mono_c3-CD14-VCAN	64 Epi-Squamous
18 T_CD4_c09-GZMK-FOS ^{low}	41 Mono_c4-CD14-CD16	
19 T_CD4_c10-IFNG	42 Mono_c5-CD16	
20 T_CD4_c11-GNLY	43 DC_c1-CLEC9A	
21 T_CD4_c12-FOXP3	44 DC_c2-CD1C	

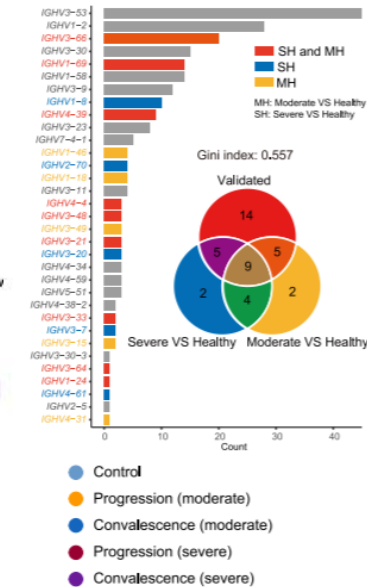
C



D



IGHV frequency of published SARS-CoV-2 antibodies



Precision Medicine



Targeted therapy guided by single-cell transcriptomic analysis in drug-induced hypersensitivity syndrome: a case report

Doyoung Kim^{1,†}, Tetsuro Kobayashi¹, Benjamin Voisin¹, Jay-Hyun Jo², Keiko Sakamoto¹, Seon-Pil Jin¹, Michael Kelly³, Helena B. Pasieka⁴, Jessica L. Naff⁵, Jon H. Meyerle⁵, Ijeoma D. Ikpeama⁶, Gary A. Fahle⁶, Fred P. Davis⁷, Sergio D. Rosenzweig⁸, Julie C. Alejo⁹, Stefania Pittaluga⁹, Heidi H. Kong¹⁰, Alexandra F. Freeman¹⁰ and Keisuke Nagao^{1*}

Immunotherapy

nature communications

Article | Open Access | Published: 10 January 2020

Clonal kinetics and single-cell transcriptional profiling of CAR-T cells in patients undergoing CD19 CAR-T immunotherapy

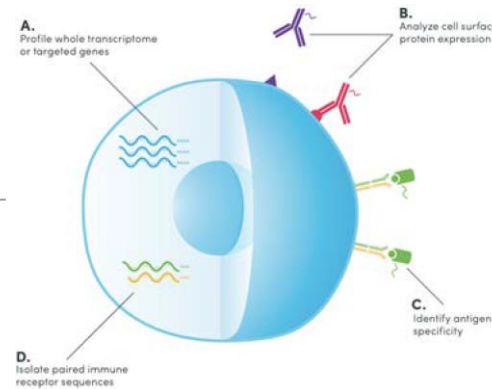
Alyssa Sheih, Valentin Voillet, Laïla-Aïcha Hanafi, Hannah A. DeBerg, Masanao Yajima, Reed Hawkins, Vivian Gersuk, Stanley R. Riddell, David G. Maloney, Martin E. Wohlfahrt, Dnyanada Pande, Mark R. Enstrom, Hans-Peter Kiem, Jennifer E. Adair, Raphaël Gottardo, Peter S. Linsley & Cameron J. Turtle ✉

Antibody Discovery

Cell

High-Throughput Mapping of B Cell Receptor Sequences to Antigen Specificity

Ian Setliff^{1,2,16}, Andrea R. Shiakolas^{1,3,16}, Kelsey A. Pilewski^{1,3}, Aryn A. Murji^{1,3}, Rutendo E. Mapengo⁴, Katarzyna Janowska⁵, Simone Richardson^{4,11}, Charissa Oosthuysen^{4,11}, Nagarajan Raju^{1,3}, Larance Ronsard⁷, Masaru Kanekiyo⁸, Juliana S. Qin¹, Kevin J. Kramer^{1,3}, Allison R. Greenplate¹, Wyatt J. McDonnell^{3,9,17}, Barney S. Graham⁸, Mark Connors¹⁰, Daniel Lingwood⁷, Priyamvada Acharya^{5,6}, Lynn Morris^{4,11,12} and Ivelin S. Georgiev^{1,3,13,14,15,16,*}



Infectious Disease

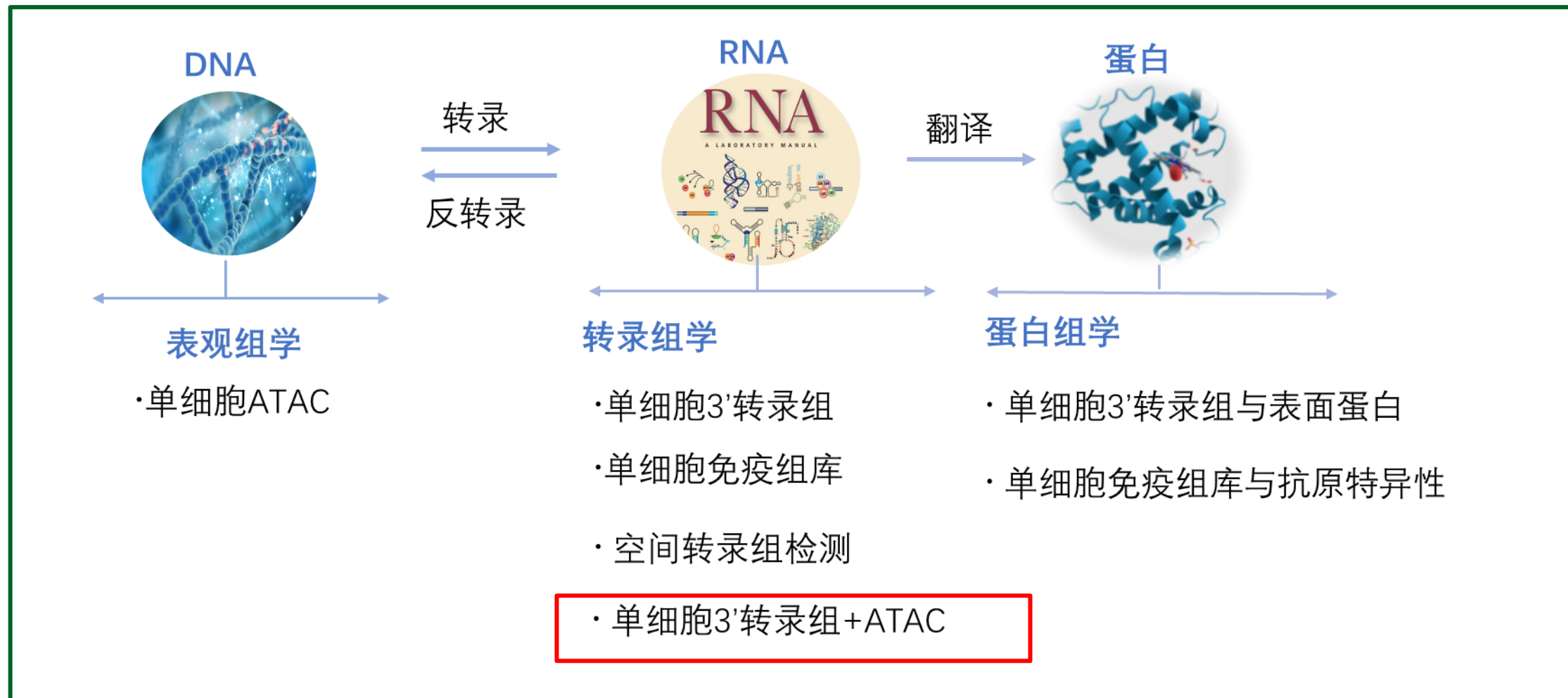
nature medicine

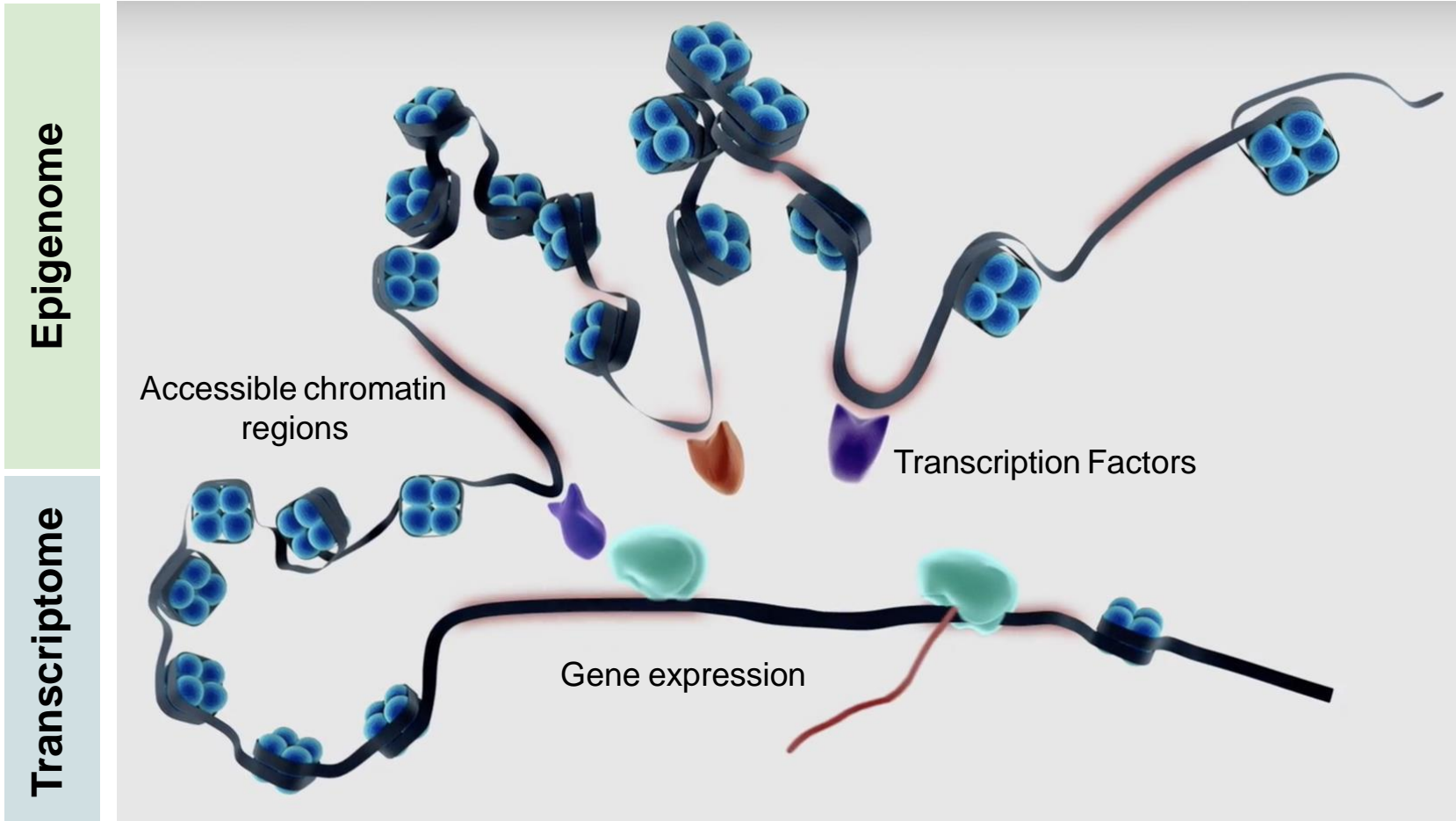
Brief Communication | Published: 12 May 2020

Single-cell landscape of bronchoalveolar immune cells in patients with COVID-19

Mingfeng Liao, Yang Liu, Jing Yuan, Yanling Wen, Gang Xu, Juanjuan Zhao, Lin Cheng, Jinxiu Li, Xin Wang, Fuxiang Wang, Lei Liu ✉, Ido Amit ✉, Shuye Zhang ✉ & Zheng Zhang ✉

单细胞3' 转录组+ATAC解决方案





Chromium Single Cell Multiome ATAC + Gene Expression

Multiply your power of discovery

- Simultaneously profile gene expression and chromatin landscape from the same cell, across thousands of cells
- Deeply characterize cell types and states with linked transcriptomic and epigenomic analyses
- Discover new gene regulatory interactions
- Easily interpret epigenetic profiles with key expression markers
- Maximize precious samples with multiple readouts from the same cell



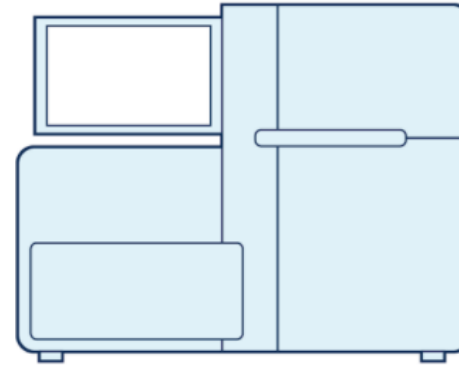
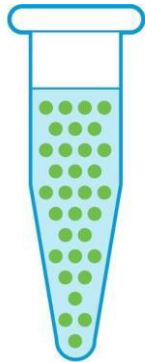
单细胞3' 转录组+ATAC服务流程

Input

Library creation

Sequence

Data analysis and
visualization



User-supplied
Nuclei

Chromium Controller and Chromium Single Cell Multiome ATAC + Gene Expression Reagents

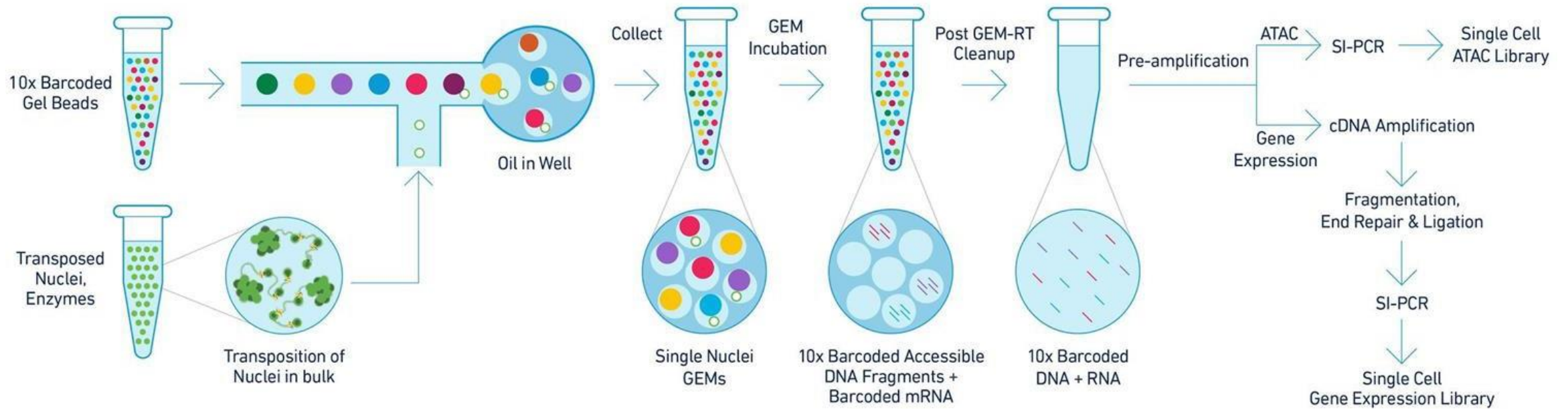
- Chromium Next GEM Single Cell Multiome ATAC + Gene Expression Reagent Bundle
- Chromium Next GEM Chip J Single Cell Kit
- Single Index Kit N Set A
- Dual Index Plate TT Set A

Sequencer

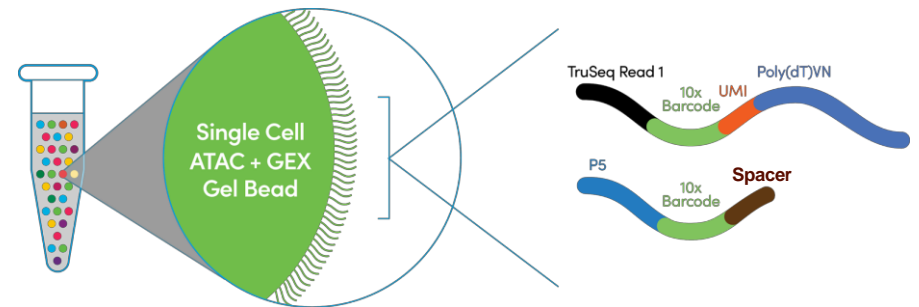
Cell Ranger ARC Analysis Pipeline & Loupe Browser

- FASTQ Processing
- Peak Detection
- Expression Analysis
- Feature Linkage
- Cell Clustering
- Visualization

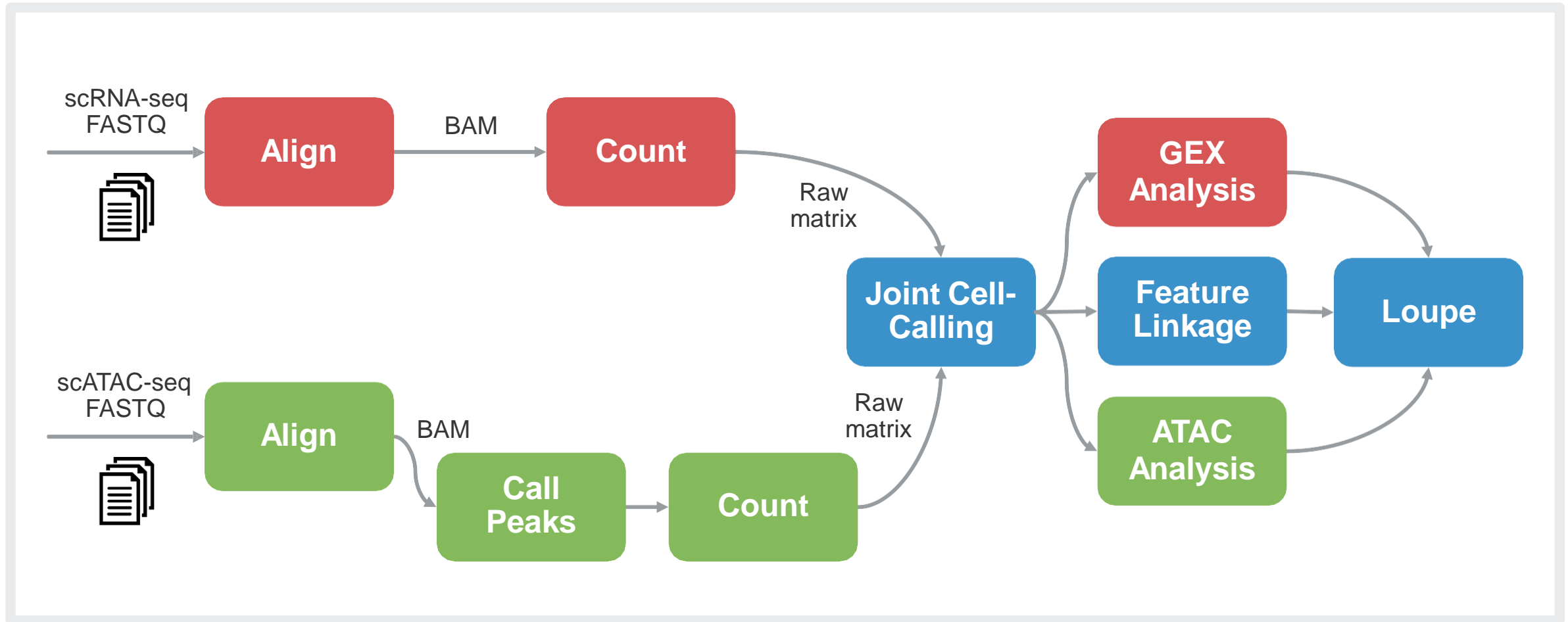
单细胞3' 转录组+ATAC核心原理



- **Input:** Transposed nuclei
- **Output:**
 - One ATAC library and one Gene Expression library from each sample
 - Paired ATAC and Gene Expression data for each nucleus



Cell Ranger ARC combines ATAC and GEX data



联合分析调控原件与基因之间的关联

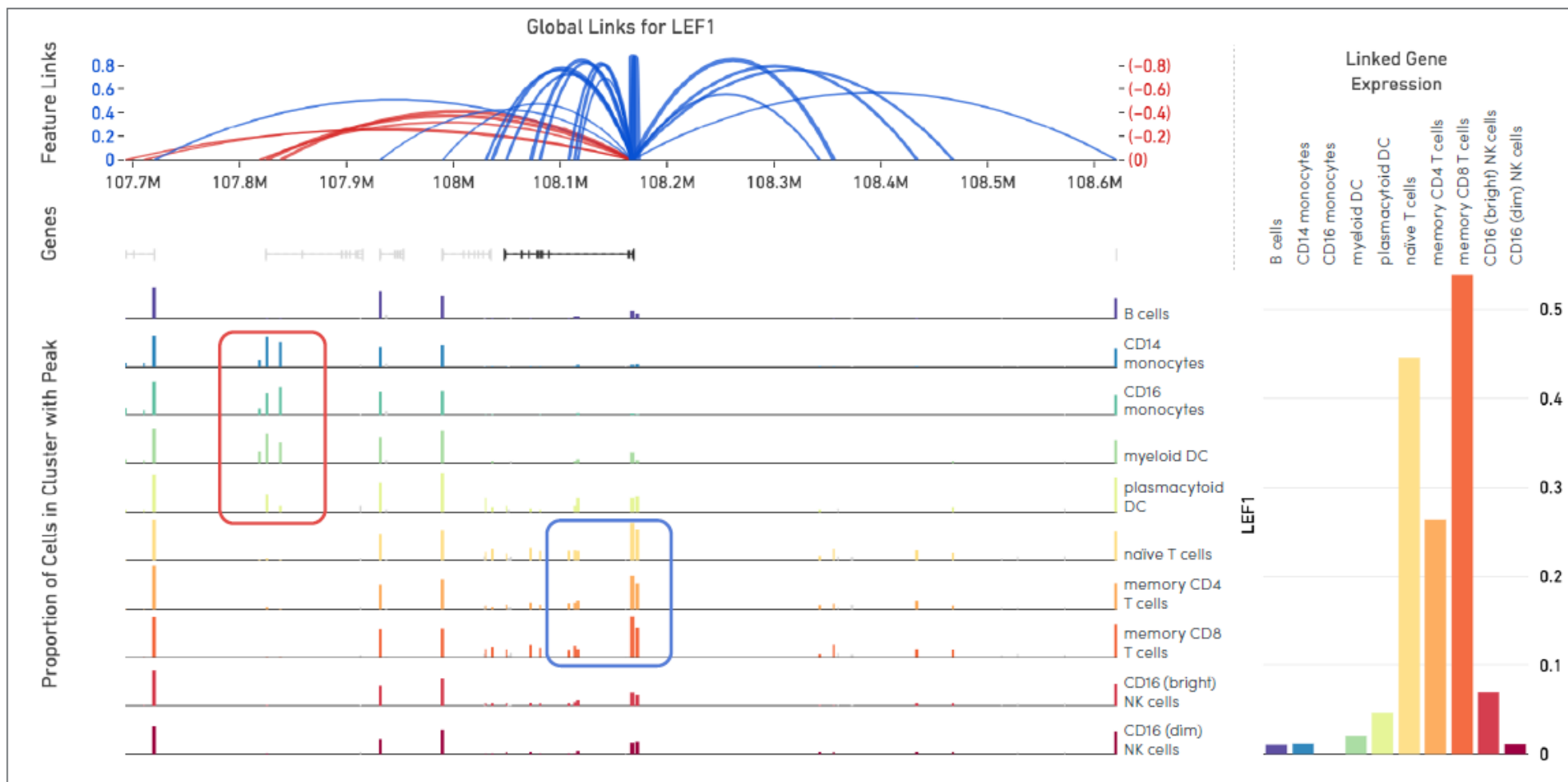
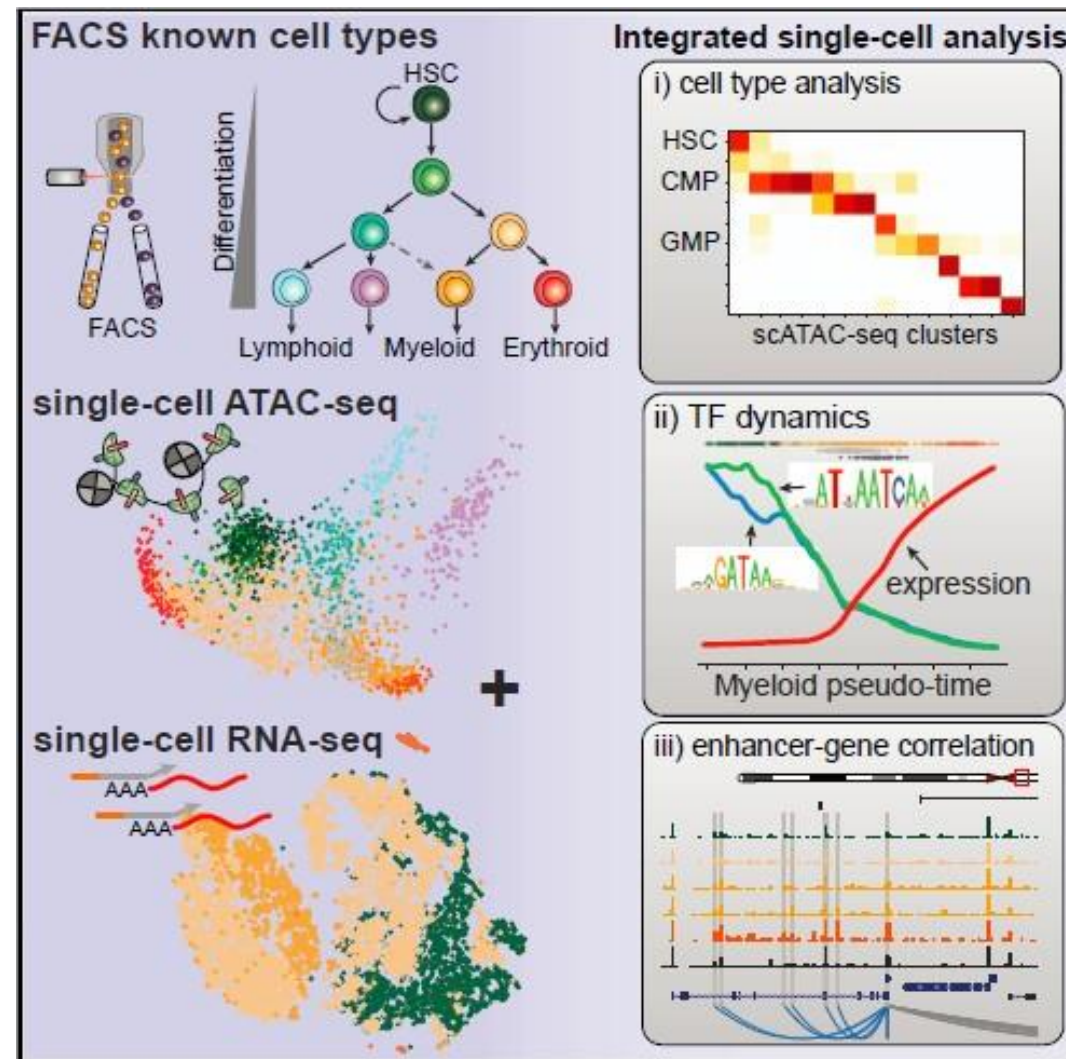


Figure 3. Identification of putative regulatory elements directly linked to a gene of interest. Global links for *LEF1* indicate open chromatin peaks that are either correlated (blue arcs) or anti-correlated (red arcs) with *LEF1* gene expression across a 1 Mb window for the same 7,273 PBMC nuclei seen in Figure 1. *LEF1* expression levels and open chromatin peaks are color coded by cell type. Cell-type specific expression of *LEF1* is correlated with linked open chromatin regions near the *LEF1* promoter that are enriched specifically in naïve and memory T cells (blue box). Cells with low *LEF1* expression, such as monocytes and myeloid dendritic cells, each have an open chromatin region several hundred kilobases away that may be repressive (red box).

与转录组整合分析造血分化过程中的调控机制

《Cell》 (2018.4) , IF= 31.398

- 文章标题:
Integrated Single-Cell Analysis Maps the Continuous Regulatory Landscape of Human Hematopoietic Differentiation
- 实验材料:
人骨髓中分选CD34⁺细胞
- 亮点:
 - 单细胞ATAC-seq揭示了造血系统的异质性
 - 染色质可及性数据揭示HSC中 TFmotif 遵循 红细胞/淋巴途径
 - 单细胞ATAC-seq和RNA-seq整合分析了解转录因子顺式和反式作用机制
 - 染色质可及性数据验证了GMP中的异质性, 可用于定义细胞亚群



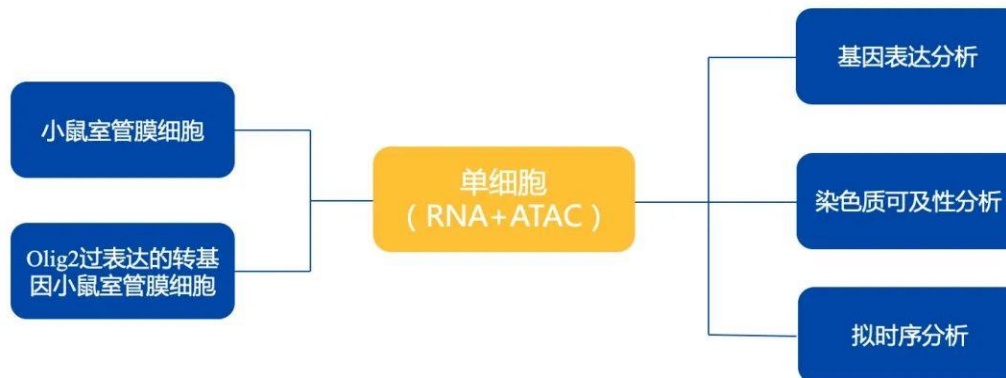
sc (RNA+ATAC) 联合检测——发育生物学

A latent lineage potential in resident neural stem cells enables spinal cord repair

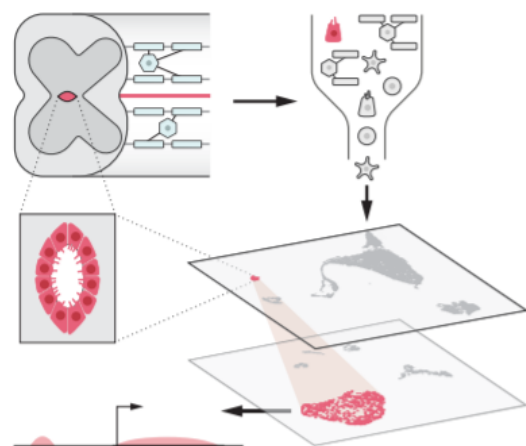
期刊: Science

发表时间: 2020.10

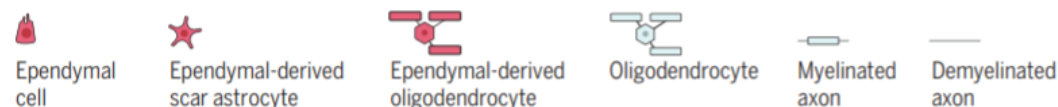
研究领域: 样本信息: 小鼠脊髓成体室管膜细胞, 共超过4500个细胞



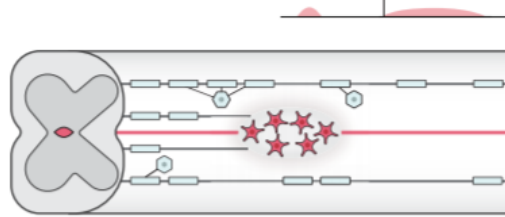
Integration of single-cell RNA-seq and ATAC-seq from the mouse spinal cord



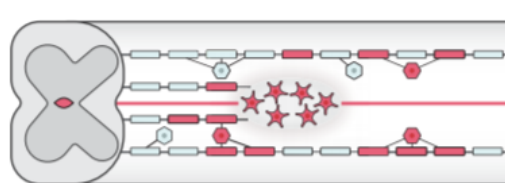
Latent accessibility of oligodendrocyte genes in ependymal cells



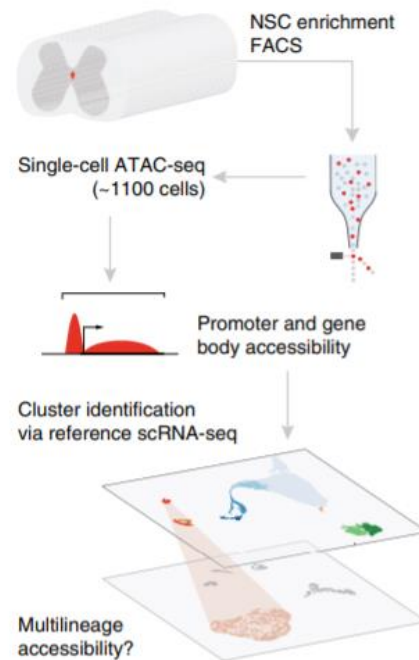
Injured



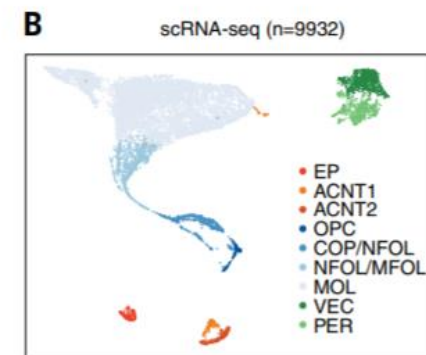
Enhanced injury repair



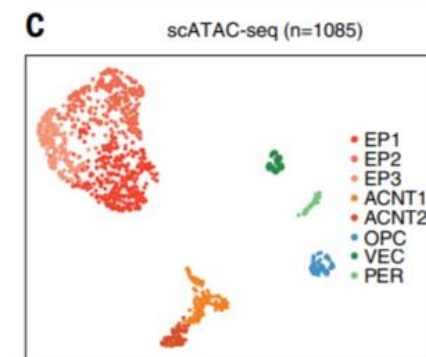
A



B



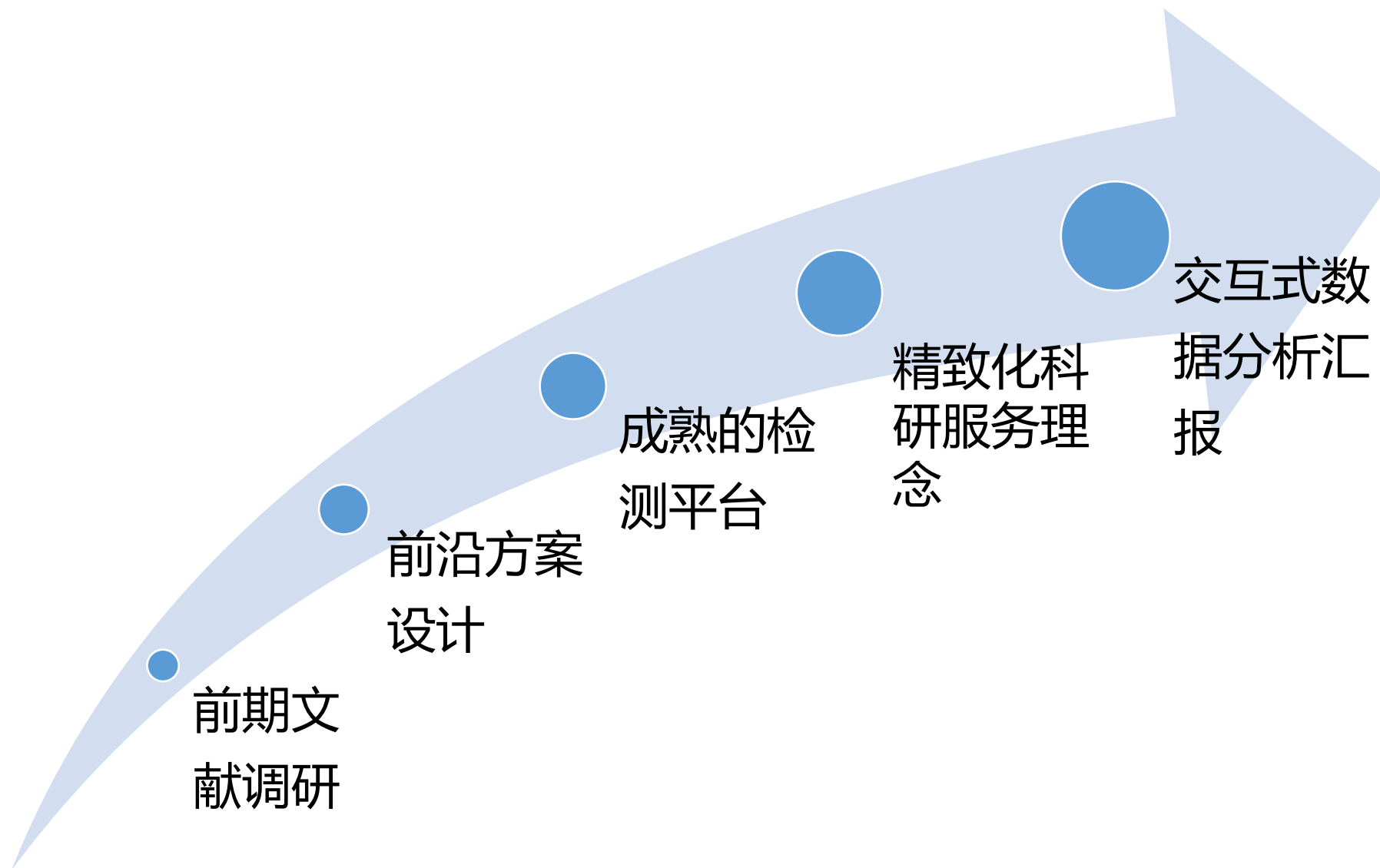
C



04

博淼特色服务项目





基因组学服务

- GWAS芯片/WES-seq/Target NGS-seq
- Massarray /Multi-PCR NGS/Taqman /KASP SNP分型
- 16S扩增子测序/宏基因组测序
- HLA-seq/TCR&BCR-seq

表观基因组学服务

- EWAS芯片
- Multi-PCR NGS靶向DNA甲基化定量
- Massarray 靶向DNA甲基化定量

代谢组学服务

- 非靶向代谢组
- 非靶向脂质组
- 靶向代谢组项目系列

转录组学服务

- 转录组NGS/表达谱芯片
- RT-qPCR靶向转录本定量

蛋白质组学服务

- DIA定量蛋白质组/iTRAQ&TMT定量蛋白质组/Label free定量蛋白质组
- PRM靶向蛋白/Olink蛋白定量/ELISA
- 修饰蛋白质组
- 高密度自身抗体蛋白芯片

单细胞组学服务

- 单细胞转录组测序
- 单细胞免疫组库测序
- 单细胞ATAC测序&转录组测序
- 空间转录组测序

多组学联合研究服务

- GWAS&多组学技术服务
- EWAS&多组学技术服务
- 微生物基因组&代谢组技术服务
- 蛋白质组&代谢组技术服务

