



## 科学家研究实现单细胞转录组的空间映射

日期：2022年04月12日 09:22 来源：科技部生物中心 【字号：大 中 小】

单细胞RNA测序方法可以剖析单细胞的转录组表达，但不能保存空间信息。相反，空间转录组学可以检测剖析组织切片中的空间区域，但不具备单细胞分辨率。美国德克萨斯大学研究团队提出一种计算方法，揭示组织中单细胞转录组的空间结果。该研究近日发表在《Nature Biotechnology》上，题为：Spatial charting of single-cell transcriptomes in tissues。

研究人员开发了一个名为细胞跋涉（CellTrek）的计算方法。这种方法结合了单细胞RNA测序和空间转录组学两个数据集，通过共嵌入和度量学习方法实现单细胞的空间映射。研究人员使用模拟和原位杂交数据对细胞跋涉进行了基准测试，证明了其准确性和稳定性。然后将细胞跋涉应用于现有的小鼠大脑和肾脏数据集，发现细胞跋涉可以检测到不同细胞类型和细胞状态。研究人员进一步对两个乳腺导管原位癌组织进行了单细胞RNA测序和空间转录组学实验，并将这些数据应用于细胞跋涉，结果表明细胞跋涉可以识别不同导管的肿瘤亚克隆细胞类型，以及邻近肿瘤区域的特定T细胞状态。

综上所述，细胞跋涉可以准确地绘制不同组织类型中的单细胞，并以此解决其空间组织问题。细胞跋涉也可以将单细胞映射到它们在组织中的空间坐标。

论文链接：

<https://www.nature.com/articles/s41587-022-01233-1>

注：此研究成果摘自《Nature Biotechnology》杂志，文章内容不代表本网站观点和立场，仅供参考。

扫一扫在手机打开当前页



打印本页

关闭窗口



版权所有：中华人民共和国科学技术部

办公地址：北京市西城区文兴东街1号国宾馆（过渡期办公）| 联系我们

邮政地址：北京市海淀区复兴路乙15号 | 邮政编码：100862

ICP备案序号：京ICP备05022684 | 网站标识码：bm06000001 | 建议使用IE9.0以上浏览器或兼容浏览器