

DNBelab C4 便携式单细胞系统 助力新冠病毒研究

便携式单细胞系统搭配DNBSEQ™系列测序平台，为大规模单细胞研究提供高质量和高效经济型的产品

■ 亮点



便携式

长 230mm 宽 42mm
高 57mm 重量 220g
无需电源，易于使用



准确性

低多胞率，高基因检测
灵敏度



一站式

从细胞悬液到单细胞分析
结果的一站式单细胞组学
产品

■ 背景

单细胞组学技术的发展，为我们理解系统生物学提供了强有力的工具。DNBelab C 系列细胞组学产品组合，基于独特的 DNBelab C 系列单细胞文库制备技术和强大的 DNBSEQ™ 测序技术，由 DNBelab C4 便携式单细胞系统、DNBelab C 系列单细胞 RNA 文库制备套装，搭配华大智造 DNBSEQ™ 系列测序平台，以及相关的单细胞分析软件构成，可实现便携式、即时化、一站式的单细胞组学研究全流程。

我们使用 DNBelab C4 单细胞系统对食蟹猴 9 个组织/器官进行了单细胞转录组测序分析，构建了 SARS-CoV-2 受体 (ACE2) 及其辅助因子 (TMPRSS2) 在 9 种组织/器官中的表达谱。本数据资源可以有效助力科学界对抗 SARS-CoV-2；从更广泛的角度来看，这也将有助于系统地进行比较研究，以了解食蟹猴与其他物种，尤其是与人类之间的生理和病理差异。



图1. 从细胞到数据的工作流程

■ 案例

实验方法

● 食蟹猴组织/器官的收集

从6岁的雌性食蟹猴中分离出组织/器官包括肺、肾、胰腺、肝、脑、甲状腺、腮腺、主动脉和外周血单核细胞，均保存在液氮中。

● 单细胞/细胞核悬液的制备

单细胞/细胞核的分离方法如参考文献所述 (Liu et al., 2019)，选用细胞重悬缓冲液进行重悬，制备1000cells/uL的单细胞悬液，以进一步制备单细胞文库。

● 单细胞/细胞核RNA测序

本项目使用DNBelab C系列单细胞RNA文库制备套装 (MGI, #1000021082)，方法步骤如前所述 (Liu et al., 2019; Zhu et al., 2020)，而后单细胞转录组文库在DNBSEQ平台开展PE100测序。

● 单细胞RNA测序数据分析

利用单细胞分析套件开展数据分析，使用STAR (版本2.7.4a) 与食蟹猴5.0基因组进行比对 (Dobin et al., 2013)，并通过sambamba (版本0.7.0) 进行序列排序 (Tarasov et al., 2015)，进一步使用PISA生成细胞与基因UMI矩阵 (Han et al., 2020)。

结果

本项目成功地对食蟹猴体内9种组织/器官进行了单细胞转录组图谱的构建。我们采用了华大智造DNBelab C4便携式单细胞系统，它是基于微流控技术的可扩展且经济高效的平台。除了PBMC使用悬浮细胞进行测序外，所有其他组织/器官的测序均采用细胞核文库完成。我们对215,334个细胞/细胞核进行了统一流形逼近与投影分析 (UMAP)，并采用Louvain聚类算法识别出44个主要的细胞亚群，如图2所示。

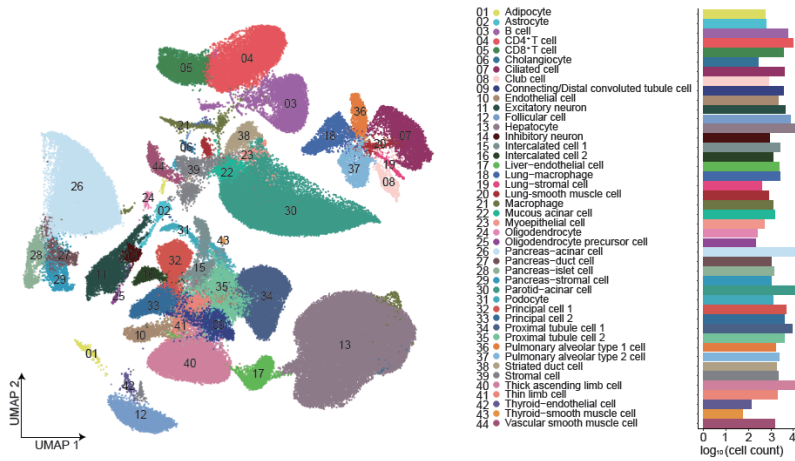


图2. 食蟹猴的单细胞图谱

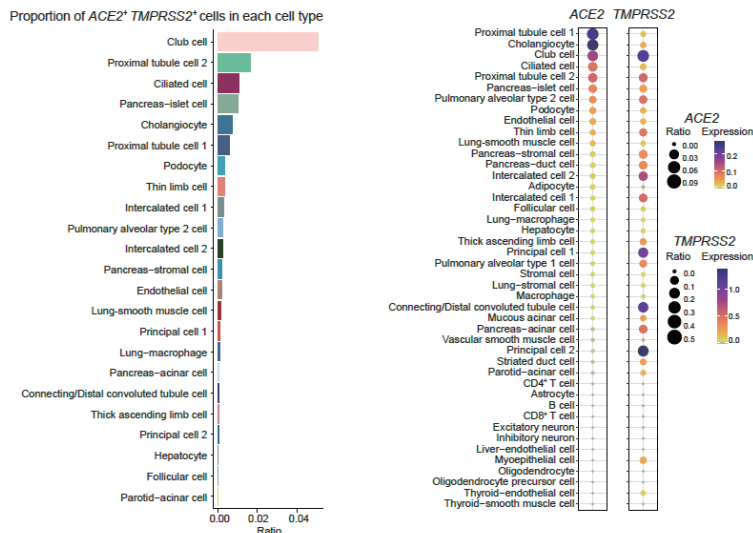


图3. 食蟹猴44个细胞亚群中的ACE2和TMPRSS2表达水平

我们还发现, *ACE2* 和 *TMPRSS2* 在食蟹猴的9个器官/组织中的多种细胞类型中均有表达, 其中主要是上皮细胞。另外, *ACE2* 不仅在肺上皮细胞, 而且在肾脏、肝脏和胰腺中也有高水平表达, 这提示了SARS-CoV-2可能感染的细胞类型(图3)。

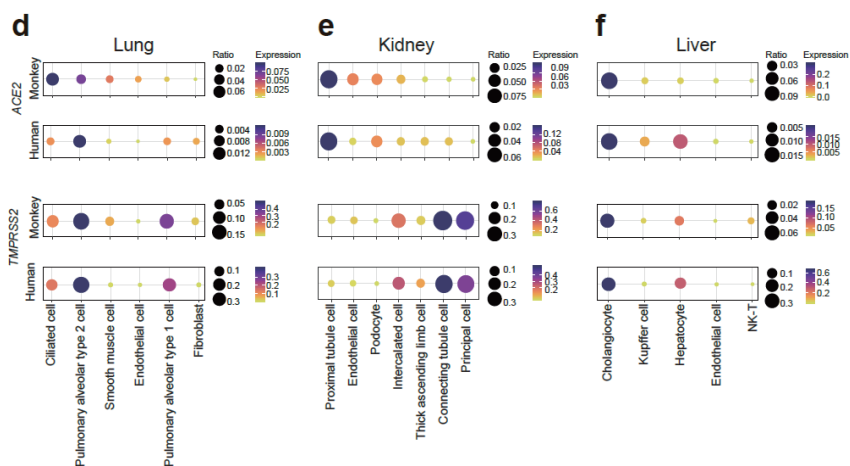


图4. *ACE2* 和 *TMPRSS2* 在食蟹猴和人不同细胞亚群中的表达水平分析

此外, 在通过人的单细胞数据的对比分析后, 我们发现 *ACE2* 在食蟹猴和人两个物种的肺、肾和肝细胞亚型之间的表达模式有明显差异, 而 *TMPRSS2* 在所有三种组织的细胞亚型中均表现出相似的表达模式(图4)。*ACE2* 在食蟹猴肺、肾和肝脏中各个细胞类型的表达水平与人的相对应的器官的细胞类型表达水平存在差异, 提示这两个物种对新冠病毒易感的细胞类型可能会有差别。

结论

在当前的应用案例中, 我们介绍了如何利用DNBelab C4构建单细胞转录组图谱。DNBelab C4与MGI DNBSEQ™系列基因测序仪结合使用, 可以经济高效地为大规模和高通量单细胞研究提供高质量数据。

订购信息

产品名称	规格	货号
DNBelab C系列单细胞RNA文库制备套装	16RXN	1000021082

* 一个文库制备套装将免费提供一个DNBelab C4便携式单细胞系统

参考文献

- Liu, C. et al. A portable and cost-effective microfluidic system for massively parallel single-cell transcriptome profiling. bioRxiv. 818450 (2019)
- Zhu, L. et al. Single-cell sequencing of peripheral blood mononuclear cells reveals distinct immune response landscapes of COVID-19 and influenza patients. Immunity. S1074-7613(20)30316-2 (2020)
- Dobin, A. et al. STAR: ultrafast universal RNA-seq aligner. Bioinformatics 29, 15-21 (2013)
- Tarasov, A. et al. Sambamba: fast processing of NGS alignment formats. Bioinformatics 31, 2032-2034 (2015)
- Han, L. et al. Single-cell atlas of a non-human primate reveals new pathogenic mechanisms of COVID-19. bioRxiv. 022103 (2020)

深圳华大智造科技股份有限公司

MGI-service@mgi-tech.com | www.mgi-tech.com | 4000-966-988 | 深圳市盐田区北山工业区综合楼及11栋2楼5

仅供研究使用

版权声明: 本手册版权属于深圳华大智造科技股份有限公司。未经本公司书面许可, 任何其他个人或组织不得以任何形式将本手册中的各项内容进行复制, 拷贝, 编辑或翻译为其他语言。本手册中所有商标或标识均属于深圳华大智造科技股份有限公司及其提供者所有。