

胚胎器官发生图谱构建中单细胞测序的应用

赵洵

中国科学院大学

0.01

August 3, 2019

摘 要

摘要

关键词：单细胞测序 器官发育 胚胎发育

1 引言

2 正文

2.1 单细胞 RNA 测序

DNA 测序技术在 40 年来飞速发展，从最初的 Sanger 测序到现在第二代和第三代例如 Illumina、PacBio、Nanopore 测序技术，已经极大的提高了测序通量并且降低了测序价格 (Shendure et al., 2017)。RNA 测序技术在 2008 年首次出现 (Cloonan et al., 2008)，在一年之后，即 2009 年，出现了单细胞 RNA 测序 (scRNA-seq)(Tang et al., 2009)。单细胞 RNA 测序既继承了高通量测序技术的优点，也在分辨率上从细胞群水平提高到了单个细胞的水平。

单细胞 RNA 测序大致分为四步。首先是将样品分为单个细胞或单个细胞核，再经过逆转录并对 cDNA 进行 PCR 扩增，最后进行测序。

常见的 RNA 测序方法有种，一共可以归为两类，一类为对 RNA 全长测序 (full-length)，一类为基于人工添加标签的测序 (tag-based)(Hedlund and Deng, 2018)。在面对不同生物学问题上两种类别各有优劣，全长测序有更高的敏感度和可重复性，标签法测序适用于更廉价的大规模测序 (Ziegenhain et al., 2017)。

3 讨论

3.1 讨论第一部分

讨论第一部分内容

4 结论

这是结论

参考文献

- Cloonan, N., Forrest, A. R. R., Kolle, G., Gardiner, B. B. A., Faulkner, G. J., Brown, M. K., Taylor, D. F., Steptoe, A. L., Wani, S., Bethel, G., Robertson, A. J., Perkins, A. C., Bruce, S. J., Lee, C. C., Ranade, S. S., Peckham, H. E., Manning, J. M., McKernan, K. J., and Grimmond, S. M. (2008). Stem cell transcriptome profiling via massive-scale mRNA sequencing. *Nature Methods; New York*, 5(7):613–9.
- Hedlund, E. and Deng, Q. (2018). Single-cell RNA sequencing: Technical advancements and biological applications. *Molecular Aspects of Medicine*, 59:36–46.
- Shendure, J., Balasubramanian, S., Church, G. M., Gilbert, W., Rogers, J., Schloss, J. A., and Waterston, R. H. (2017). DNA sequencing at 40: past, present and future. *Nature; London*, 550(7676):1–9.
- Tang, F., Barbacioru, C., Wang, Y., Nordman, E., Lee, C., Xu, N., Wang, X., Bodeau, J., Tuch, B. B., Siddiqui, A., Lao, K., and Surani, M. A. (2009). mRNA-Seq whole-transcriptome analysis of a single cell. *Nature Methods*, 6(5):377–382.
- Ziegenhain, C., Vieth, B., Parekh, S., Reinius, B., Guillaumet-Adkins, A., Smets, M., Leonhardt, H., Heyn, H., Hellmann, I., and Enard, W. (2017). Comparative Analysis of Single-Cell RNA Sequencing Methods. *Molecular Cell*, 65(4):631–643.e4.