



加快打造原始创新策源地，加快突破关键核心技术，努力抢占科技制高点，为把我国建设成为世界科技强国作出新的更大的贡献。

——习近平总书记在致中国科学院建院70周年贺信中作出的“两加快一努力”重要指示要求

[首页](#)[组织机构](#)[科学研究](#)[成果转化](#)[人才教育](#)[学部与院士](#)[科学普及](#)[党建与科学文化](#)[信息公开](#)[首页 > 科研进展](#)

北京基因组所开发新型高通量单细胞多组学技术

2023-04-13 来源：北京基因组研究所

【字体：大 中 小】



语音播报



单细胞测序已成为生物学领域的关键共性技术。然而，由于缺乏高效的手段降低“假单细胞率”，主流微流控平台的单通道细胞通量通常在1万细胞以下，空载率达到90%以上，且成本高昂，限制了对数百万个细胞或上千例样本的人群队列进行大规模研究。

近日，中国科学院北京基因组研究所（国家生物信息中心）蒋岚研究组基于组合标记技术路线改造优化主流微流控平台，开发了新型单细胞转录组测序技术FIPRESKI，使细胞通量比现有技术提高十倍以上，大幅降低成本。该成果在《基因组生物学》（*Genome Biology*）期刊发表。

研究团队使用FIPRESKI对人和小鼠细胞系混合物测序，获取了8000多个高质量的细胞，其中99.8%的细胞都能明确来源，表明FIPRESKI具有很低的假单细胞率。随后，为了验证新技术对不同组织的兼容性，使用FIPRESKI对小鼠整个E10.5胚胎的细胞进行细胞核测序，在10X Genomics单通道中获取了超过10万细胞核的数据。注释结果显示，细胞类型的成分与已发表的参考数据相似。此外，FIPRESKI数据还可用于鉴定细胞类型和发育阶段特异的调控元件（启动子和增强子）使用偏好，发现了著名基因Rbfox2在抑制性神经元发育过程中使用不同的启动子的动态变化。

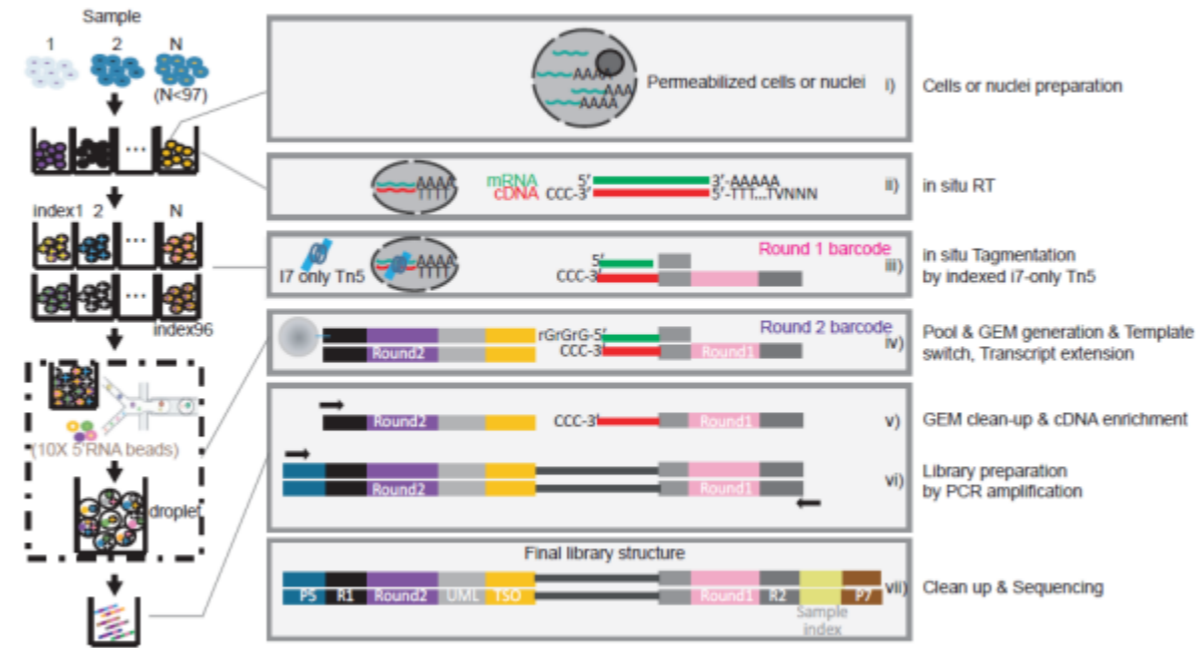
进一步地，研究人员使用FIPRESKI对来自不同癌症病人及健康人外周血中的T细胞进行单细胞RNA和TCR双组学测序。数据显示，相较于健康人，癌症病人外周血中T细胞在细胞亚群组分、基因表达、TCR克隆等多个层面存在显著差异。基于小样本量的数据建模，已经足以区分癌症病人和健康人，提示低成本的FIPRESKI技术具备基于免疫细胞信息应用于癌症液体活检及早筛方面的潜力。

综上所述，该新型单细胞测序技术可突破现有技术的设计局限，大幅提高效率并降低成本，适用于单细胞转录组和调控元件活性、免疫受体序列等多模态分析，有望有力支撑跨器官水平的大规模参考细胞图谱研究、跨时间和空间的器官发育研究、针对大规模健康人和疾病的队列细胞图谱研究、高通量CRISPR基因编辑和药物筛选的单细胞分子表型刻画研究等。



该项工作得到中科院战略性先导科技专项、中科院全球共性挑战专项项目、科技部重点研发计划、国家自然科学基金委有关项目等的资助。

论文链接



FIPRESCI实验流程图

责任编辑：任霄鹏

打印



更多分享

» 上一篇： 营养与健康所揭示胰腺祖细胞分化和增殖因子调控肝癌的新机制

» 下一篇： 武汉病毒所在I型单纯疱疹病毒载体构建研究中取得进展



扫一扫在手机打开当前页

