华大基因
BGI

足不出户 尽享服务

10X Genomics单细胞RNA-Seq

上门服务，选华大基因！

选择华大的4大理由

专 业

专注单细胞技术15年，5000例以上的商业细胞处理经验；从事单细胞Droplet技术、微流控方向研究5年多，发表12篇的资深研发研发团队。

华大基因作为国内首个推出高通量单细胞RNA-Seq服务的公司，从成立至今，已开展单细胞测序技术服务长达15年时间。期间，合作伙伴遍布全球，多项科研成果在顶尖杂志《Cell》、《Nature Communications》等上发表。

懂 你

测序黑科技

BGISEQ自主测序平台采用联合探针锚定聚合（cPAS）和DNA 纳米球（DNB）核心测序技术，降低单拷贝的错误率。

亚群聚类分析、时空序列分析、差异表达热图分析、基因功能分析一网打尽！

分析升级

部分信息分析内容展示

细胞亚群分析以及不同细胞亚群之间的相关性统计分析

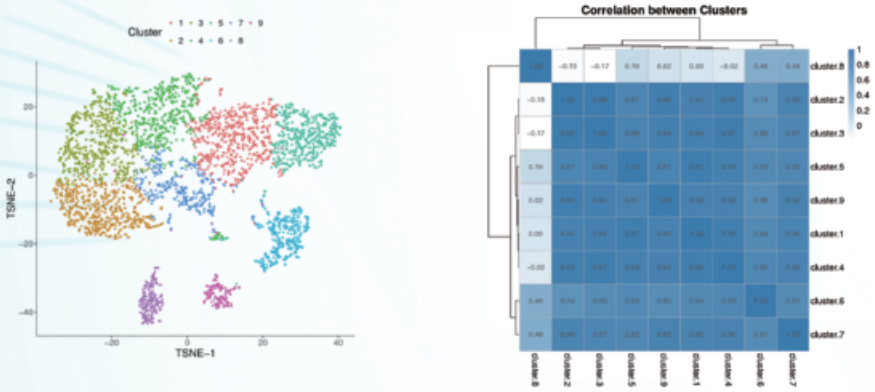

图1 根据不同细胞亚群的cluster中基因平均表达水平，计算cluster之间的相关性，可直观地理解各个细胞亚群之间的关系。

Marker基因在不同细胞亚群中的差异表达聚类分析

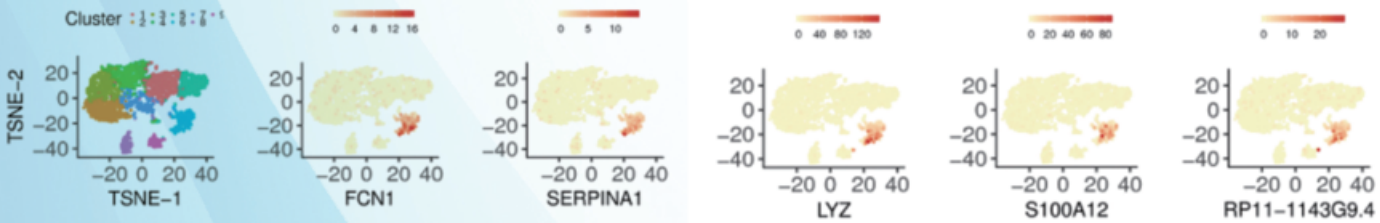

图2 根据筛选得到的marker gene，标记其在细胞中的表达情况，以便了解marker gene的特异性，推测该细胞亚群所属的细胞类型。

差异表达基因热图分析

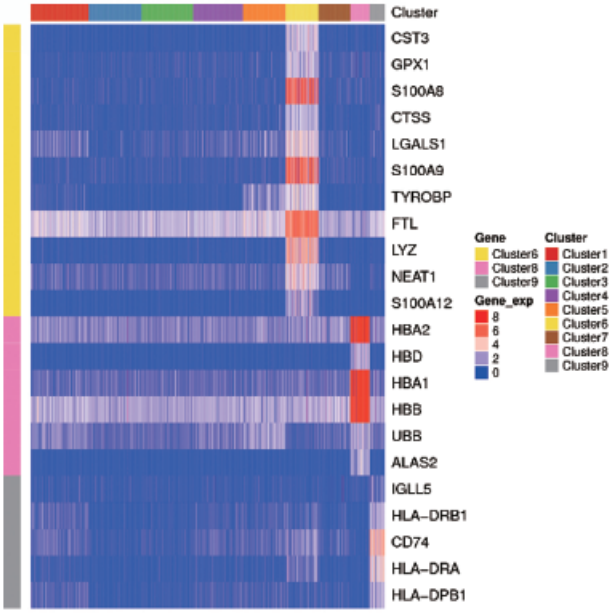

图3 对显著差异表达基因进行分析，通过热图分析可直观地展示marker gene在各个细胞亚群的表达情况。

基因功能分析

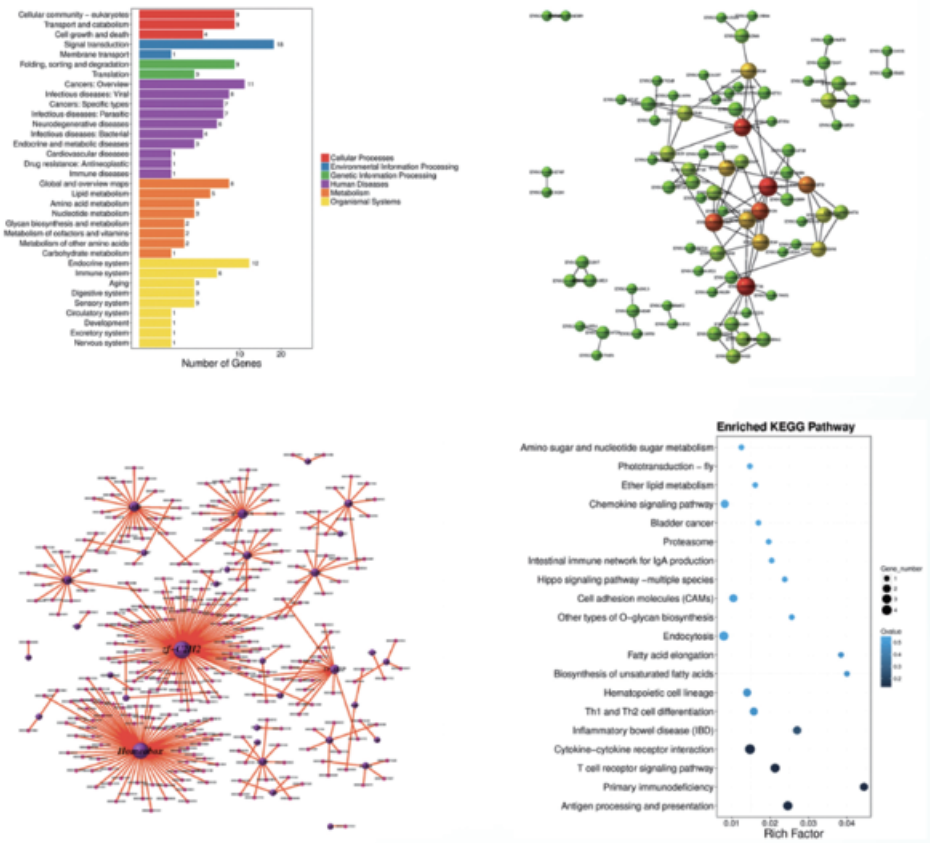

图5 KEGG富集分析、GO富集分析、转录因子分析、蛋白互作网络分析。

产品的应用方向

肿瘤方向的应用

肿瘤是一种非常复杂的细胞生态系统，了解肿瘤微环境中各细胞的表型，对于癌症进展和免疫治疗反应的研究都至关重要。利用单细胞RNA测序技术来对大规模的单一细胞进行测序研究，对肿瘤中的癌变细胞和非癌变细胞进行研究，比如血管细胞、免疫细胞和纤维状细胞等，绘制出肿瘤的细胞表型图谱，对肿瘤的早期诊断和治疗有十分重要的意义。

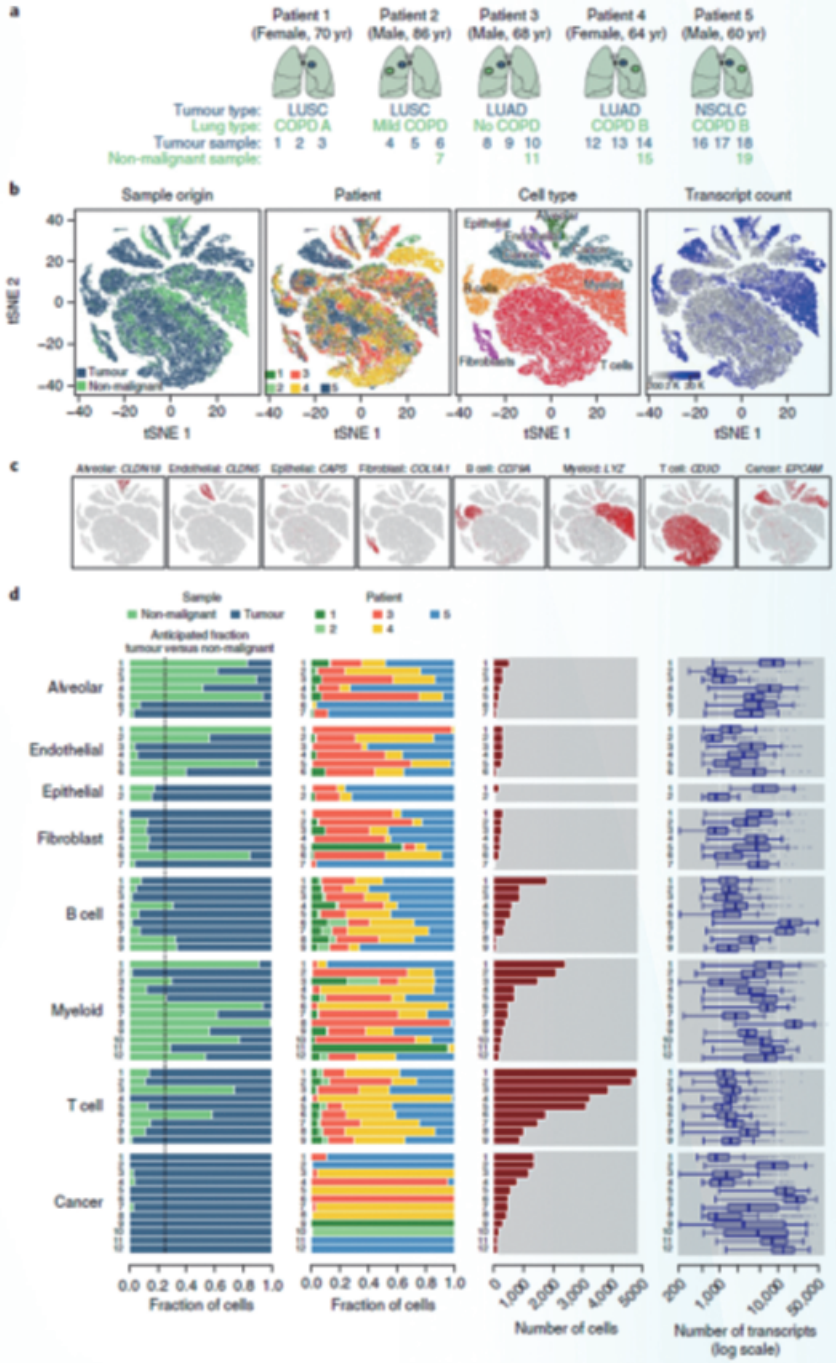

图6 对52,698个肺部肿瘤细胞以及远端的非恶性肺部细胞的综合分析； 不同的慢性阻塞性肺病的疾病分期及起源；根据不同的条件，对细胞进行亚群聚类分析；通过不同的marker基因对细胞亚群进行表达定量分析。[1]

免疫方向的应用

外周血中，除了血细胞以外，还有很多免疫细胞，这些免疫细胞与疾病息息相关，通过分析细胞亚群图谱，可以对疾病的治疗和愈后进行监测和指导。

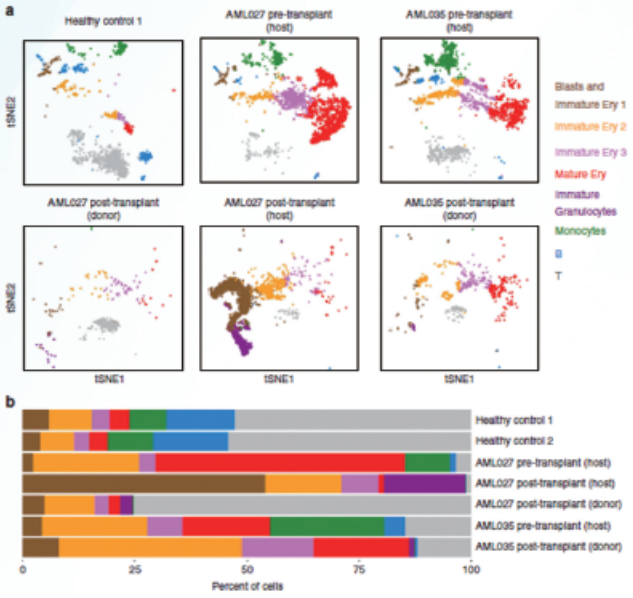

图7 基因分型以及移植后白血病人骨髓单核细胞的单细胞表达量分析图谱，从而辅助白血病人移植后的愈后检测。[2]

神经方向的应用

与多种实验技术结合，挖掘高度分化的神经元再生，从而辅助治疗神经退行性病变。

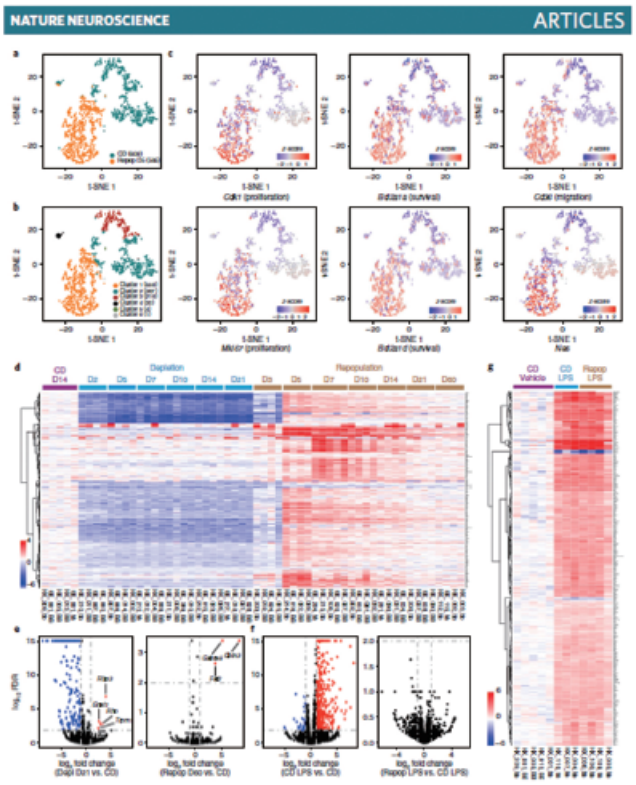

图8 基因分型以及移植后白血病人骨髓单核细胞的单细胞表达量分析图谱，从而辅助白血病人移植后的愈后检测。[2]

部分华大参与发表的单细胞相关文章

Paper	Journal	Time	Citation
Single-Cell Exome Sequencing and Monoclonal Evolution of a JAK2-Negative Myeloproliferative Neoplasm	*Cell*	2012/3/2	31.957
Single-Cell Exome Sequencing Reveals Single-Nucleotide Mutation Characteristics of a Kidney Tumor	*Cell*	2012/3/2	31.957
Discovery of biclonal origin and a novel oncogene SLC12A5 in colon cancer by single-cell sequencing	*Cell Research*	2014/4/4	12.413
Current Challenges in the Bioinformatics of Single Cell Genomics	*Frontiers in Oncology*	2014/1/27	
Single-cell sequencing reveals variants in ARID1A, GPRC5A and MLL2 driving self-renewal of human bladder cancer stem cells.	*European Urology*	2016/7/4	14.976
Evolution of multiple cell clones over a 29-year period of a CLL patient	*Nat Commun*	2016/12/16	11.330
Full-length single-cell RNA-seq applied to a viral human cancer: applications to HPV expression and splicing analysis in HeLa S3 cells.	*Gigascience*	2015/11/5	7.463
Tumor-selective replication herpes simplex virus-based technology significantly improves clinical detection and prognostication of viable circulating tumor cells	*Oncotarget*	2016/5/18	5.008
Single-cell RNA sequencing reveals dynamic changes in A-to-I RNA editome during early human embryogenesis.	*BMC Genomics*	2016/9/29	3.867
RNA-Seq Reveals the Angiogenesis Diversity between the Fetal and Adults Bone Mesenchyme Stem Cell	*PLoS One*	2016/2/22	3.057
Repopulated microglia are solely derived from the proliferation of residual microglia after acute depletion.	*Nautre Neuroscience*	2018/2/22	17.839

参考文献

[1] Lambrechts D, Wauters E, Boeckx B, *et al*. Phenotype molding of stromal cells in the lung tumor microenvironment[J]. *Nature Medicine*, 2018, 24(8): 1277.

[2] Zheng G X Y, Terry J M, Belgrader P, *et al*. Massively parallel digital transcriptional profiling of single cells[J]. *Nature Communications*, 2017, 8: 14049.

[3] Huang Y, Xu Z, Xiong S, *et al*. Repopulated microglia are solely derived from the proliferation of residual microglia after acute depletion[J]. *Nature Neuroscience*, 2018, 21(4): 530.

400-706-6615 | www.bgitechsolutions.com

info@genomics.cn | 深圳市盐田区洪安三街21号