

单细胞转录组测序（Single-cell RNA-sequencing）是指在单细胞水平上对RNA进行高通量测序和分析的新技术。不同于常规Bulk Sequencing（组织或细胞群测序）得到的结果只是大量细胞的平均表达水平，单细胞测序能够深入挖掘细胞特异性的信息。目前，单细胞测序已广泛应用于肿瘤异质性、免疫微环境、神经科学、胚胎发育、细胞分化等领域的研究。

最近，吉凯基因引进单细胞测序平台——BD Rhapsody™，将为客户提供更大规模、更加灵活、更为全面的单细胞测序服务。



优势

高效

每个样本可测100~10000个细胞
2天内完成细胞悬液制备、单细胞捕获、扩增以及建库

灵活

抗体标签技术可实现多样本混合捕获
可选择全转录组测序或目标基因测序

可靠

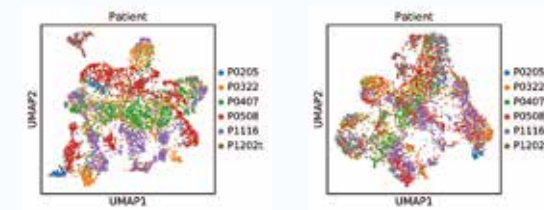
利用成像系统对单细胞捕获过程进行质控
单细胞捕获效率高达80%，多细胞比例仅为4.7%

整合

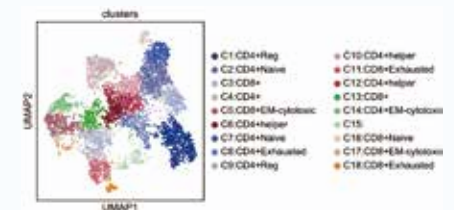
可同时检测单个细胞的mRNA水平与蛋白水平

数据分析

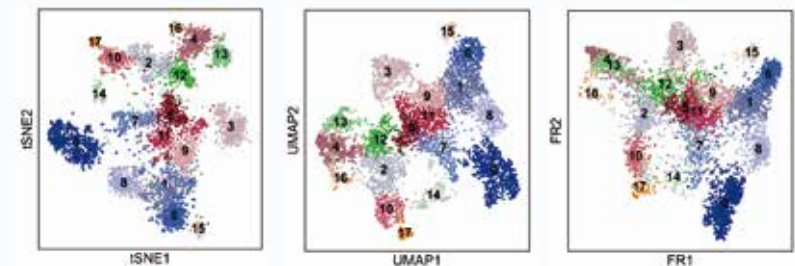
消除样本间差异



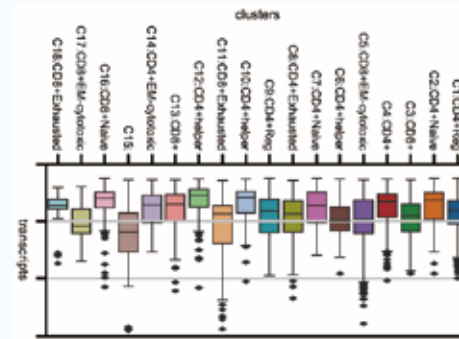
细胞类群注释



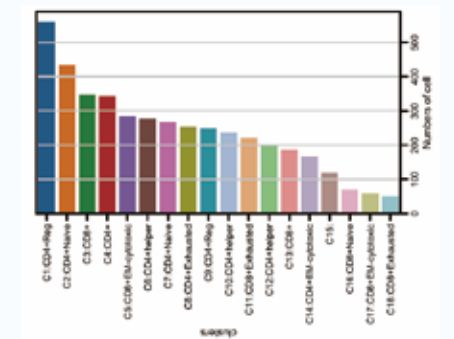
细胞分群（t-SNE，UMAP，Force-directed graph drawing）



不同cluster转录本表达丰度分布统计



不同cluster 细胞数目统计



实验流程



应用方向

肿瘤异质性

Kim C, Gao R, Sei E, et al. Chemoresistance Evolution in Triple-Negative Breast Cancer Delineated by Single-Cell Sequencing. Cell 2018, 173(4):879–893.

肿瘤免疫微环境

Zheng C, Zheng L, Yoo JK, et al. Landscape of Infiltrating T Cells in Liver Cancer Revealed by Single-Cell Sequencing. Cell 2017, 169(7):1342–1356.

神经科学

Li CL, Li KC, Wu D, et al. Somatosensory neuron types identified by high-coverage single-cell RNA-sequencing and functional heterogeneity. Cell Res 2015, 26(1):83–102.

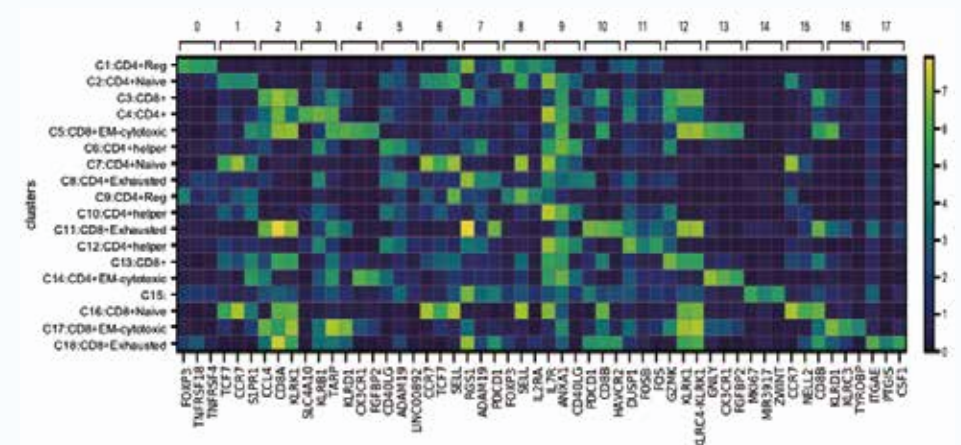
胚胎发育

Li L, Dong J, Yan L, et al. Single-Cell RNA-Seq Analysis Maps Development of Human Germline Cells and Gonadal Niche Interactions. Cell Stem Cell 2017, 20(6):858–873

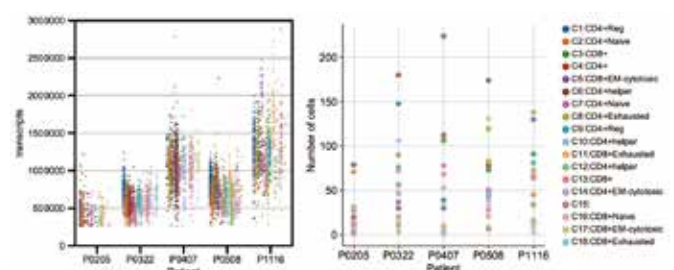
细胞分化

Bach K, Pensa S, Grzelak M, et al. Differentiation dynamics of mammary epithelial cells revealed by single-cell RNA sequencing. Nat Commun 2017, 8(1):2128.

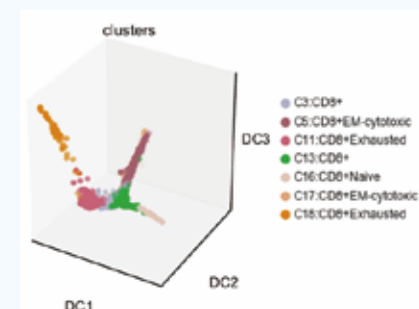
Marker基因分析



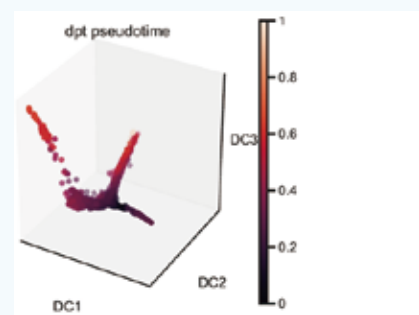
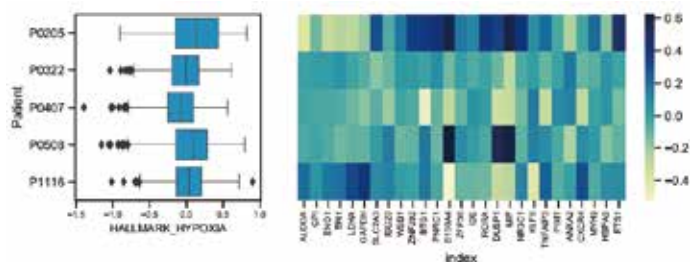
不同病人每个cluster的转录本表达丰度和细胞数目统计



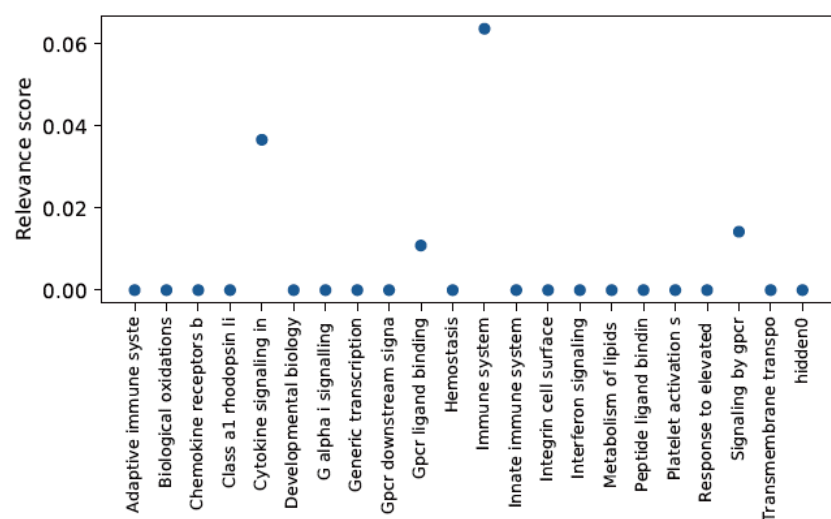
伪时间轴分析



患者之间的代谢特征差异分析



单细胞基因表达驱动因子分析



生物单细胞测序服务

—— 引进 BD Rhapsody™ 技术平台

吉凯基因单细胞测序技术,为您提供灵活的解决方案

BD Rhapsody

10X Genomics

