



图片新闻

视频新闻

浙大报道

新闻

浙江大学报

公告

学术

文体新闻

交流新闻

网上办事目录 (校内)

校网导航

联系方式

意见建议

网站地图

新闻

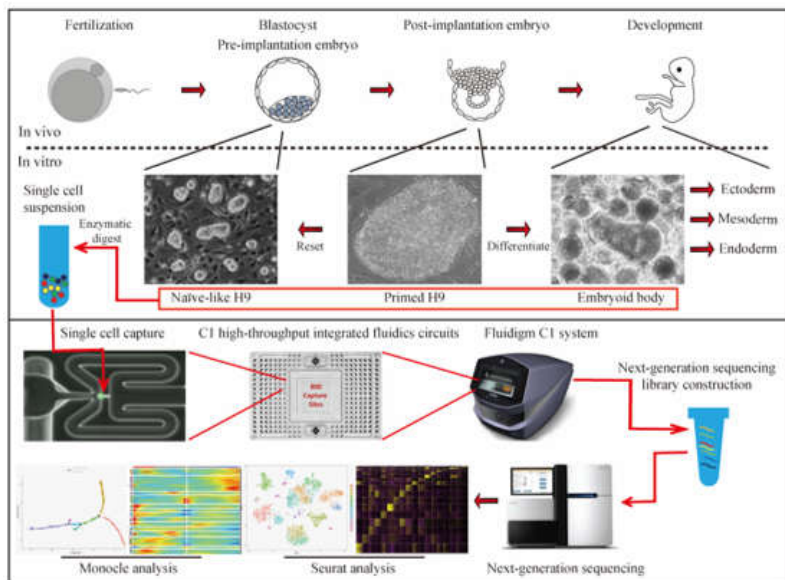
郭国骥团队在基因组学权威期刊《Genome Biology》杂志发表文章

编辑：林海燕 来源：基础医学系 时间：2018年04月08日 访问次数:1891

2018年4月5日，浙江大学基础医学院郭国骥团队在基因组学权威期刊《Genome Biology》杂志发表题为“Mapping human pluripotent stem cell differentiation pathways using high throughput single-cell RNA-sequencing”的文章。

1998年Thomson实验室首次报道从人早期囊胚中分离出人多能干细胞，这些细胞具有自我增殖和多向分化能力，可以分化成为人体各种组织细胞，对基础研究和临床疾病的治疗都具有重大意义。研究人员根据发育生物学原理和体外诱导优化试验，基本建立了人多能干细胞（包括胚胎干细胞和诱导多能干细胞）向三个胚层（外胚层、中胚层和内胚层）的分化体系。近年来人多能干细胞分化各胚层组织细胞的相关研究取得了突出的成果，但是大部分的分化方案仍然面临分化效率低下和细胞功能缺陷等问题，在进一步优化过程中遭遇瓶颈。

目前研究人员对人多能干细胞三胚层分化体系缺乏系统性的认知，导致分化路径不明确，所以研究人员无法采取有效的质量控制手段来进一步优化分化体系。首先传统的方案优化往往基于对分化过程中群体细胞的分析，而群体细胞层面的信息太过于模糊，无法系统性地展现分化过程中细胞成分的复杂性和异质性，也无法满足研究人员对分化方案的优化要求。其次传统的标记基因体系无法有效地富集分化产生的功能细胞，更高效的阶段性标记基因系统仍有待开发。



郭国骥团队使用高通量的单细胞分析平台对人多能干细胞拟胚体分化系统进行了分析，绘制了人多能干细胞的体外谱系分化图谱。在文章中他们首次报道使用优化的高通量微流控

芯片C1 HT IFC来捕获单细胞样品用于单细胞转录组测序，该平台的优势在于测序通量和测序深度都较高，每次可分析多达800个细胞，并且每个细胞能检测到约5000个基因。该平台能够精确的分析细胞成分复杂的样品。文章的共同第一作者及共同通讯作者陈海德博士表示：“目前很多分化系统都是基于拟胚体分化体系建立的，包括Daley GQ 在2017年首次报道的成功利用人多能干细胞分化人造血干细胞的方案。通过单细胞分析，我们在人多能干细胞分化产生的拟胚体中发现了三胚层多种组织细胞的前体，包括神经，肌肉，内皮，肝脏，上皮组织等。通过时序性分析我们描绘出这些前体细胞分化过程中动态的基因变化，揭示分化过程中关键的调控基因，有助于加深对早期胚胎谱系分化分子通路的了解以及促进分化方案的优化”。

郭国骥团队韩晓平副教授和陈海德博士为本文共同第一作者。浙江大学郭国骥教授，哈佛大学袁国丞教授和浙江大学陈海德博士为本文共同通讯作者。本研究获得了国家自然科学基金和中央高校基本业务费的支持。

