

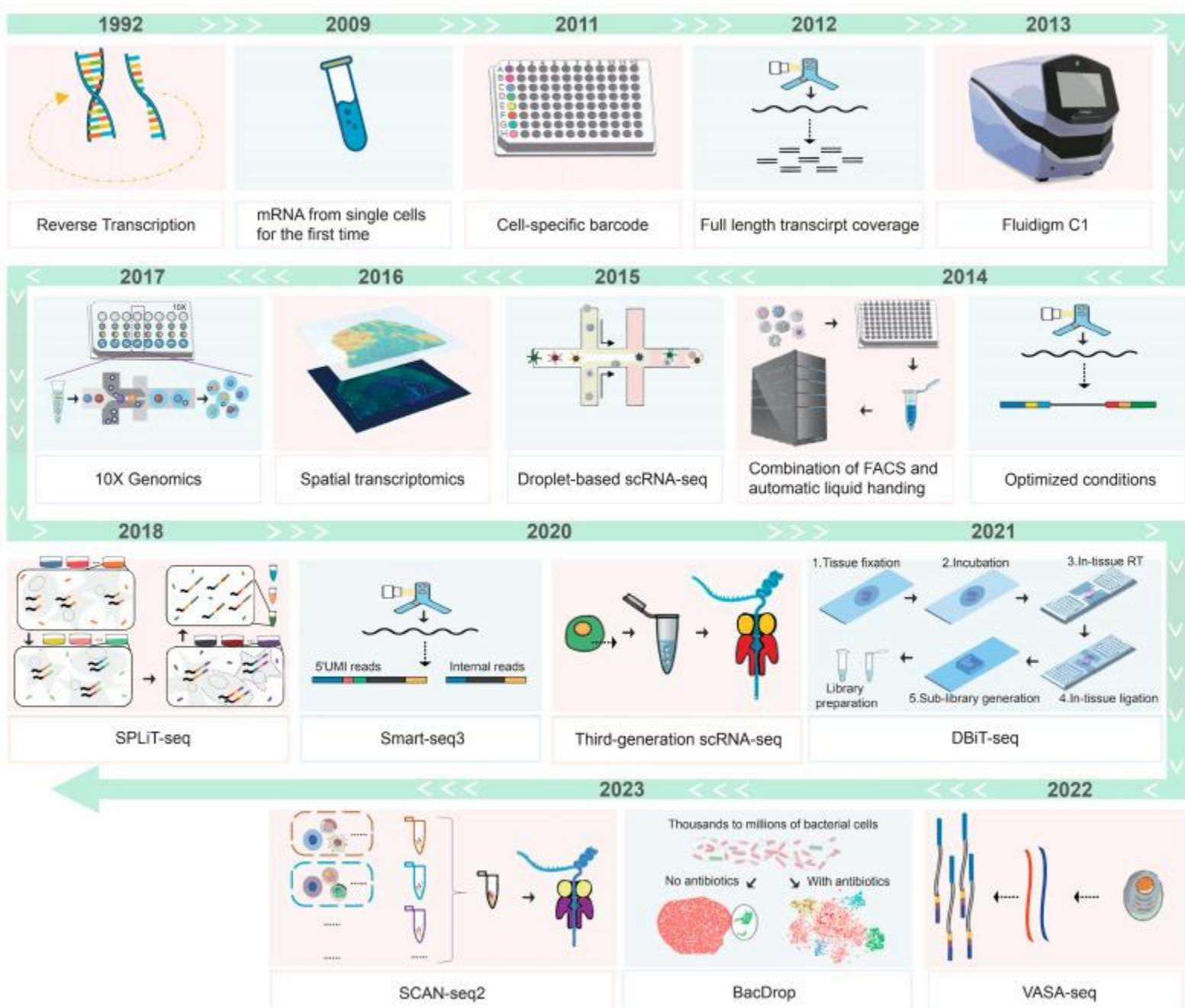


THE 3rd VIETNAM SCHOOL OF BIOLOGY (VSOB-3)

Advances and Applications Of Single Cell RNA-Seq in Infectious Disease Research

Presenter: NGUYEN THI LIEN HANH, PhD
Institute of Malaria, Parasitology and Entomology Quy Nhon

December 06th-08th, 2024, ICISE, Quy Nhon, Vietnam



Quá trình phát triển của công nghệ giải trình tự phiên mã tế bào đơn

1992, biểu hiện gen trong từng tế bào bằng phương pháp phiên mã ngược

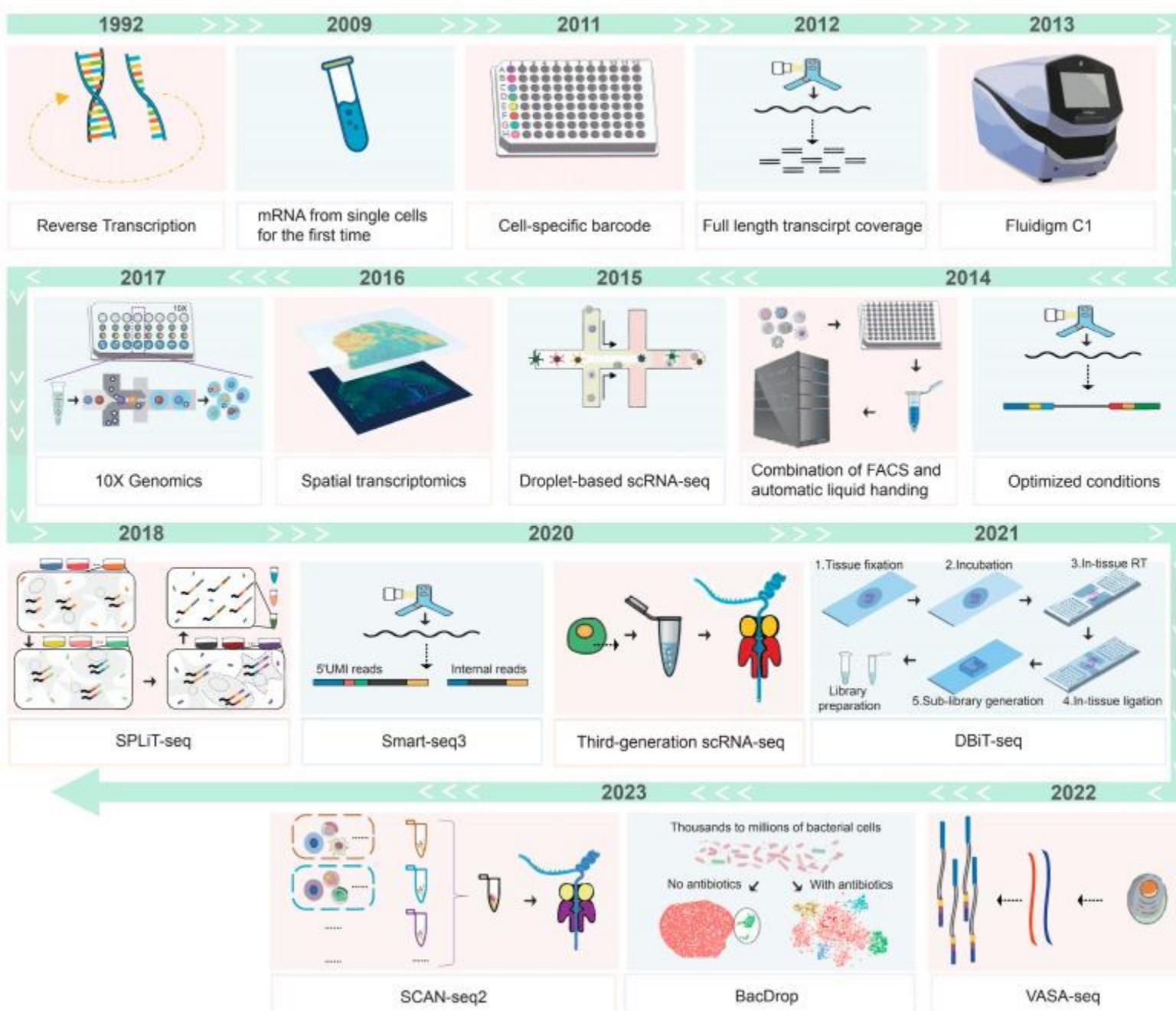
2009, giải trình tự thông lượng cao, lập hồ sơ phiên mã từ tế bào đơn.

Năm 2011, sự phát triển mã vạch tế bào trong quá trình phiên mã ngược

2012 với Smart-seq cho phép phát hiện toàn bộ chiều dài mRNA

Các công nghệ như Drop-seq và inDrop 2015 kết hợp vi lưu chất với RNA-Seq, giúp phân tích hiệu quả biểu hiện gen của hàng nghìn tế bào đơn bằng cách mã vạch hóa tế bào và hạt bead..

Huang K, et al. Biology (Basel). 2024 Jun 19;13(6):451.



Quá trình phát triển của công nghệ giải trình tự phiên mã tế bào đơn

Năm 2016, công nghệ phiên mã không gian đã xuất hiện.

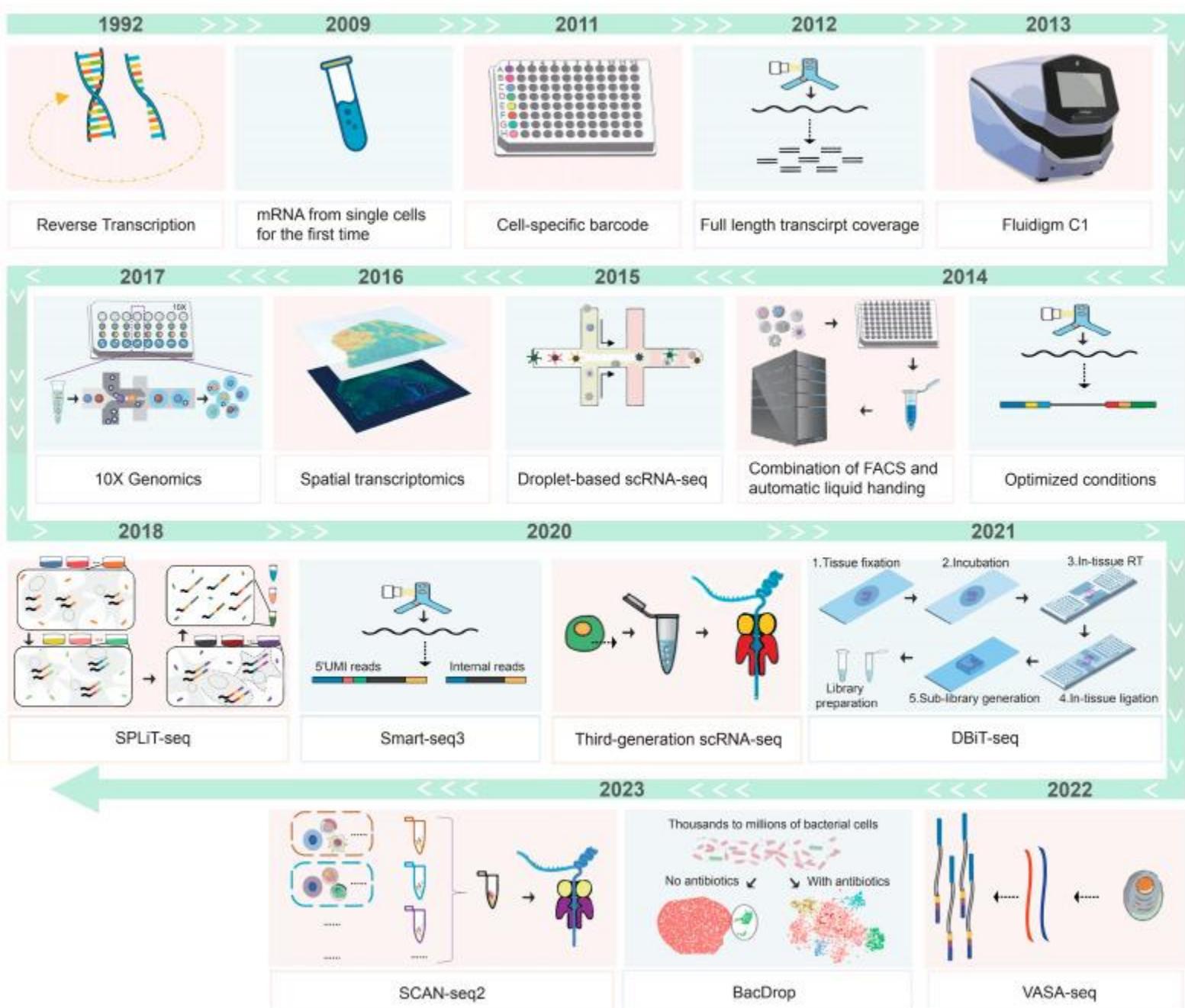
2017, công nghệ giải trình tự phiên mã tế bào đơn Genomics 10x dựa trên giọt

2018, SPLiT-seq hỗ trợ phân tích tế bào đa bào phức tạp.

2020, Smart-seq3 đã kết hợp phiên mã toàn bộ mRNA. SCAN-seq, một công nghệ scRNA-seq dựa trên giải trình tự thế hệ thứ ba

2021, công nghệ phiên mã không gian DBiT seq để phát hiện đồng thời mRNA và protein đã xuất hiện.

Huang K, et al. Biology (Basel). 2024 Jun 19;13(6):451.



Quá trình phát triển của công nghệ giải trình tự phiên mã tế bào đơn

VASA-seq (2022) cung cấp phạm vi bao phủ vượt trội của vùng intron và RNA không mã hóa

BacDrop (2023) cho phép giải trình tự vi khuẩn quy mô lớn, có khả năng phát hiện đồng thời hàng triệu loài Gram âm và Gram dương và tương tác của chúng.

Năm 2023, công nghệ được cập nhật thành SCAN-seq2, dựa trên nền tảng nanopore. Công nghệ này có thông lượng và độ nhạy cao, cho phép phát hiện các bản sao toàn bộ tế bào đơn lẻ với độ dài cDNA lên tới 1,5–3 kbp trước khi xây dựng thư viện.

Huang K, et al. Biology (Basel). 2024 Jun 19;13(6):451.



Ứng dụng của công nghệ giải trình tự phiên mã tế bào đơn

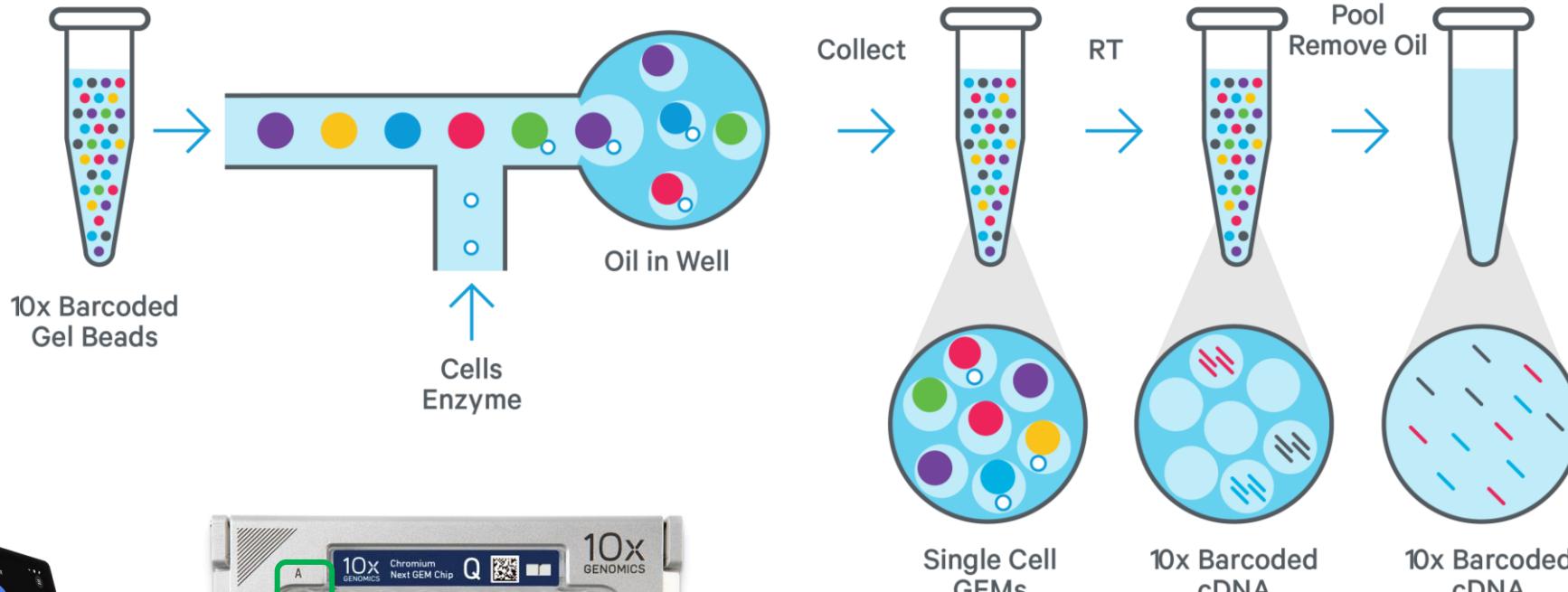
- Xây dựng bản đồ tế bào quy mô lớn ở loài linh trưởng không phải người, khỉ Rhesus
- Nghiên cứu ung thư
- Nghiên cứu khoa học thần kinh
- Sinh học phát triển
- Xác định các nhóm tế bào hiếm
- Nghiên cứu tế bào gốc
- Nghiên cứu vi sinh học
- Kháng thuốc ở tế bào ung thư.
- Tích hợp và sử dụng các tập dữ liệu tế bào đơn

Huang K, et al. Biology (Basel). 2024 Jun 19;13(6):451.

Chromium Single Cell (PolydT capture)

Nguyên lý?

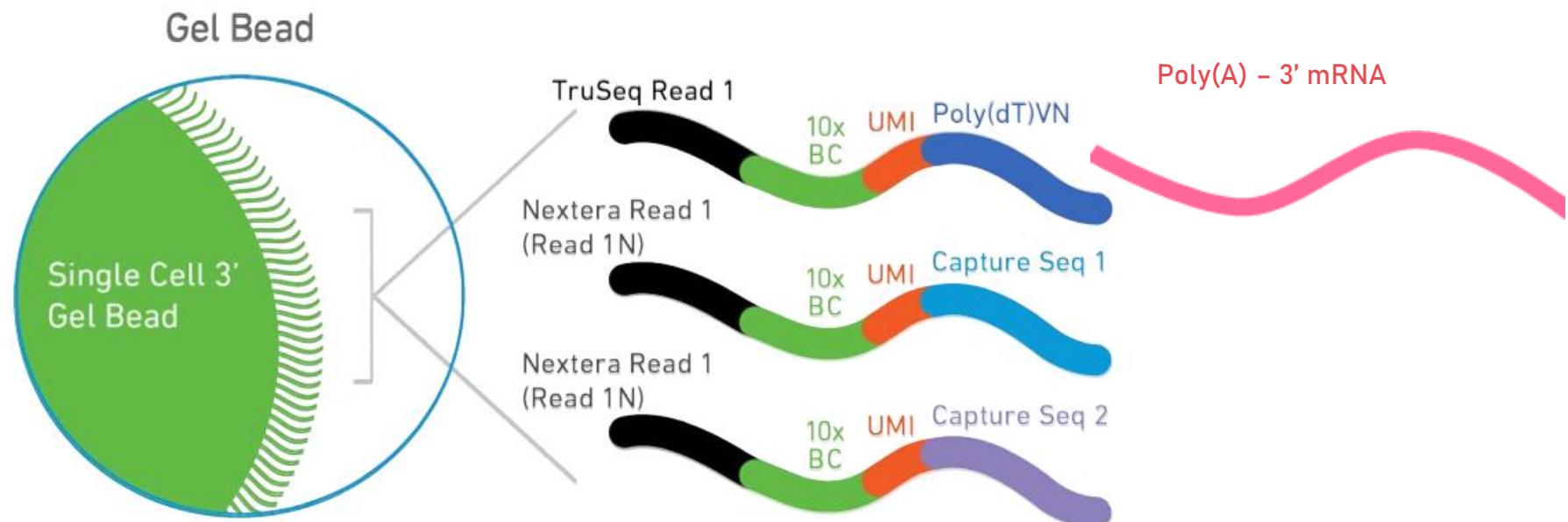
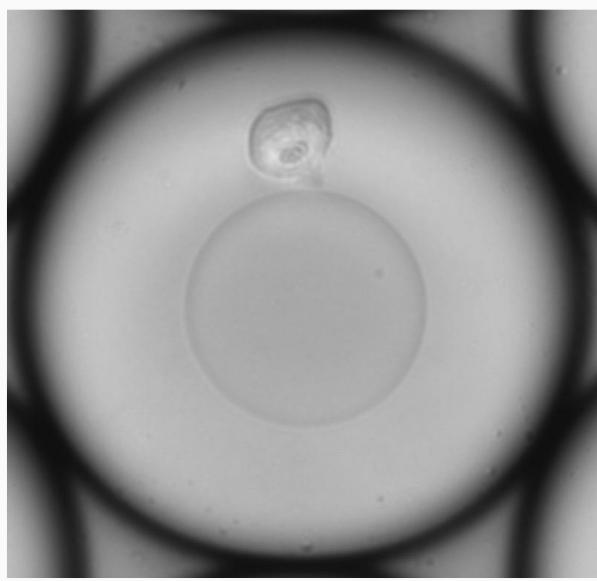
1. **Droplet Microfluidics (công nghệ vi giọt)** giúp phân lập tế bào vào từng giọt phản ứng riêng lẻ
2. **Gel Bead** chứa các Oligo bắt các mRNA tạo thư viện



	Sample throughput	Cell throughput
Standard throughput	1 sample/channel 8 samples/chip	10,000 cells per channel 80,000 cells per chip

Chromium Single Cell (PolydT)

Nguyên lý hoạt động?



10x barcode (cell barcode)

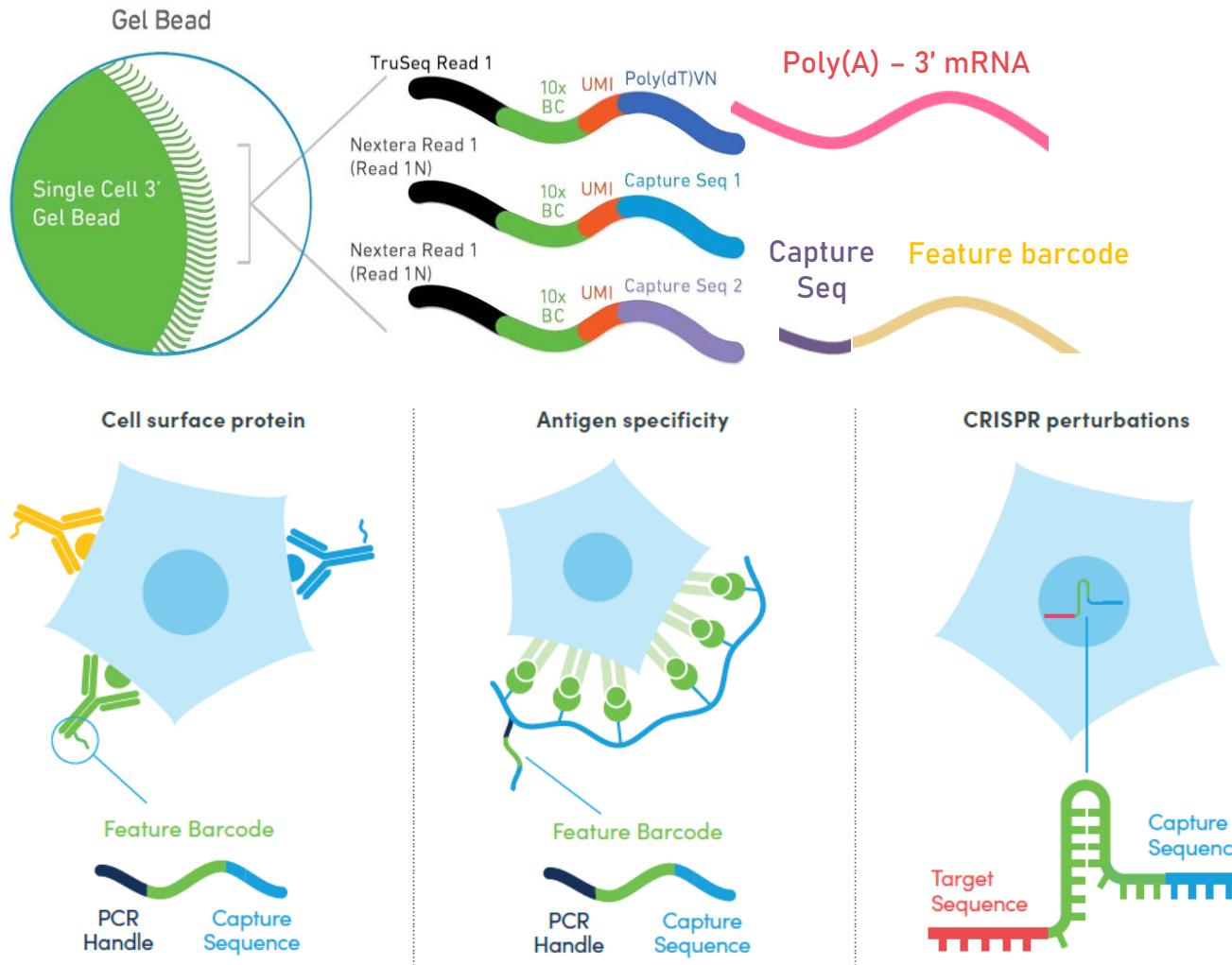
- Phân biệt thư viện/data giữa các tế bào khác nhau
 - ~3.6 M loại 10X barcode khác nhau

UMI - Unique Molecular Identifier (12nt)

- Đặc trưng cho từng oligo trên bề mặt gel bead
 - Hàng triệu Oligo, tương ứng có hàng triệu UMI khác nhau trên bề mặt Gel-Bead
 - Đếm số copies của mỗi loại RNA

Chromium Single Cell (Feature barcode)

Nguyên lý?



Capture Seq 1

- Phân tích Protein bề mặt+ Antigen

Capture Seq 2

- Phân tích CRISPR
- Ứng dụng trong Cellplex

Chromium Single Cell (Probe-based)

Fixed RNA Profiling (Flex)

Phá bỏ các rào cản trong quy trình xử lý mẫu:

- Dễ dàng tiếp cận **số lượng mẫu lớn hơn, nhiều loại mẫu hơn**, và **các thiết kế thí nghiệm phức tạp hơn**.
- Đơn giản việc **gộp mẫu** để cải thiện hiệu quả và công suất
- Cố định trạng thái mẫu tại thời điểm thu nhận, **khóa trạng thái sinh học** và **bảo toàn những tế bào dễ vỡ**



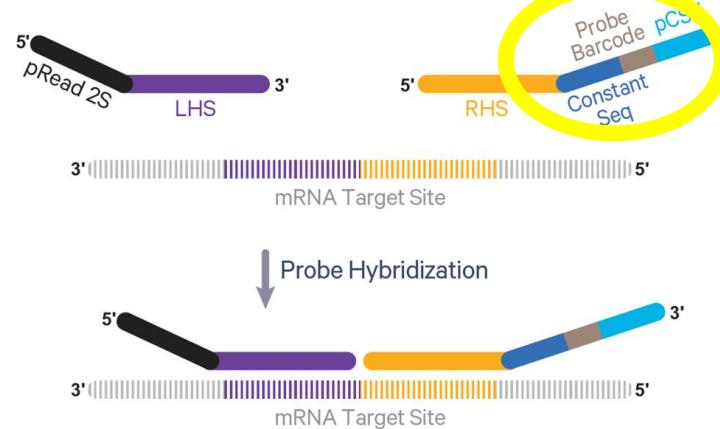
Chromium Single Cell (Probe-based)

Flex- Nguyên lý?

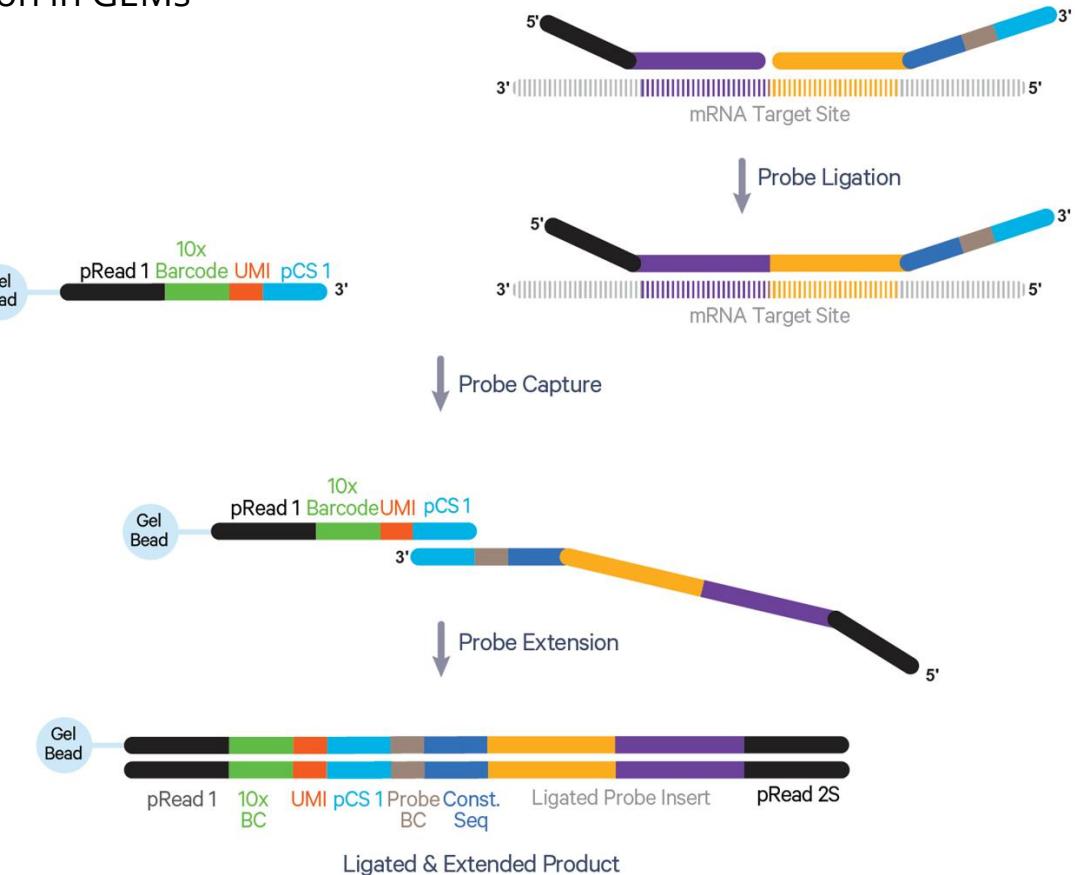
Fix & Permeabilize Samples



Probe Hybridization

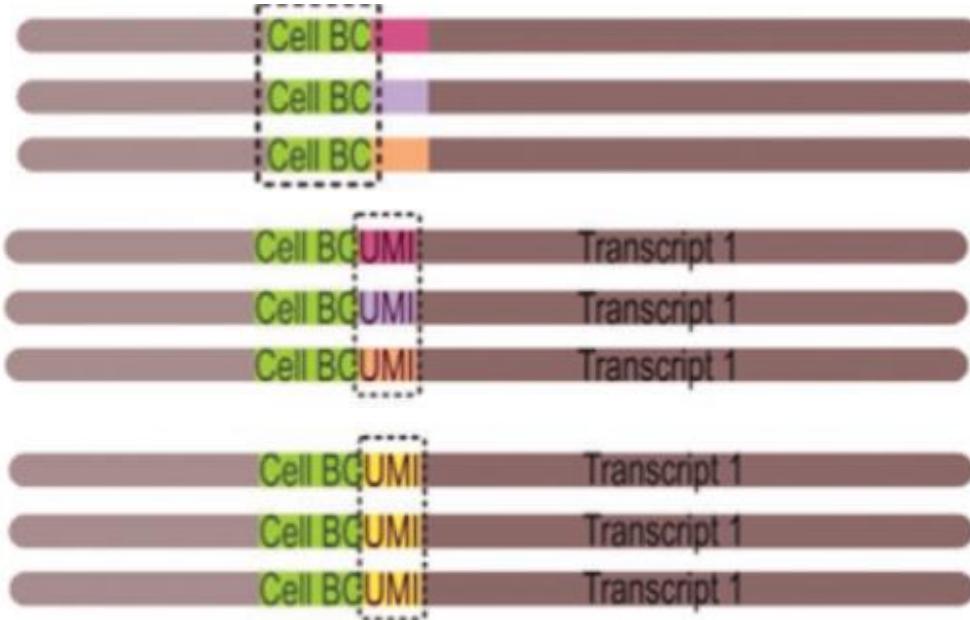


Reaction in GEMs



Chromium Single Cell

Mã hóa dữ liệu



Cùng cell barcode -> đến từ cùng tế bào

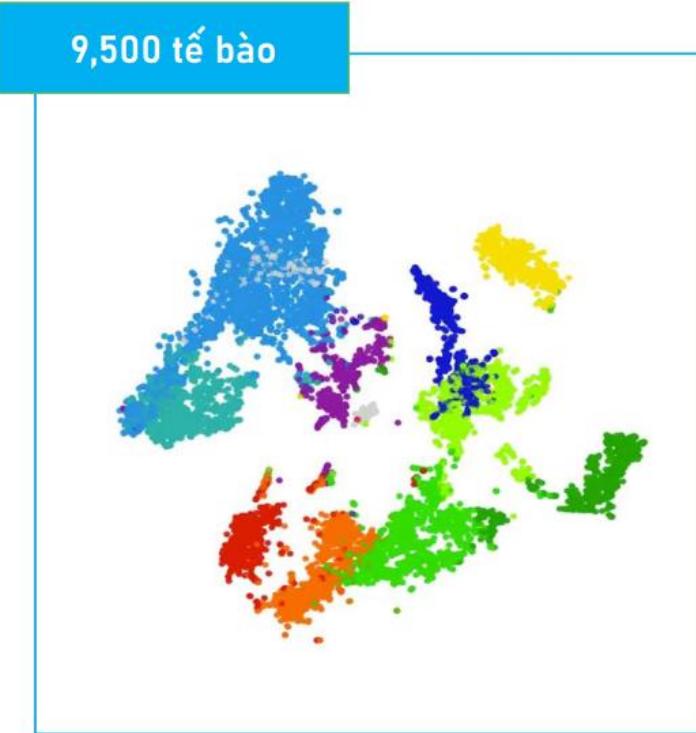
Cùng transcript, khác UMI -> 1 gen phiên mã tạo 3 copies

Cùng transcript, cùng UMI -> 1 copy được PCR khuếch đại

	Cell 1	Cell 2	Cell 3	...	Cell N
Gene 1	3	15	2	.	4
Gene 2	0	5	8	.	16
Gene 3	14	0	1	.	2
...
Gene M	25	3	1	.	2

Chromium Single Cell

Biểu diễn dữ liệu



CD 14 Monocytes

CD 16 Monocytes

Dendritic Cells

CD8 Effector Memory Cells

CD4 memory T Cells

CD8 memory T Cells

Naïve CD4 T cells

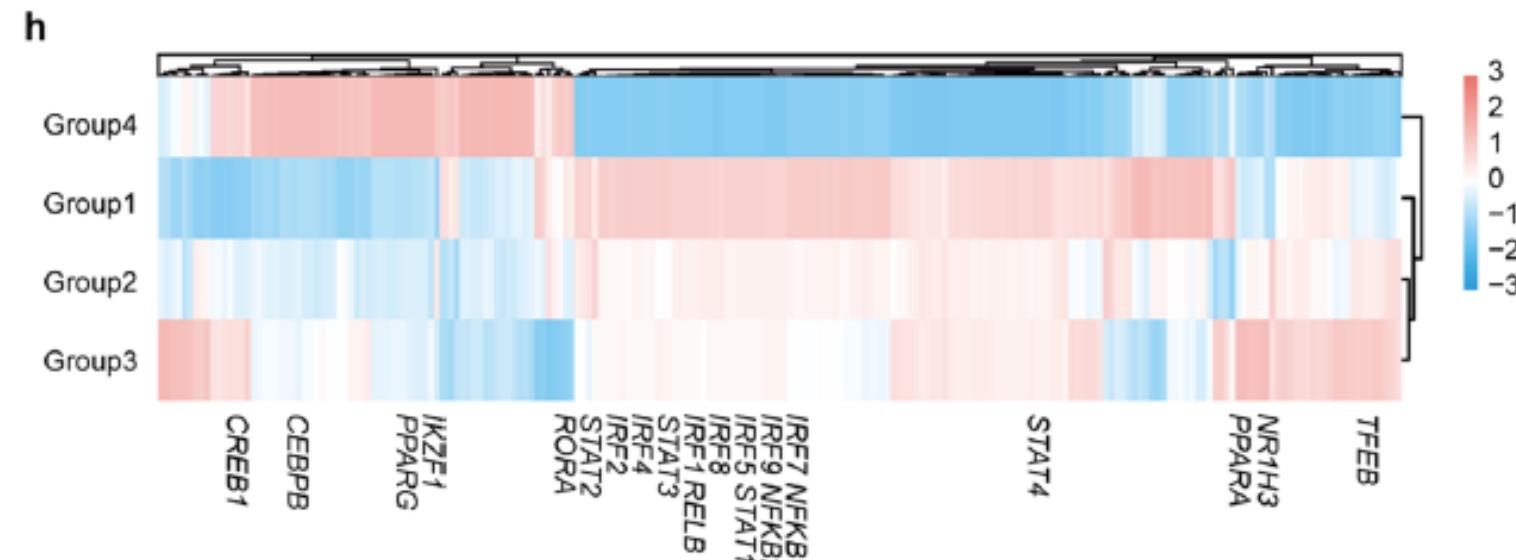
Naïve CD8 T cells

Natural Killer cells

B cells

Other

1. Dữ liệu được biểu diễn trong không gian giảm chiều, mỗi chấm tròn là một tế bào
2. Các tế bào có hệ biểu hiện gen tương tự nhau thì nằm gần nhau
3. Phân loại được từng loại tế bào, chọn được từng loại gen cần phân tích
4. Biểu đồ heatmap theo mức độ biểu hiện của gen



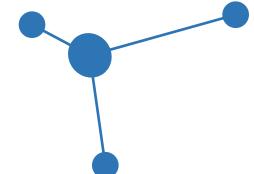
Chromium Single Cell

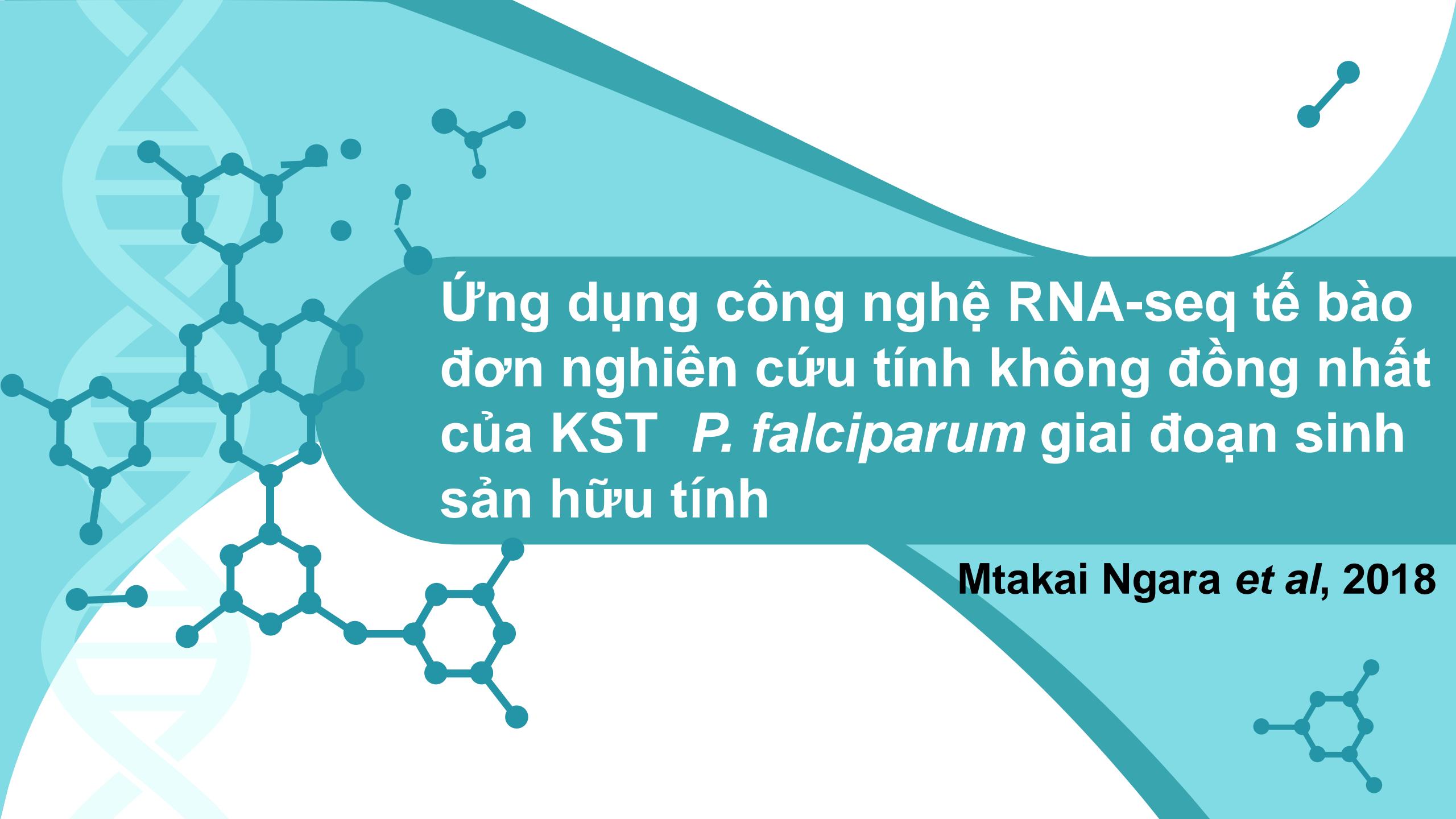
Phần mềm phân tích+ Biểu diễn số liệu (Miễn phí)

	Single Cell Gene Expression	Single Cell Immune Profiling	Single Cell ATAC	Single Cell Multiome ATAC+GEX	Single Cell DNA	Spatial Gene Expression
Analysis	Cell Ranger	Cell Ranger	Cell Ranger ATAC	Cell Ranger ARC	Cell Ranger DNA	Space Ranger
Visualization	Loupe Browser	Loupe Browser + Loupe VDJ Browser	Loupe Browser	Loupe Browser	Loupe scDNA Browser	Loupe Browser

Ứng dụng GTT tế bào đơn trong NC ký sinh trùng sốt rét

- 01 Khám phá tính không đồng nhất của ký sinh trùng bằng công nghệ RNA-seq tế bào đơn của KST *P. falciparum* giai đoạn sinh sản hữu tính
- 02 Bản đồ tế bào sốt rét: Các bản sao ký sinh trùng đơn lẻ trong toàn bộ vòng đời của *Plasmodium*
- 03 Ứng dụng scRNA-seq để xác định biến thể phiên mã trong giai KSTSR trong cơ thể muỗi



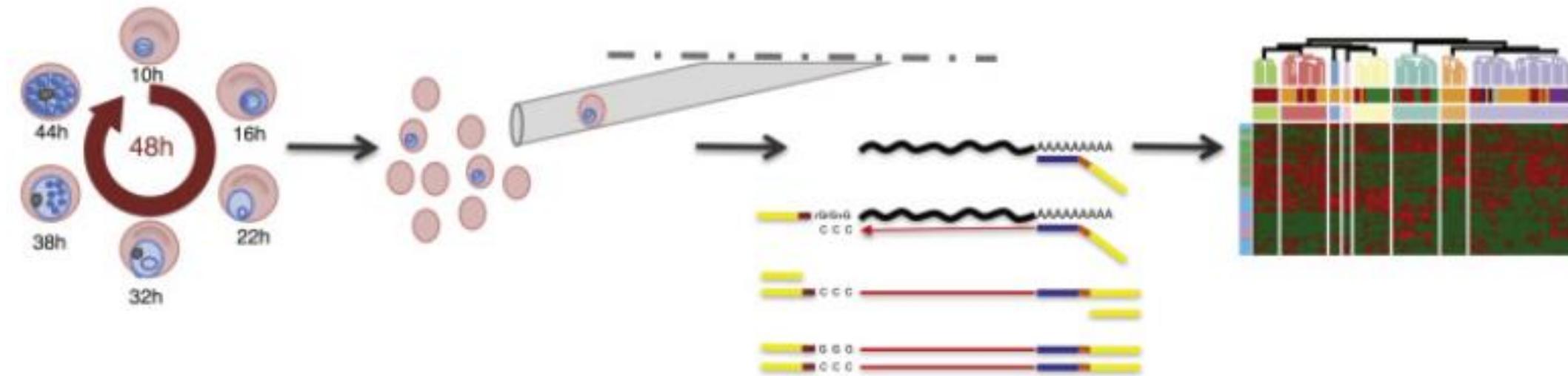


Ứng dụng công nghệ RNA-seq tế bào đơn nghiên cứu tính không đồng nhất của KST *P. falciparum* giai đoạn sinh sản hữu tính

Mtakai Ngara et al, 2018

Phân tích phiên mã trong quần thể và đơn lẻ của tế bào hồng cầu bị nhiễm *P.falciparum*

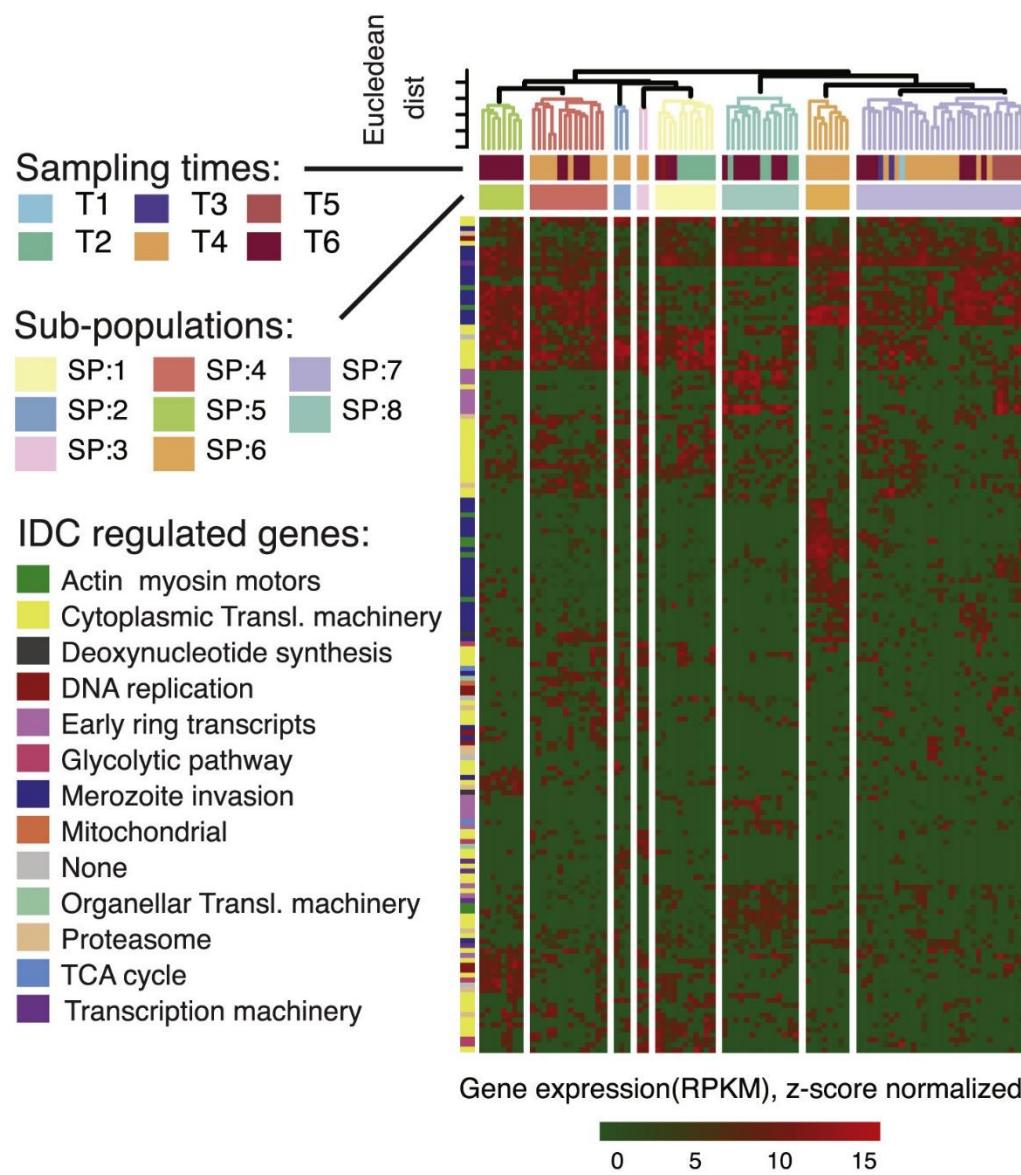
A Phương pháp chuẩn bị mẫu



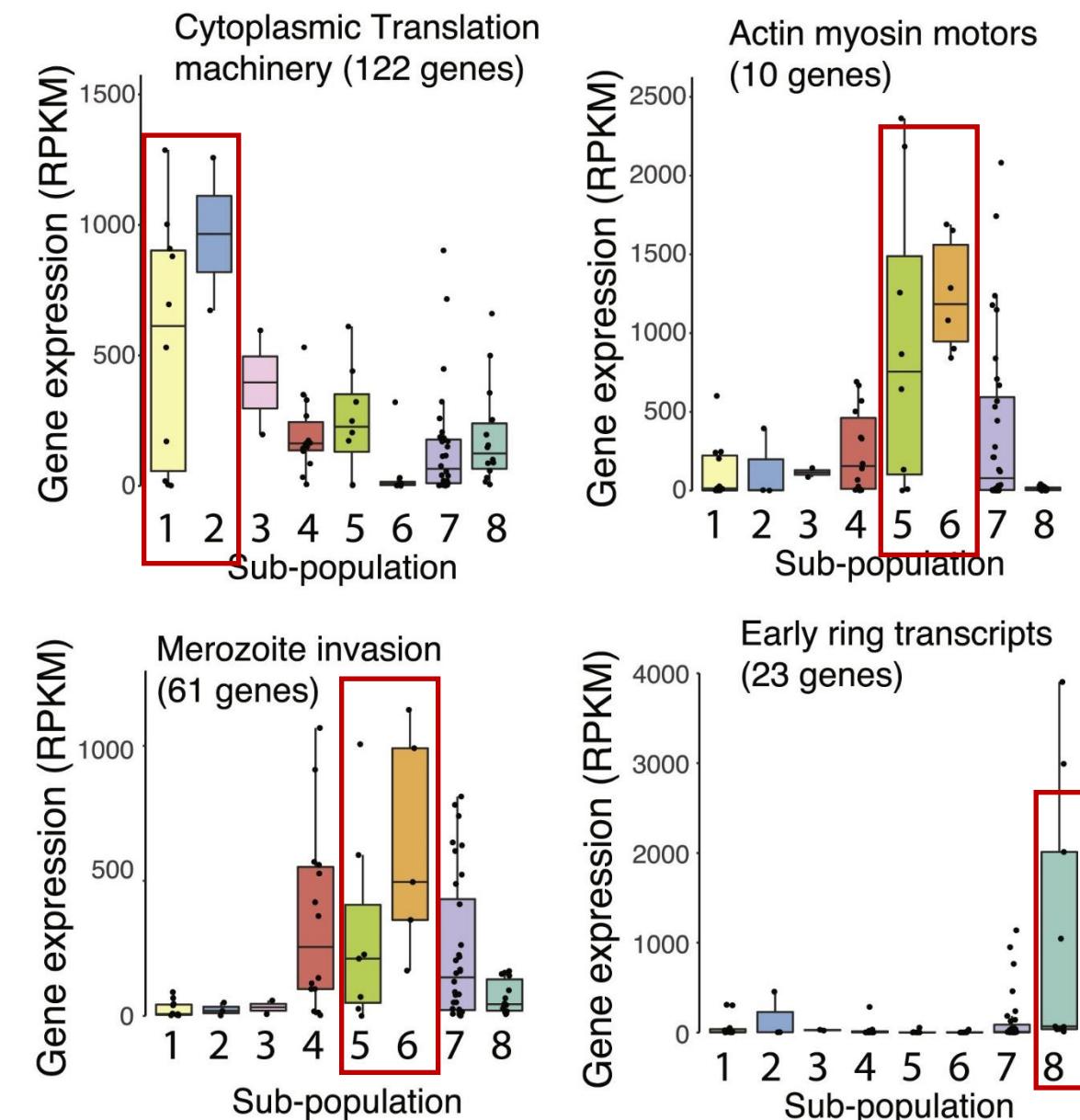
Hồng cầu tại 6 thời điểm trong 48h, Poly A+ mRNA thu thập bằng Smart-seq2 (sử dụng với thuốc nhuộm huỳnh quang). Ước tính mức độ biểu hiện gen và sự tương đồng

Dữ liệu phiên mã của các ký sinh trùng đơn lẻ

A

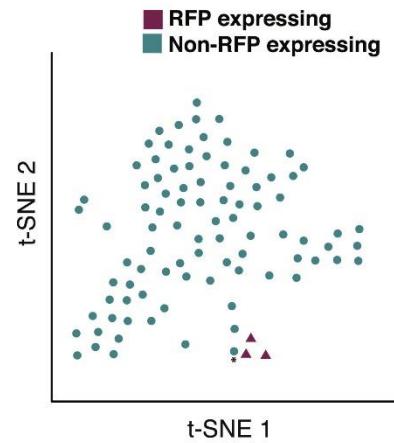


B

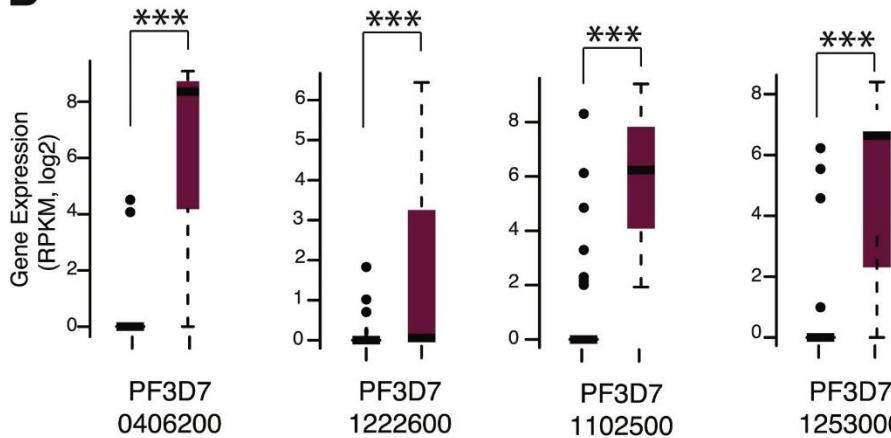


Biểu hiện của các gen liên quan đến phát triển giao bào

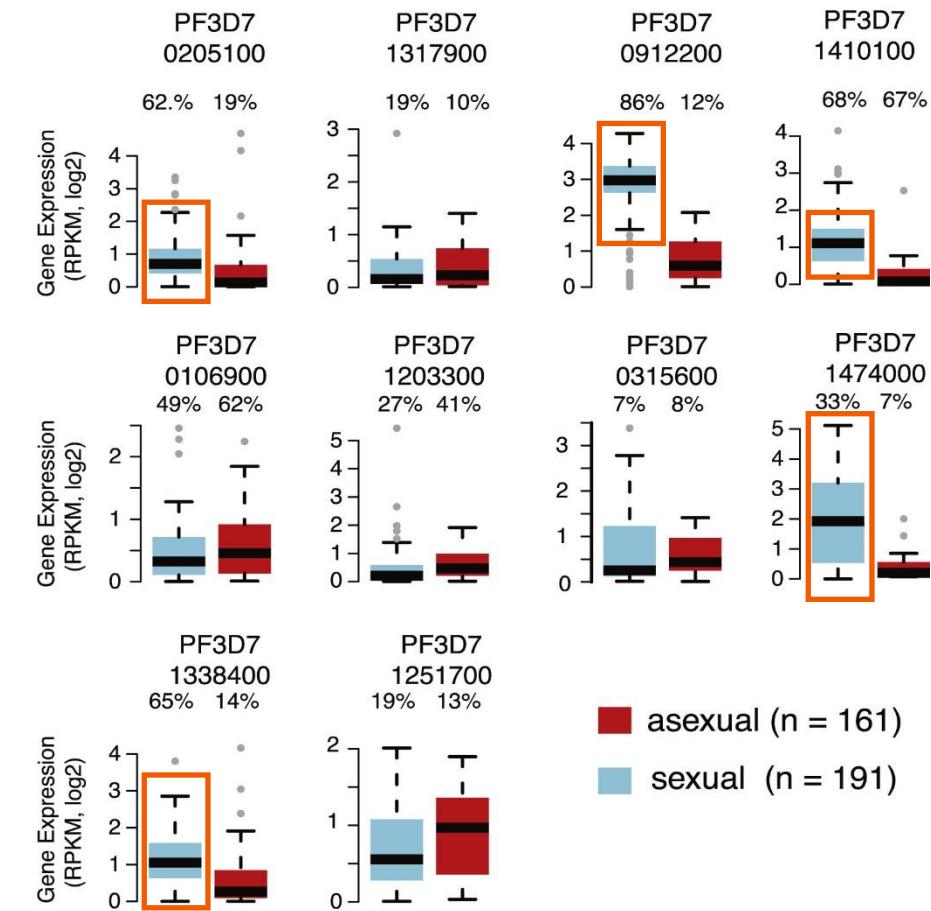
A



B

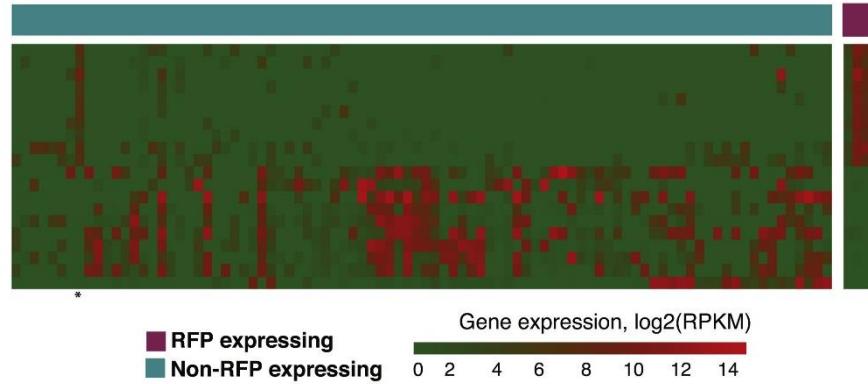


E

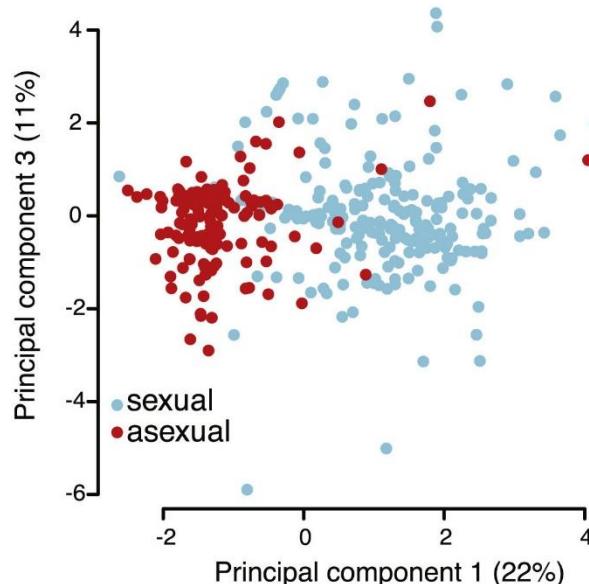


Ret finger protein(RFP)

C



D



RPF: là gen liên quan đến sự sắp xếp DNA và tạo ra sự biến đổi, tham gia vào quá trình phát triển và biệt hóa tế bào



RESEARCH ARTICLE



The Malaria Cell Atlas: Single parasite transcriptomes across the complete *Plasmodium* life cycle

VIRGINIA M. HOWICK , ANDREW J. C. RUSSELL , [...] MARA K. N. LAWNICZAK

+14 authors

[Authors Info & Affiliations](#)

SCIENCE • 23 Aug 2019 • Vol 365, Issue 6455 • DOI: 10.1126/science.aaw2619

- (i) Làm rõ chức năng và cách sử dụng các gen trong suốt vòng đời KSTSR
- (ii) Hiểu các cơ chế điều hòa gen cơ bản trong quá trình chuyển đổi phát triển,

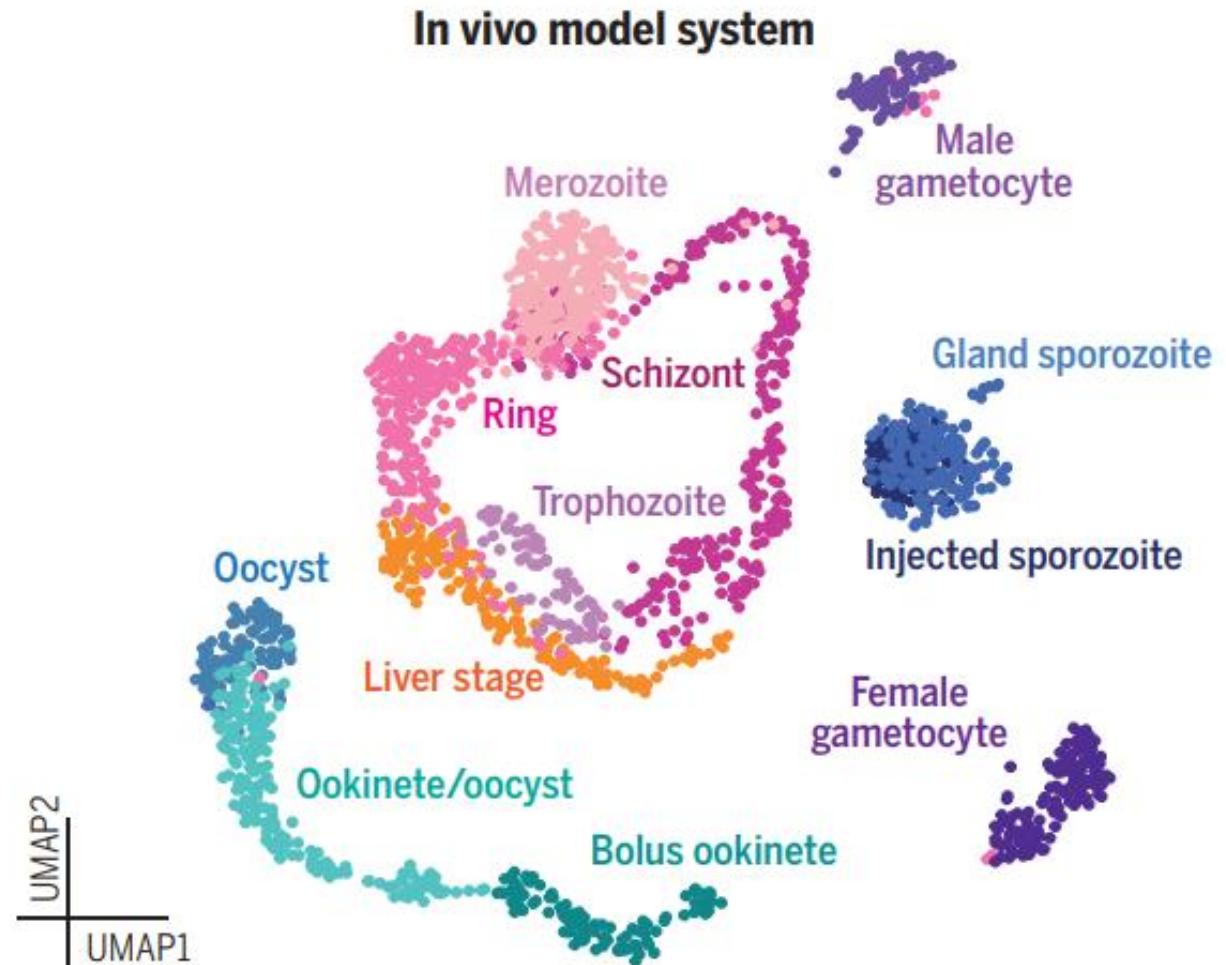
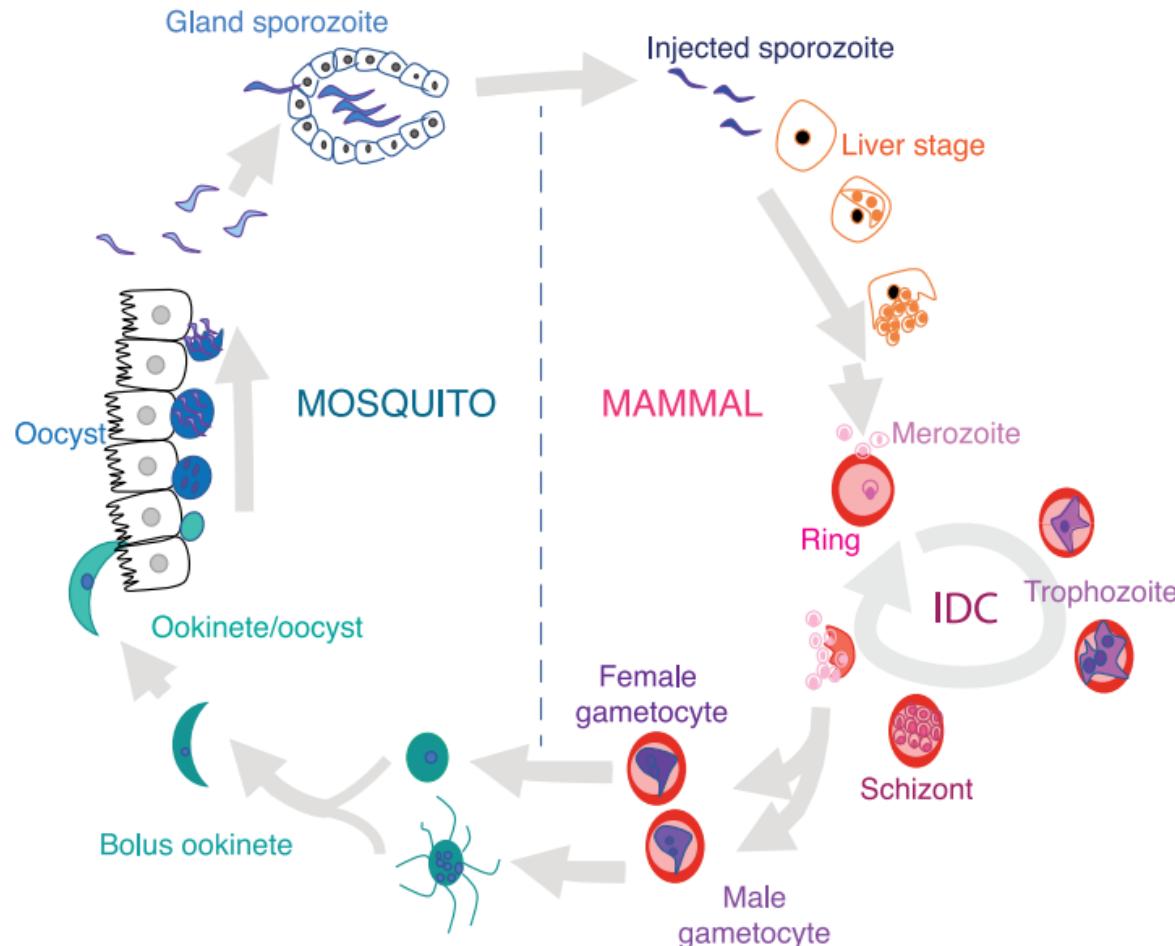
- (iii) Khám phá các mô hình bảo hiểm rủi ro của ký sinh trùng
- (iv) Cung cấp dữ liệu tham khảo nhằm hiểu rõ cơ chế sinh học ký sinh trùng trong các nghiên cứu trong phòng thí nghiệm và nhiễm trùng tự nhiên cho nhiều loài *Plasmodium*.

Malaria Cell Atlas của Howick (2019)

1) Thu thập dữ liệu đầu vào:

P. berghei (all stage) \Rightarrow Smart-Seq2 \Rightarrow 1,787 transcriptomes

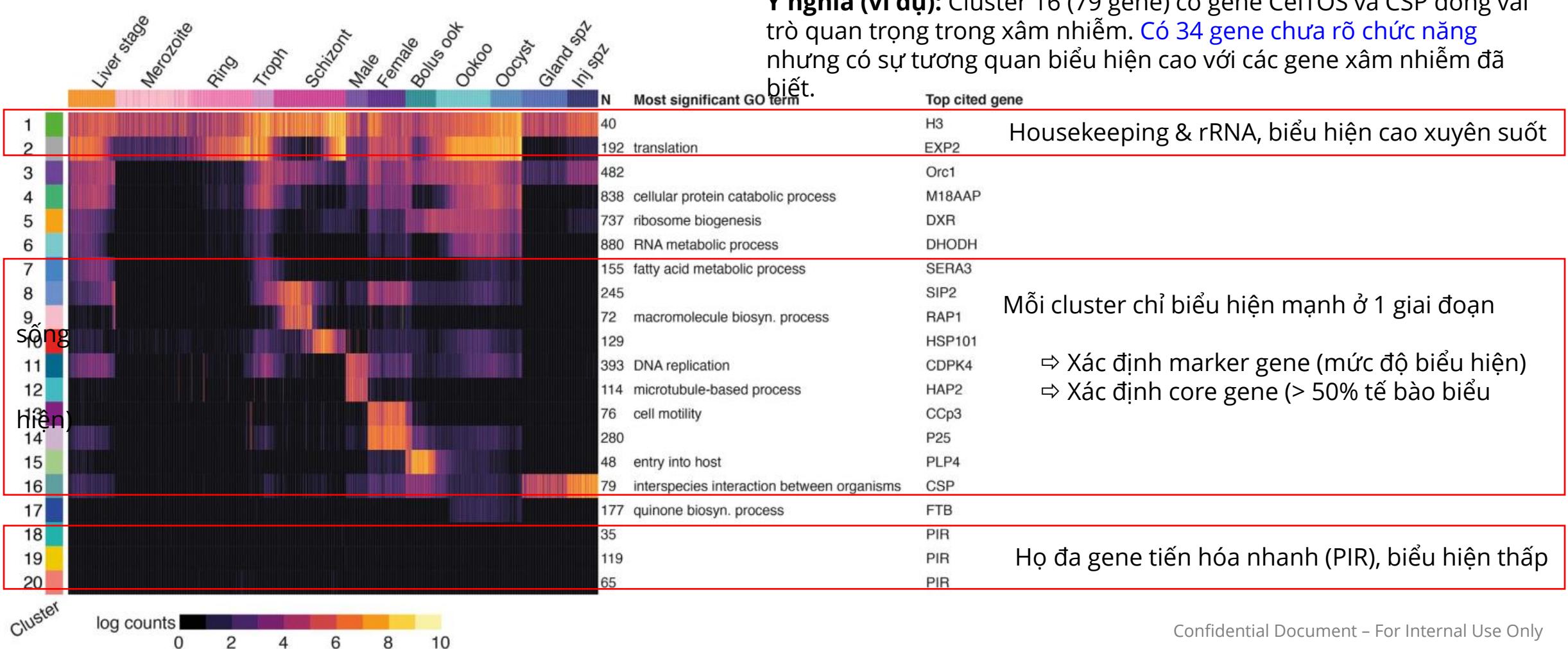
DOI: [10.1126/science.aaw2619](https://doi.org/10.1126/science.aaw2619)



Malaria Cell Atlas của Howick (2019)

2) Phân tích dữ liệu:

5,156 genes \Rightarrow k-NN graph \Rightarrow 20 cluster \Rightarrow Heatmap



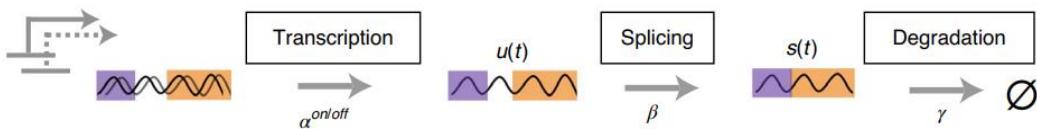
Malaria Cell Atlas của Howick (2019)

Nghiên cứu mở rộng trên 10X Chromium

2) Phân tích dữ liệu (tt):

Phân tích RNA velocity (trái) và vẽ đồ thị so sánh kiểu mẫu phiên mã 3 loài (phải)

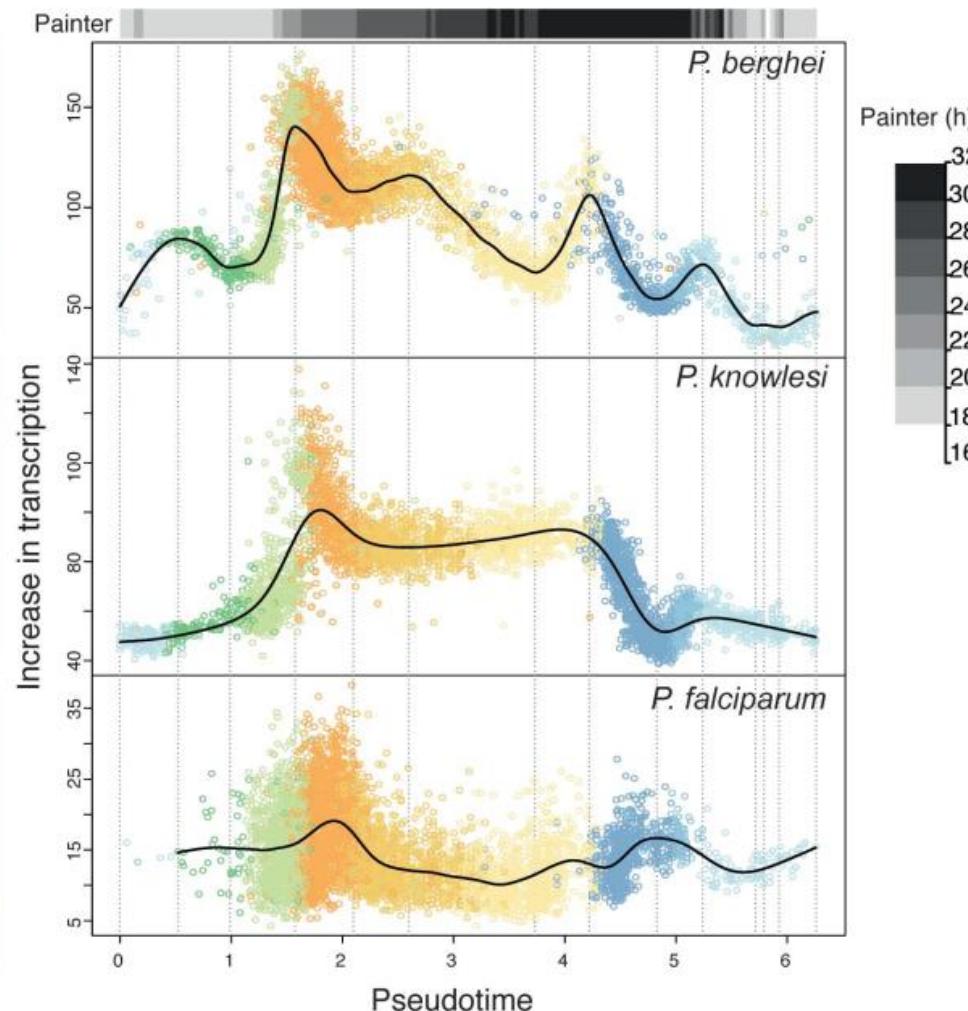
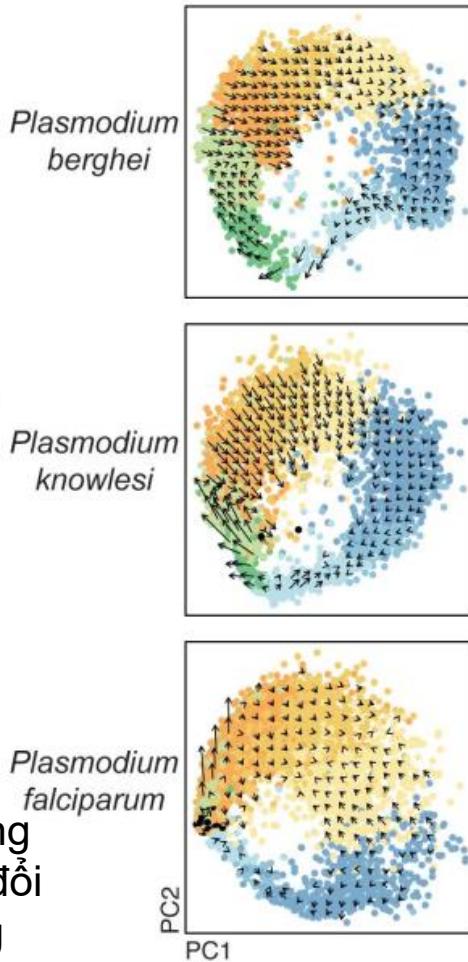
RNA velocity: Phương pháp mô tả tốc độ thay đổi biểu hiện gene của 1 gene tại 1 thời điểm nhất định dựa trên tỷ lệ sliced mRNA và unsliced mRNA.



$$\begin{aligned} \frac{du}{dt} &= \alpha(t) - \beta(t)u(t) \\ \frac{ds}{dt} &= \beta(t)u(t) - \gamma(t)s(t) \end{aligned} \quad \left. \right\} \text{cho từng gene}$$

DOI: 10.1038/s41587-020-0591-3

Mặc dù độ dài vòng đời IDC khác nhau (*P. berghei* là 24h, *P. knowlesi* là 27h và *P. falciparum* là 48h) nhưng phân tích RNA velocity cho thấy tốc độ phiên mã thay đổi để hỗ trợ phát triển sang giai đoạn sống tiếp theo trong IDC là có sự tương đồng giữa 3 loài.



Malaria Cell Atlas của Howick (2019)

Đóng góp của Malaria Cell Atlas

Phân tích một phần hoặc toàn bộ chu kỳ sống của 3 loài:

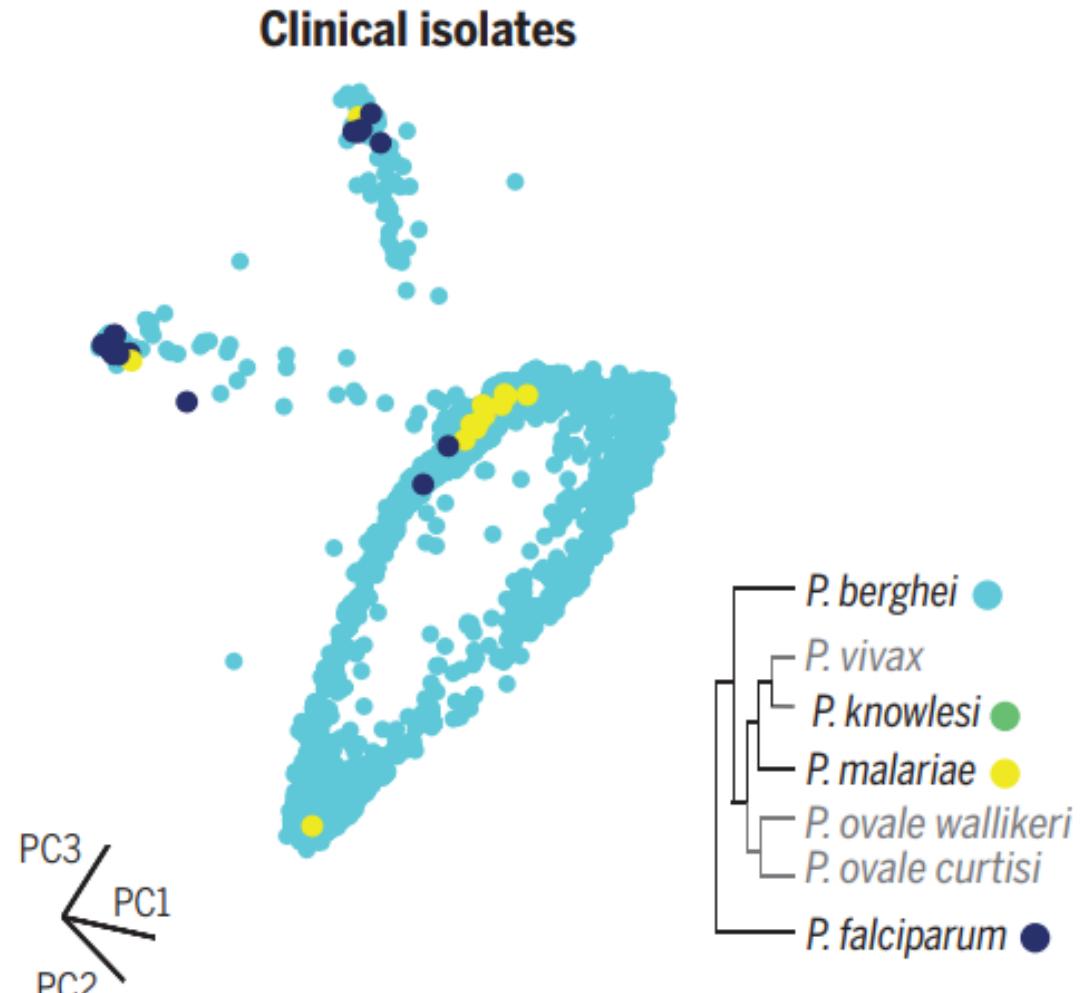
1. *P. falciparum*: độc tính cao nhất và lây lan rộng ở người.
2. *P. berghei*: sử dụng rộng rãi trong mô hình ĐV gặm nhấm.
3. *P. knowlesi*: họ hàng gần của *P. vivax*, loài gây bệnh phổ biến nhưng không thể duy trì nuôi cấy liên tục trong PTN.

Làm nguồn dữ liệu tham chiếu để hiểu về các mẫu Plasmodium lâm sàng.

Làm nguồn dữ liệu tham chiếu cho các nghiên cứu single-cell transcriptomic sau này về ký sinh trùng sốt rét.

Tạo ra 1 mạng lưới các gene đồng biểu hiện cho *P. berghei*, giúp giả định chức năng của các gene chưa biết thông qua sự đồng biểu hiện của chúng với các gene đã biết chức năng.

Link tiếp cận dữ liệu: [DOI: 10.1016/j.pt.2021.07.011](https://doi.org/10.1016/j.pt.2021.07.011)



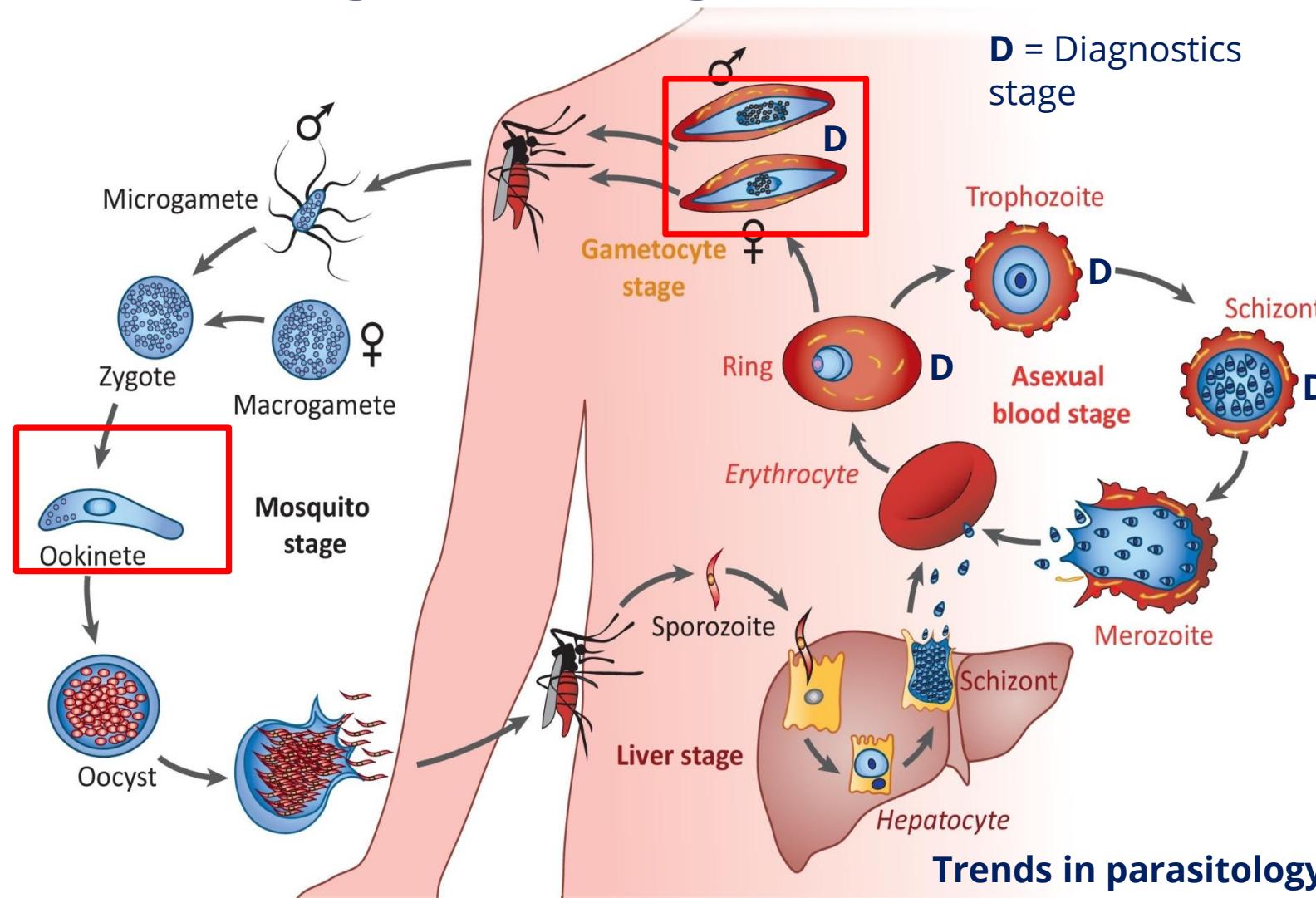


Ứng dụng scRNA-seq để xác định biến thể phiên mã trong giai KSTR trong cơ thể muỗi

Kathrin Witmer *et al* (2021)

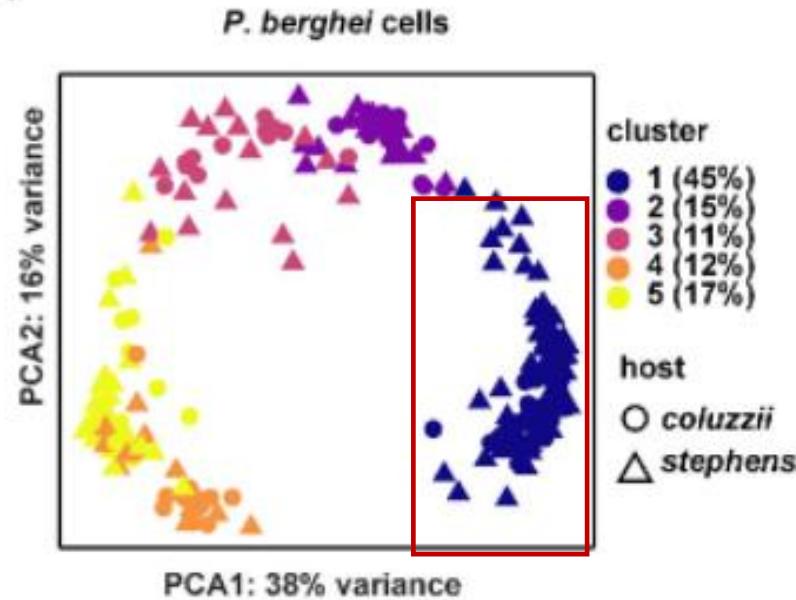


Giai đoạn phát triển của KSTSR trong cơ thể người và muỗi

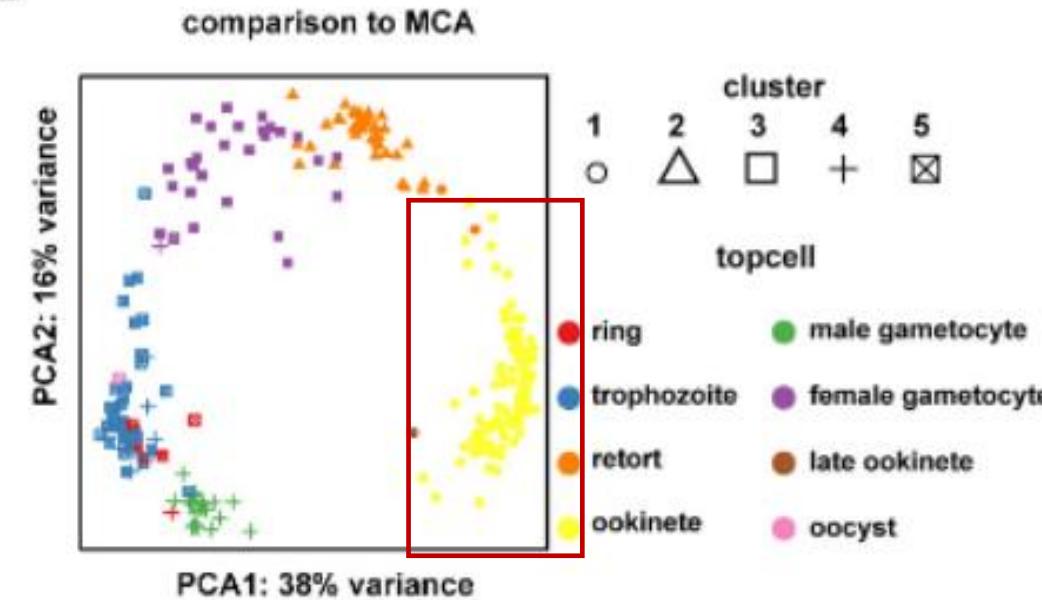


Ookinetes điều chỉnh sự biểu hiện gen phụ thuộc vào các loài vector

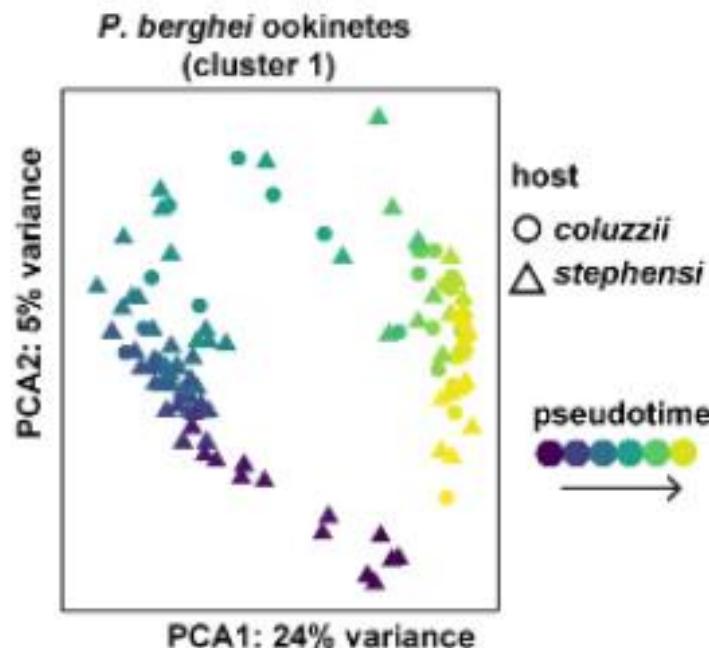
A



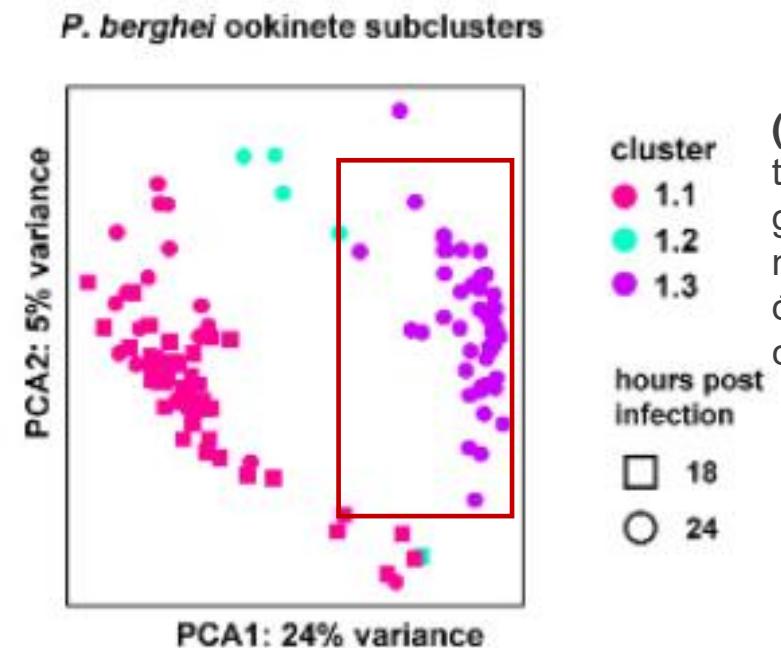
B



C



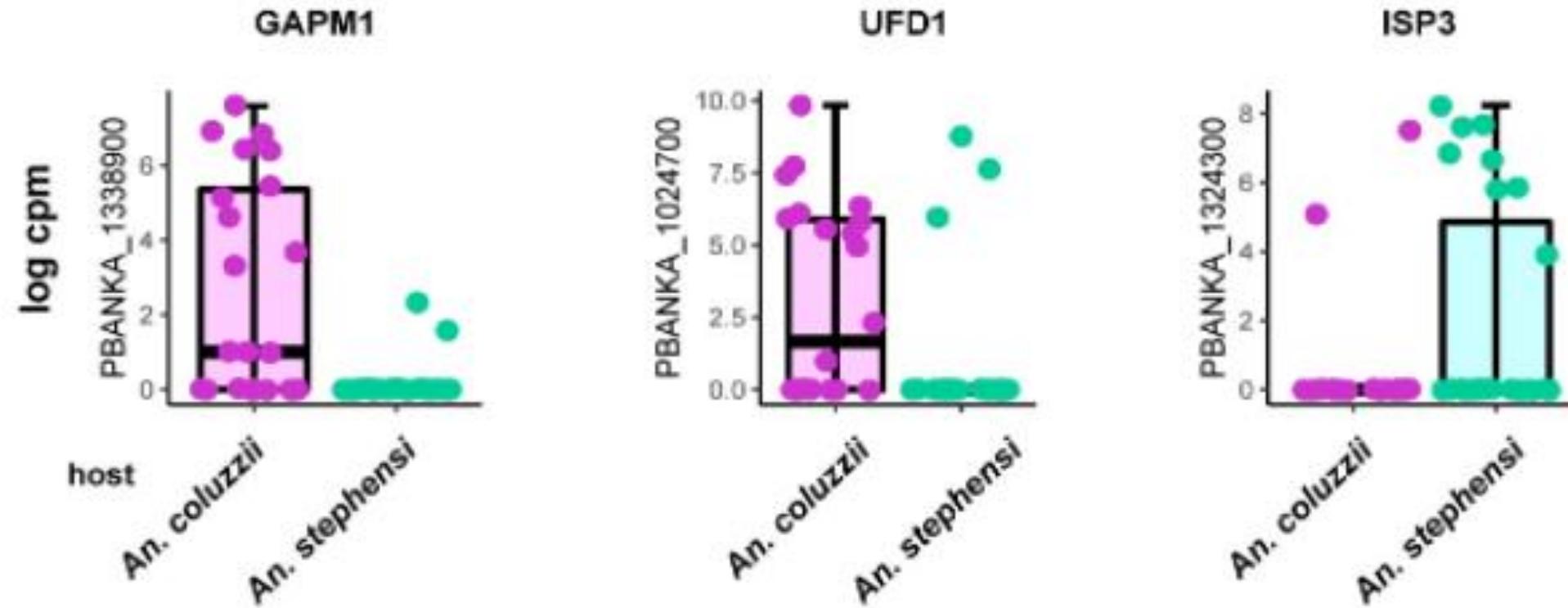
D



(D) Ookinete từ cụm 1 có thể được nhóm lại thành ba cụm bổ sung sau khi hiệu chỉnh thời gian giả. Cụm 1.3 được sử dụng để phân tích nhằm điều tra ảnh hưởng của các loài vector đối với sự biểu hiện gen, vì nó chủ yếu chứa các ookinete được thu thập 24 giờ sau.

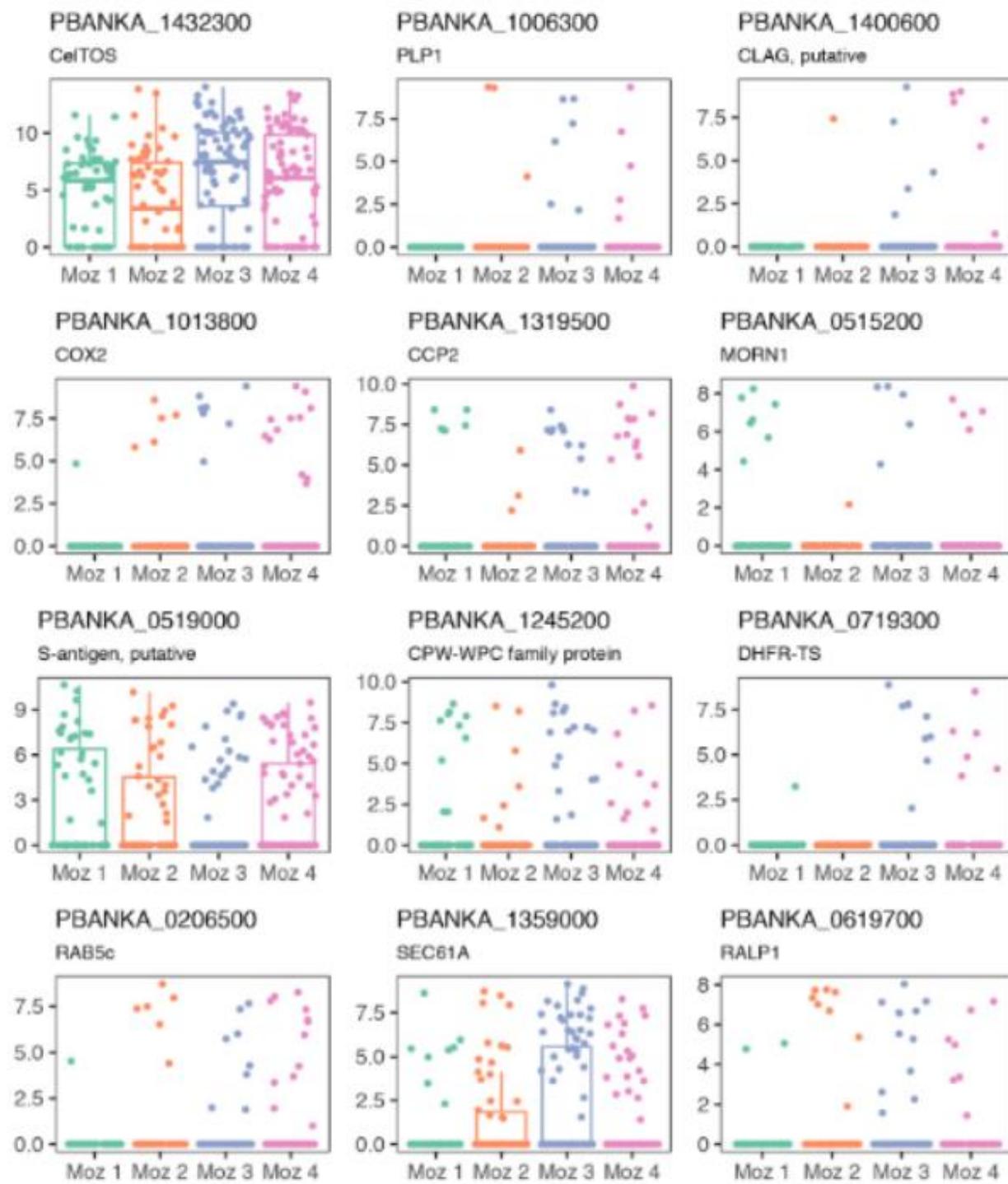
Ookinetes điều chỉnh sự biểu hiện gen phụ thuộc vào các loài vector

E



Ba gen ookinete nổi bật nhất được biểu hiện khác nhau tùy thuộc vào vật chủ là vector. GAPM1 (protein liên kết glideosome với đa màng 1), còn được gọi là PSOP23, ISP3 (protein ngăn phức hợp màng trong 3) và UFD1 (protein phân giải ubiquitin).

Log CPM



Ookinetes hiển thị biểu hiện gen tùy thuộc vào cá thể Muỗi

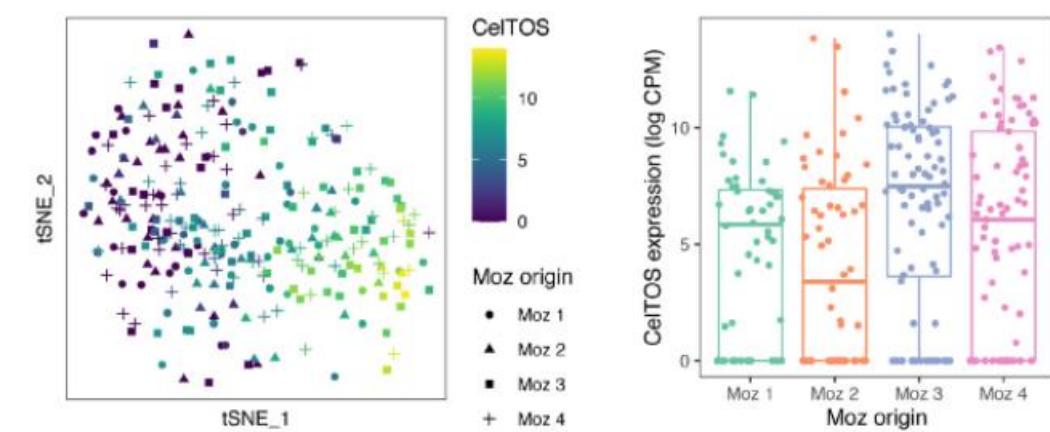
PBANKA_1432300 (Protein truyền qua tế bào cho ookinates và thẻ bào tử, CelTOS)

PBANKA_1006300 (protein giống perforin 1, PLP1)

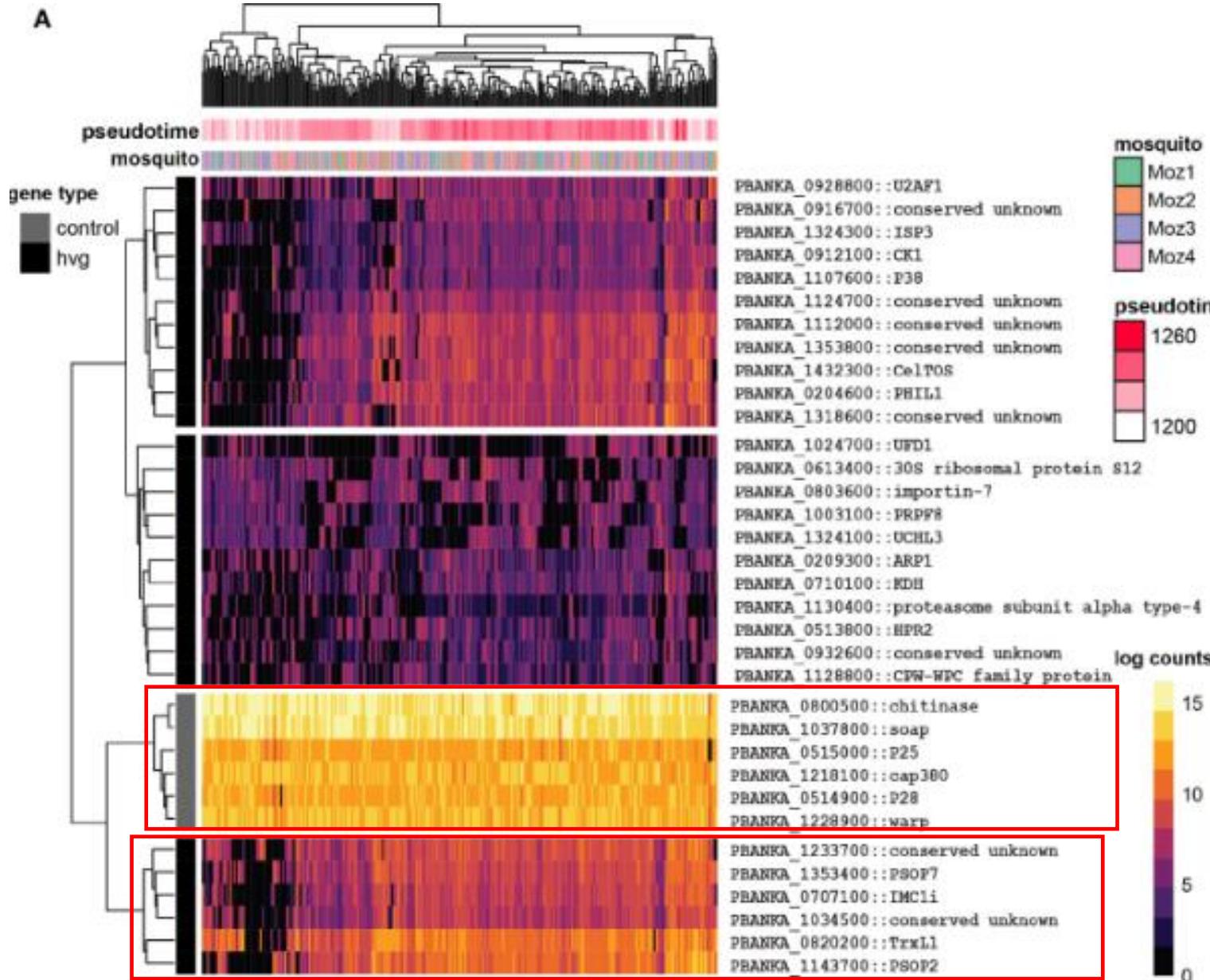
gen *clag* (PBANKA_1400600)

LAP4, miền LCCL chứa protein điều hòa sự phân chia tế bào trong tế bào trứng (PBANKA_1319500)

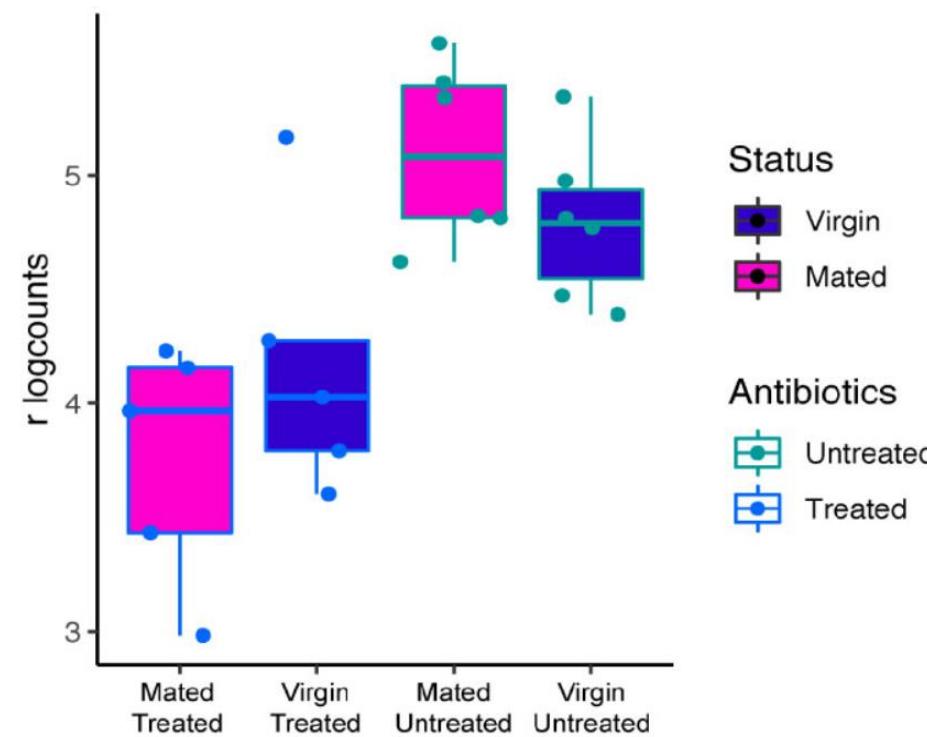
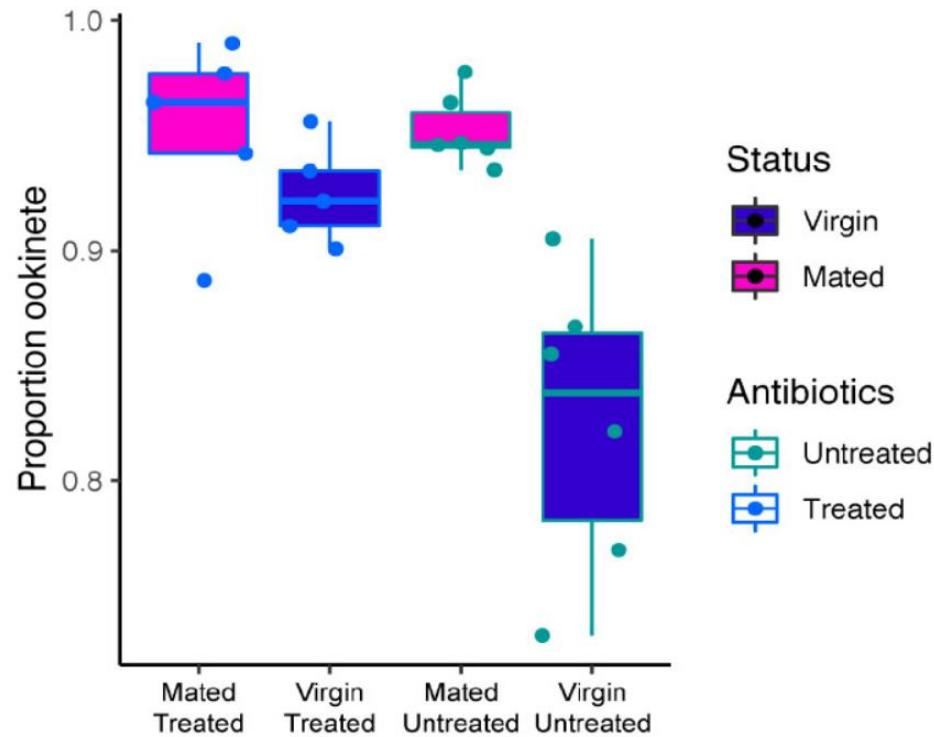
CPW-WPC chứa protein (PBANKA_1245200)



Xác định các gen tiềm năng cho quá trình sống sót của KSTSR



Sự biến đổi trong biểu hiện gen của *P. falciparum* tùy thuộc vào tình trạng sinh lý vật chủ và áp lực thuốc

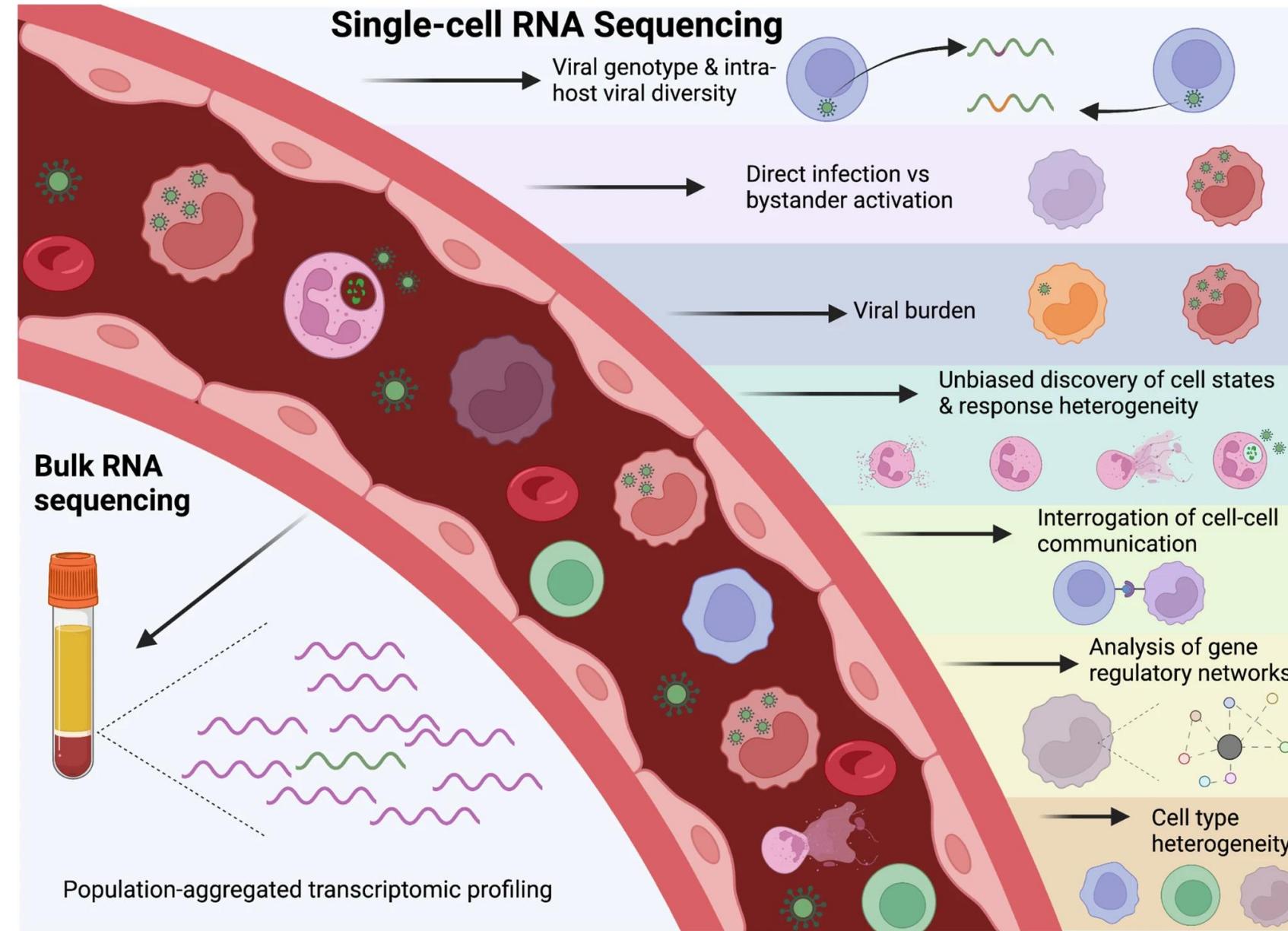


CelTOS đóng vai trò truyền tế bào trong nhiều giai đoạn của chu kỳ sống

(C) Biểu đồ hình hộp về tỷ lệ ookinete trong mỗi mẫu theo tình trạng giao phối và điều trị bằng kháng sinh. Cả việc điều trị kháng sinh, tình trạng giao phối và sự tương tác giữa cả hai đều ảnh hưởng đáng kể đến tỷ lệ tế bào sinh dục quan sát được trong mỗi mẫu

(D) Biểu hiện PF3D7_1216600 (CelTOS) trong dữ liệu RNAseq số lượng lớn từ cá nhân *An.coluzzii*. CelTOS biểu hiện nhiều hơn trong tình trạng không được điều trị bằng kháng sinh

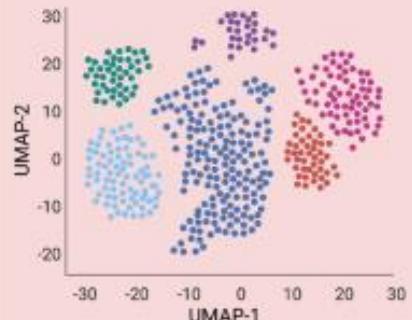
Phương pháp giải trình tự RNA tế bào đơn để đánh giá tương tác virus-vật chủ



Ratnasiri, K., Wilk, A.J., Lee, M.J. et al. *Semin Immunopathol* 45, 71–89 (2023).

Phản ứng kháng vi-rút của tế bào và động lực học của vi-rút

Unbiased discovery of novel cell states



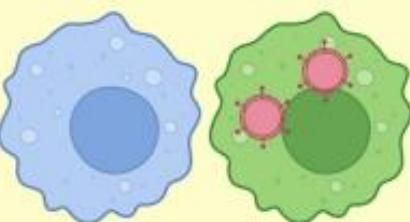
Ex: Seurat v4,
Monocle

Determination of dynamic cell processes via RNA velocity



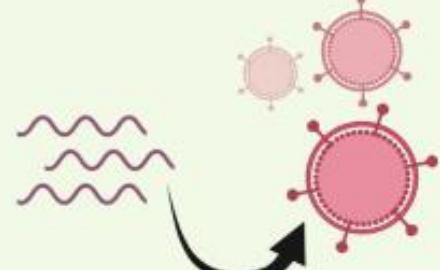
Ex: scVelo, Velocyto,
scSLAM-seq

Comparison of infected & bystander cells



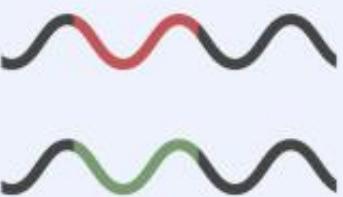
Ex: Viral-Track

Analysis of active viral replication



Ex: SoupX,
scSLAM-seq

Identification of viral variants & mutations on a per-cell basis



Ex: Integrated long-read sequencing

- **Phát hiện quần thể tế bào mới:** cho phép nhận dạng các trạng thái tế bào mới dựa trên biểu hiện gen mà không cần giả thuyết trước
- **Xác định các quá trình động của tế bào qua RNA velocity:** cho phép dự đoán sự thay đổi và chuyển trạng thái của tế bào
- **So sánh giữa tế bào bị nhiễm và tế bào xung quanh:** phân biệt giữa các tế bào bị nhiễm virus và các tế bào lân cận, từ đó hiểu rõ hơn về tương tác virus-tế bào
- **Phân tích sự sao chép hoạt động của virus:** scRNA-seq có thể xác định các quá trình sao chép virus trong từng tế bào.
- **Nhận diện biến thể và đột biến virus ở mức độ từng tế bào:**

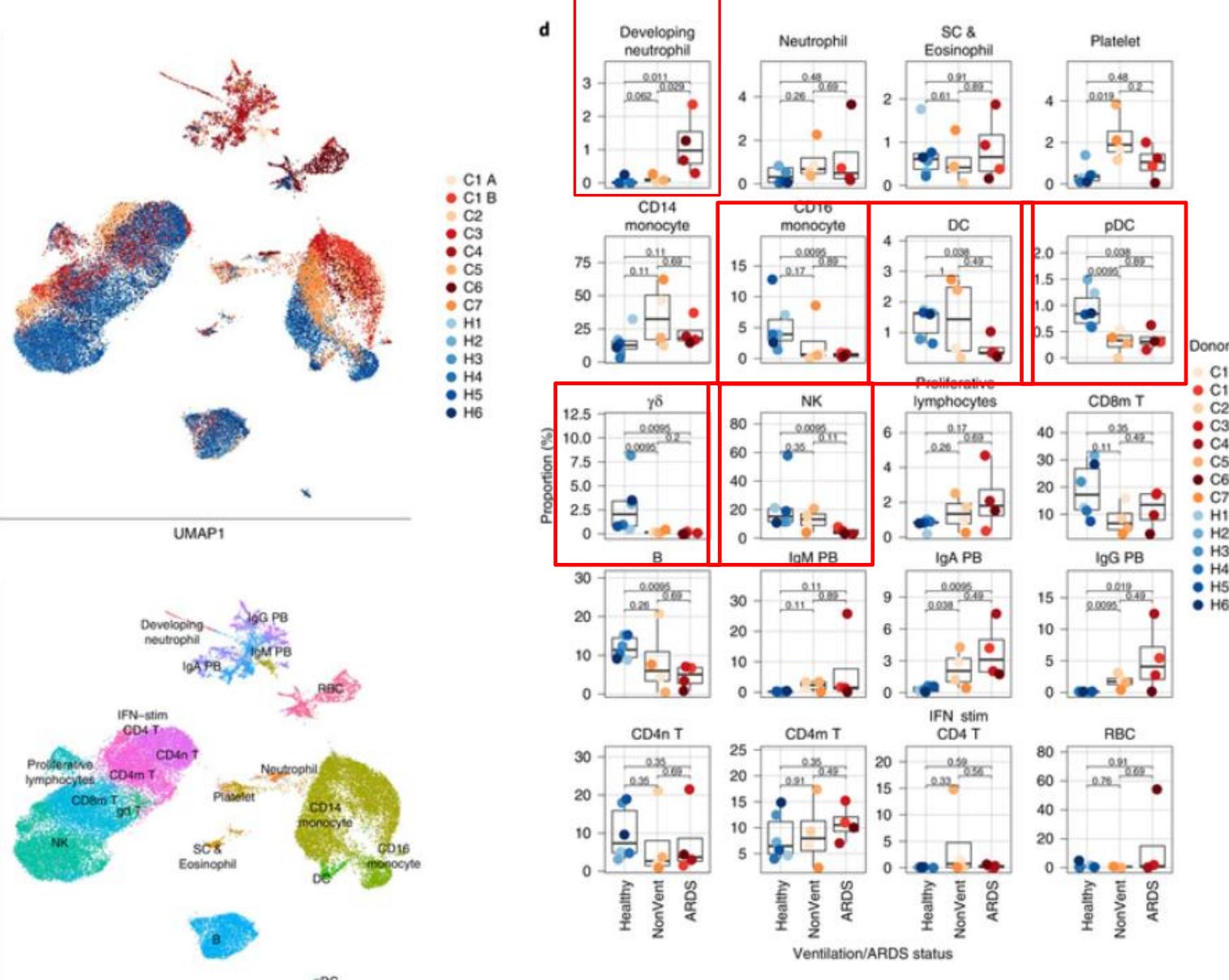
Ratnasiri, K., Wilk, A.J., Lee, M.J. et al. *Semin Immunopathol* 45, 71–89 (2023).

A single-cell atlas of the peripheral immune response in patients with severe COVID-19

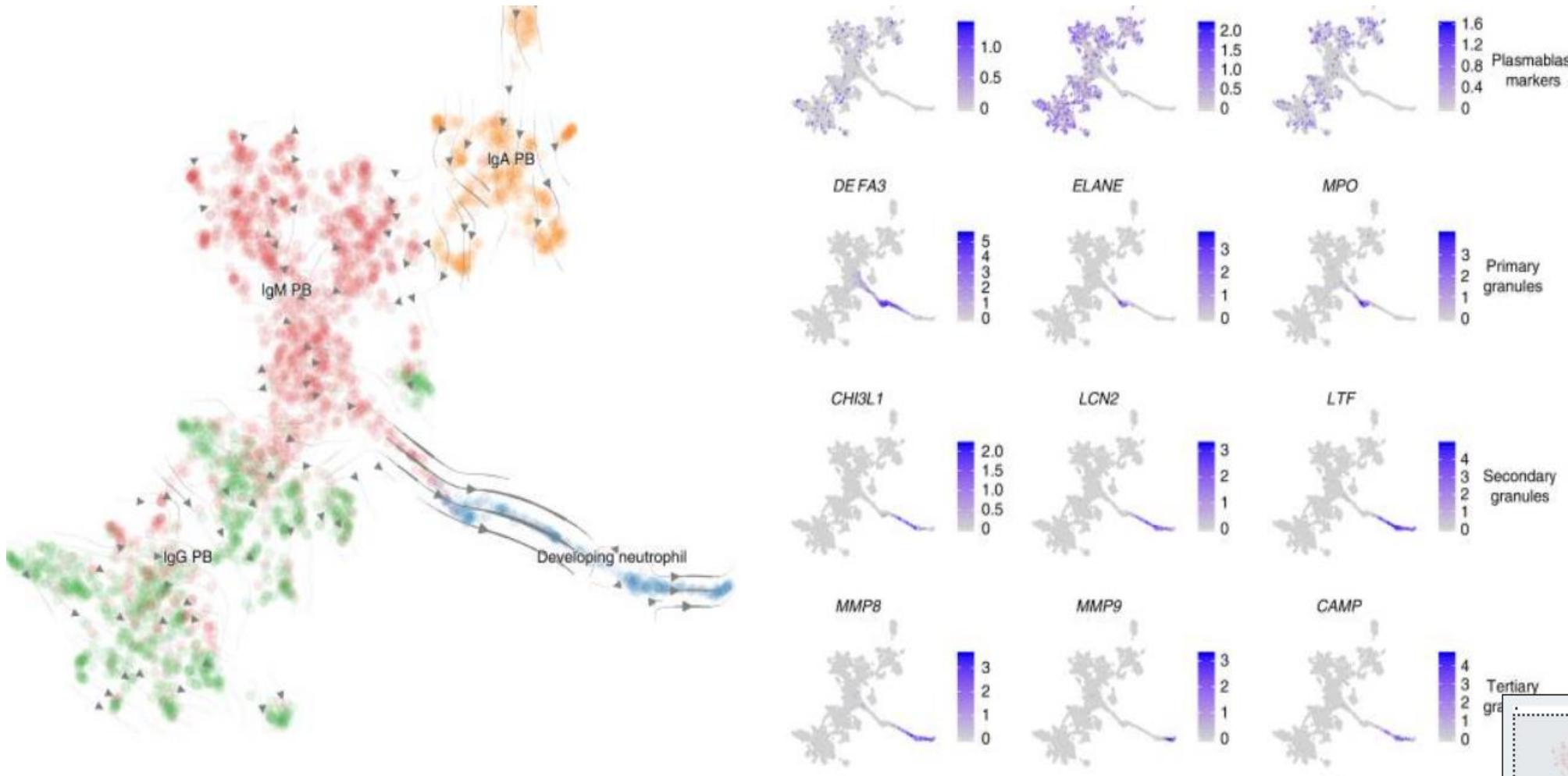
- Approximately 20% of patients with COVID-19 develop severe disease and 5% of patients require intensive care
- Severe disease has been associated with changes in peripheral immune activity, including increased levels of pro-inflammatory cytokine (inflammatory monocytes, lymphopenia-and T cell exhaustion)

A novel cell population that annotated as ‘developing neutrophils’ was significantly increased only in patients with ARDS

Wilk AJ, et al. Nat Med. 2020 Jul;26(7):1070-1076.



Express several genes encoding neutrophil granule proteins (*ELANE*, *LTF* and *MMP8*; but do not express genes encoding canonical neutrophil markers such as *FCGR3B* and *CXCR2*



Wilk AJ, et al. Nat Med. 2020 Jul;26(7):1070-1076.

Virus-inclusive single-cell RNA sequencing reveals the molecular signature of progression to severe dengue

1. Vai trò trong miễn dịch bẩm sinh

- Phản ứng viêm:** Sản xuất cytokine tiền viêm như **TNF- α , IL-1 β , IL-6**.
- Giám sát miễn dịch:** Nhận diện các tín hiệu nguy hiểm (DAMPs, PAMPs) và tuần tra phát hiện tổn thương, nhiễm trùng.
- Điều hòa miễn dịch:** Sản xuất cytokine kháng viêm như **IL-10**, duy trì cân bằng miễn dịch.

2. Vai trò trong miễn dịch thích ứng

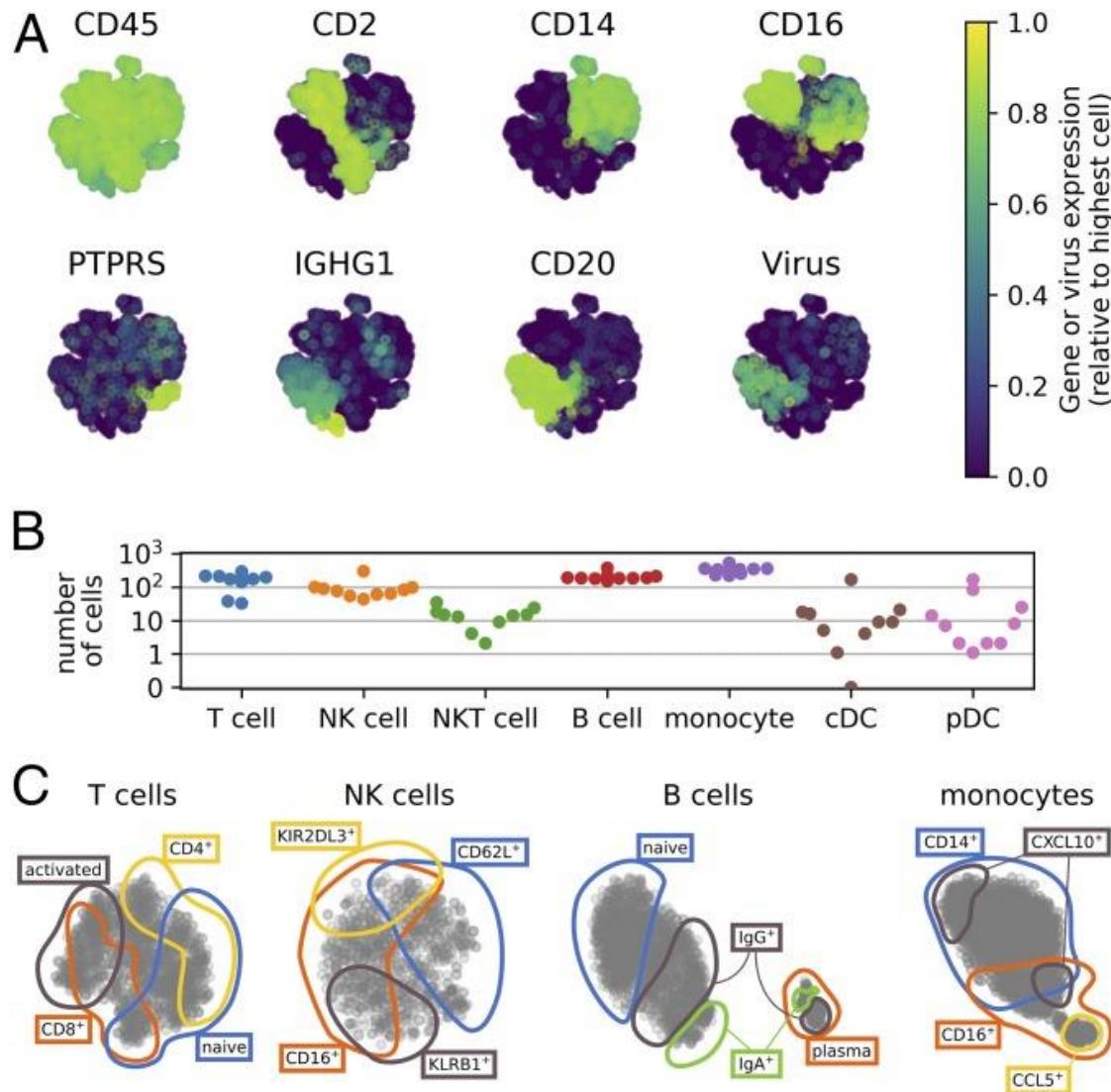
- Kích hoạt **tế bào T** và hỗ trợ **tế bào B** thông qua trình dien kháng nguyên, tạo cầu nối giữa miễn dịch bẩm sinh và miễn dịch thích ứng.

3. Sửa chữa mô

- Sản xuất yếu tố tăng trưởng như **VEGF** để kích thích hình thành mạch máu và tái tạo mô.

4. Vai trò trong bệnh lý

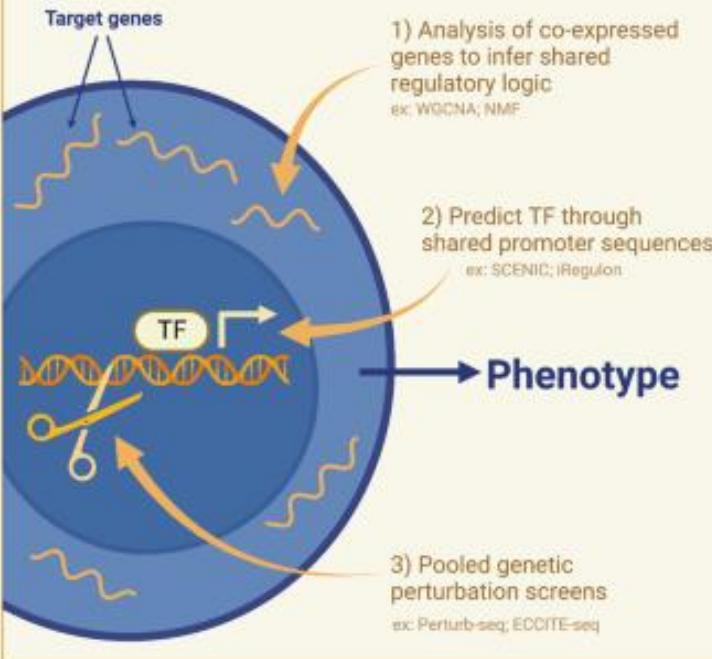
- Viêm mãn tính:** Tham gia vào các bệnh như viêm khớp dạng thấp, lupus, bệnh Crohn.
- Bệnh tim mạch:** Góp phần hình thành mảng xơ vữa động mạch và rối loạn mạch máu.
- Ung thư:** Ức chế miễn dịch và hỗ trợ phát triển khối u trong môi trường vi mô.
- Nhiễm trùng mãn tính:** Tăng cao trong các bệnh như lao, HIV.
- Bệnh thần kinh:** Liên quan đến Alzheimer và các rối loạn thần kinh khác.



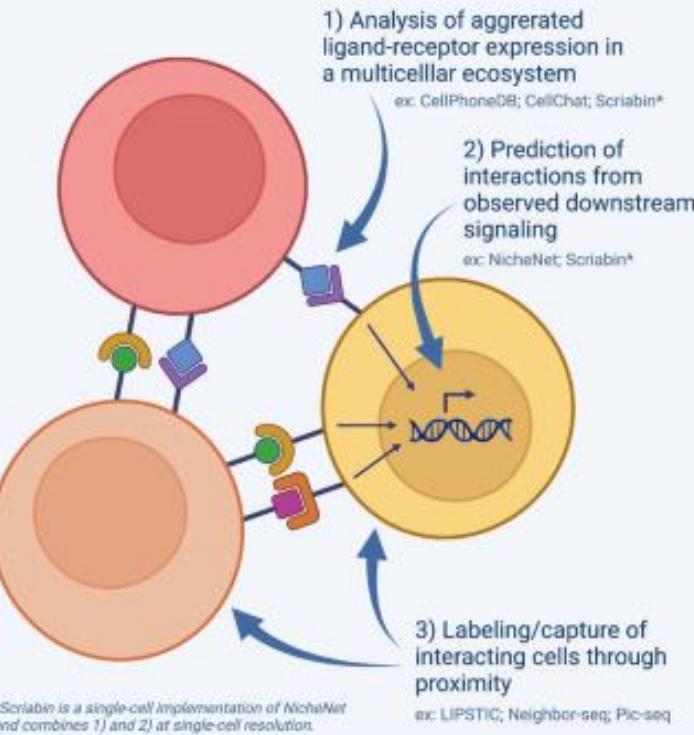
Zanini F, et al. Proc Natl Acad Sci U S A. 2018 Dec 26;115(52):E12363-E12369.

Phân tích scRNA-seq để hiểu tín hiệu nội bào và đa bào

Intracellular



Multicellular



Lợi ích:

- Xác định được các loại tế bào hoặc trạng thái tế bào có các tín hiệu bất thường.
- Hiểu rõ sự đa dạng chức năng của các tế bào ngay cả trong cùng một mô hoặc quần thể.

Tín hiệu nội bào (Intracellular Signaling)

- **Phân tích con đường tín hiệu (Pathway analysis):** sử dụng GSEA

scRNA-seq cho phép xác định các gen mã hóa protein tham gia vào các con đường tín hiệu quan trọng như:

- Con đường PI3K-Akt, MAPK (trong tăng trưởng và sống sót tế bào).
- Con đường mTOR (điều hòa chuyển hóa và tăng trưởng tế bào).
- Con đường NF-κB (đáp ứng viêm).

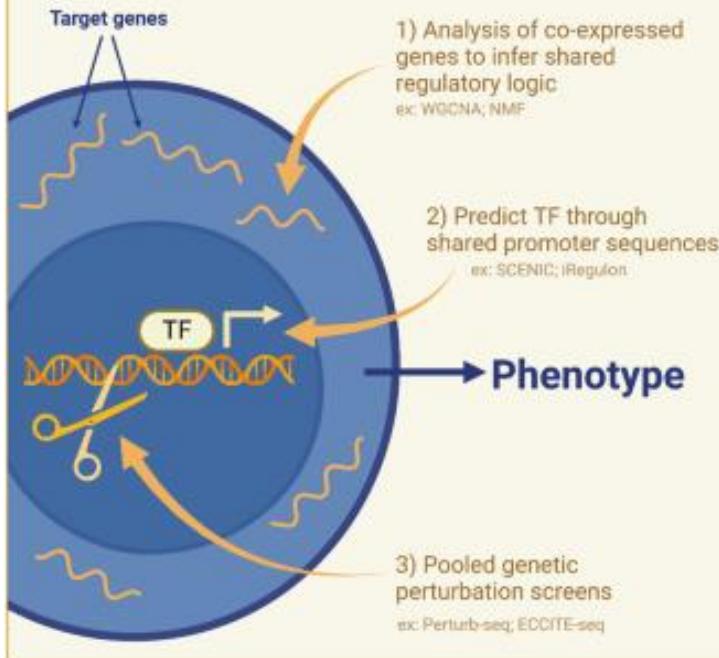
- **Theo dõi trạng thái hoạt hóa của tế bào:** xác định sự thay đổi trong mạng lưới tín hiệu nội bào.

Tương quan giữa RNA và protein:

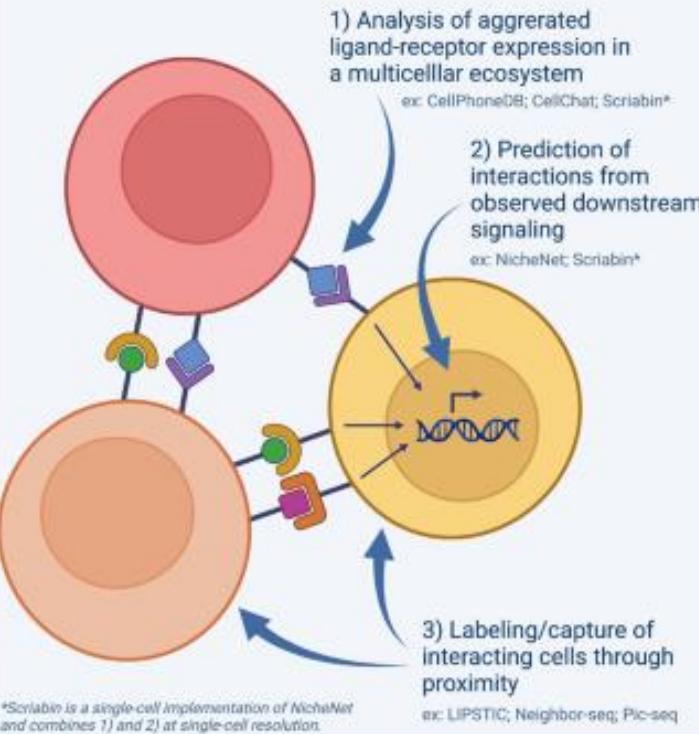
Kết hợp scRNA-seq với các kỹ thuật khác như proteomics hoặc phương pháp CITE-seq (kết hợp RNA-seq và đo protein qua kháng thể gắn mã RNA) để hiểu rõ mối quan hệ giữa biểu hiện RNA và protein.

Phân tích scRNA-seq để hiểu tín hiệu nội bào và đa bào

Intracellular



Multicellular



Lợi ích:

- Làm rõ vai trò của từng loại tế bào trong một mô hoặc hệ thống miễn dịch.
- Hiểu cách các tế bào phối hợp để thực hiện các chức năng sinh học hoặc đáp ứng với tổn thương và bệnh lý.

Tín hiệu đa bào (Intercellular Signaling)

Cell-cell communication:

- Xác định các phân tử tín hiệu (ligand-receptor) giữa các loại tế bào khác nhau.

Ví dụ: Trong nghiên cứu khối u: xác định cách tế bào miễn dịch và tế bào khối u giao tiếp qua các cặp ligand-receptor.

Xác định microenvironment tế bào:

- Phân tích môi trường vi mô của mô, như trong ung thư hoặc nhiễm trùng.
- Ví dụ: Xác định cytokine và chemokine được sản xuất bởi các tế bào miễn dịch

Tạo bản đồ không gian (Spatial transcriptomics):

- Kết hợp với công nghệ không gian (spatial transcriptomics) để xác định vị trí của các tế bào và các tín hiệu liên tế bào tại các khu vực khác nhau trong mô.

Xác định tín hiệu liên quan đến bệnh lý:

- Nghiên cứu các tín hiệu giữa tế bào chủ (host cells) và tác nhân gây bệnh (pathogen-host interaction) trong các bệnh nhiễm trùng, ví dụ như virus, vi khuẩn, hoặc ký sinh trùng.

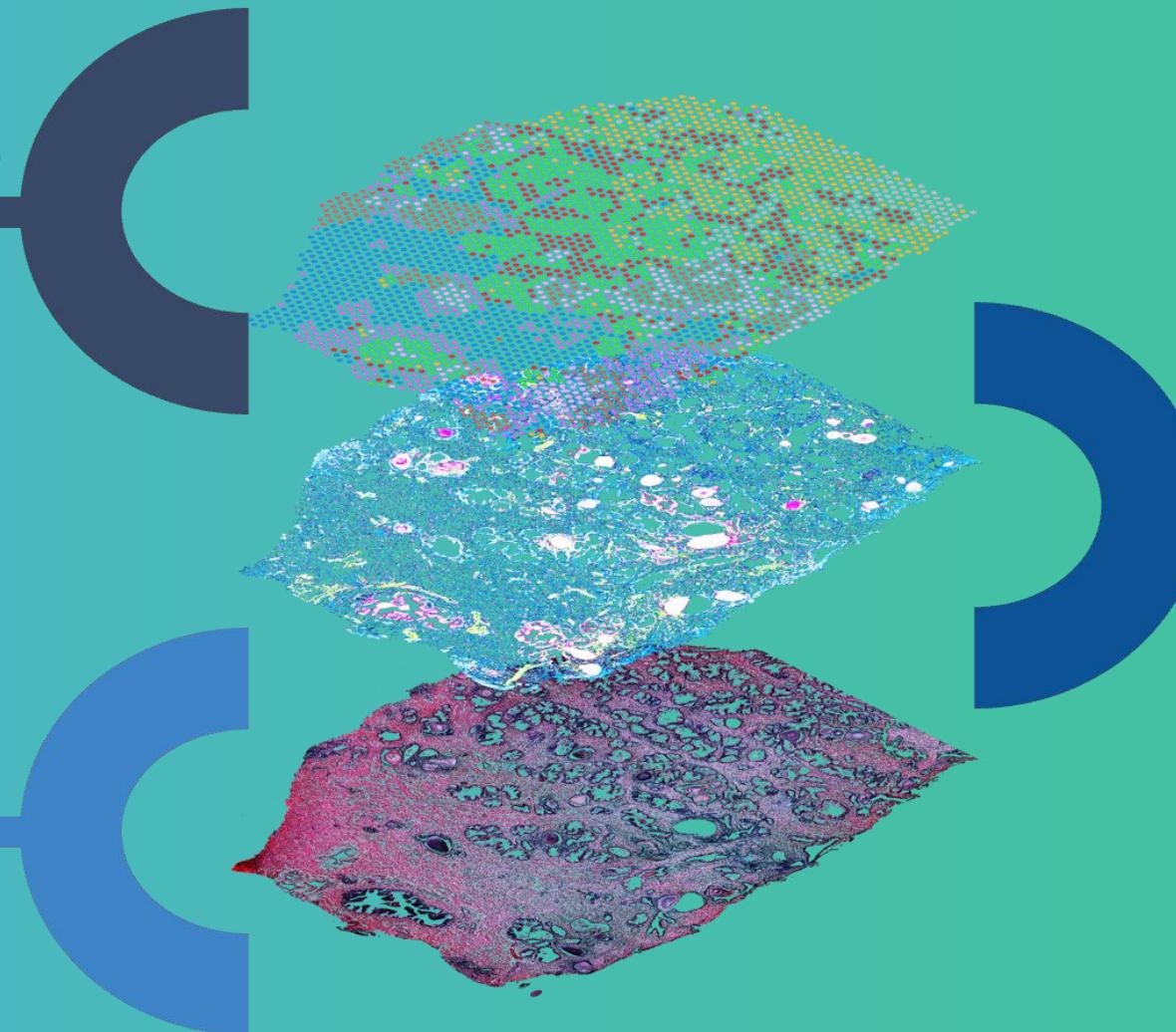
Visium Spatial

Whole Transcriptome

Whole transcriptome detection via probe-based RNA Template Ligation (RTL) technology

Tissue Morphology

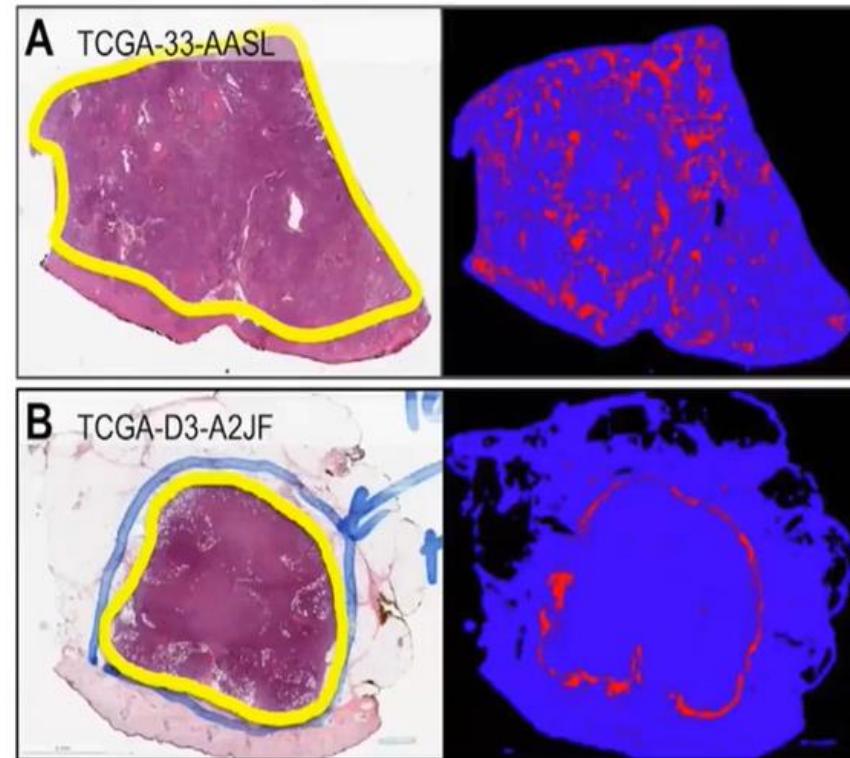
Utilize H&E or IF staining to profile tissue biology



Tại sao cần thông tin BHG theo không gian?

Thông tin vị trí vô cùng quan trọng!

- Overlay gene expression data with histological H&E image
- No tissue dissociation bias for transcriptome analysis
- Retains **organization of tissue and cellular microenvironment**
- **Cell type identification** in the context of heterogeneous tissue



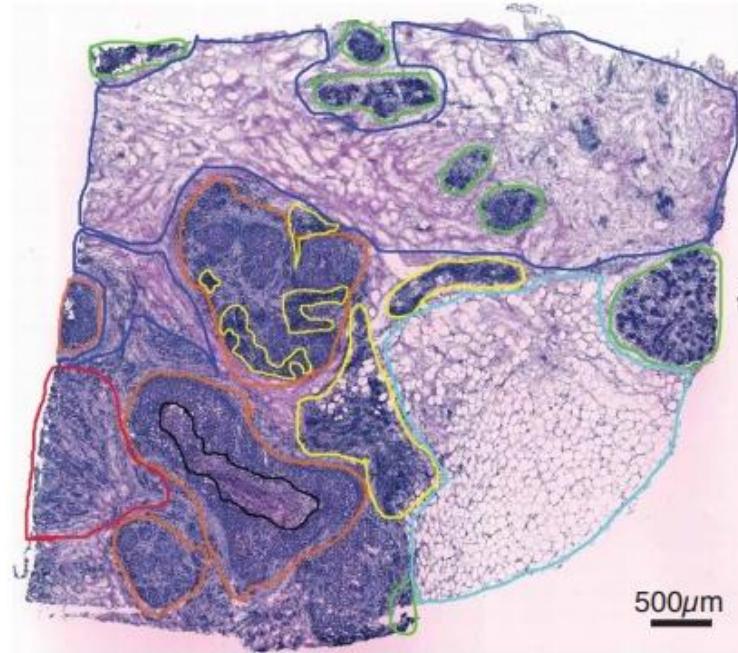
Lymphocytes infiltrating tumor

- Good prognosis

Lymphocytes stopped at tumor boundary

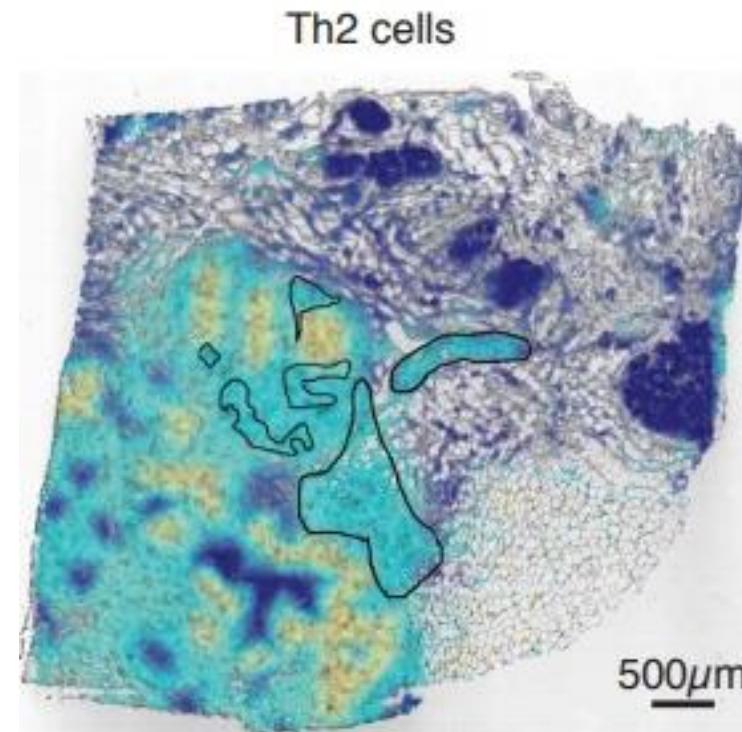
- Poor prognosis

Tại sao cần thông tin BHG theo vị trí?



— DCIS
— Invasive cancer
— Immune cells
— Normal glands
— Fat tissue
— Fibrous tissue
— Necrosis

Mẫu nhuộm H&E được bác sĩ GPB
khoanh vùng các loại tế bào

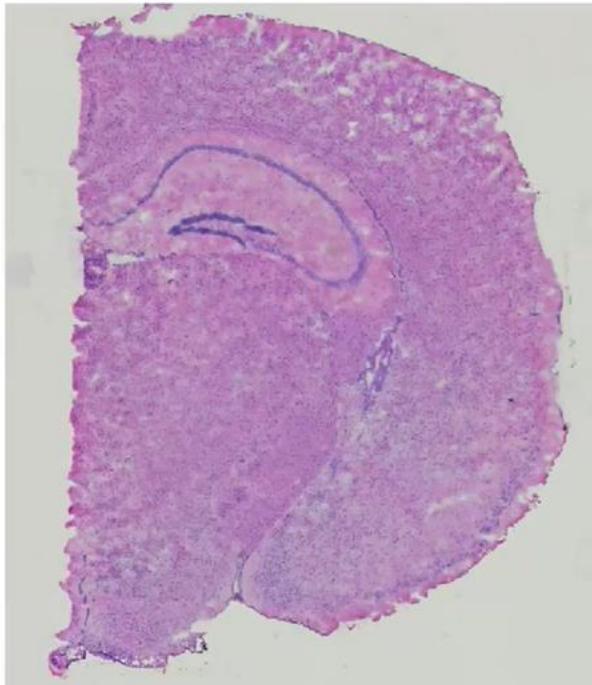


Một lát cắt khác được định lượng biểu hiện
gen ở từng điểm (50µm)

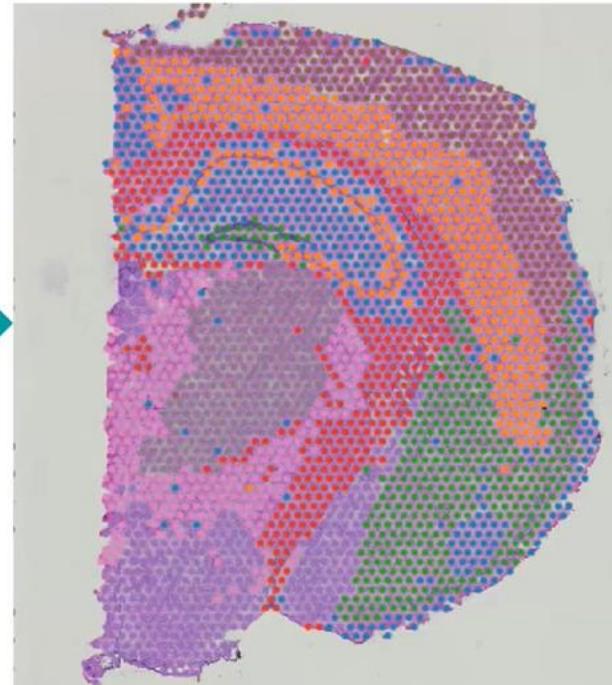
Visium spatial

Spatial transcriptomics = Sự kết hợp hình ảnh mô học+ biểu hiện gen

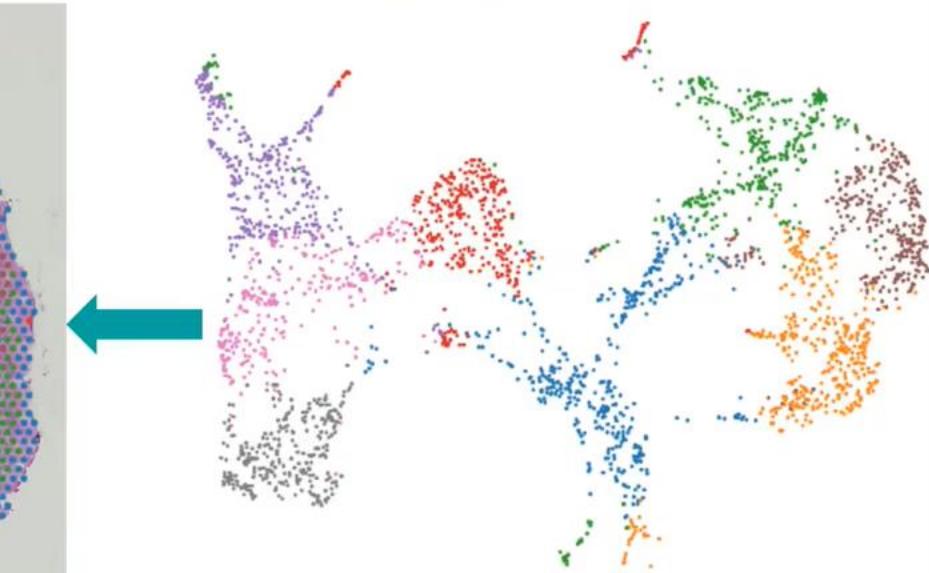
Histology image



Histology + Gene expression

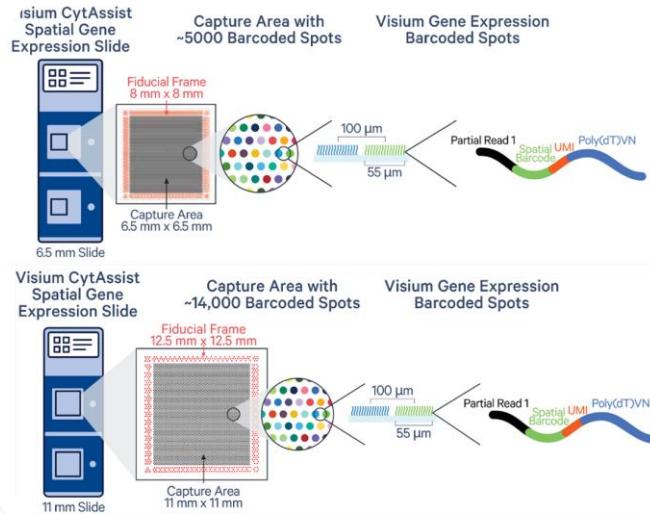


Gene expression



Each dot represents gene expression from one capture spot

CytAssist is the future of Visium

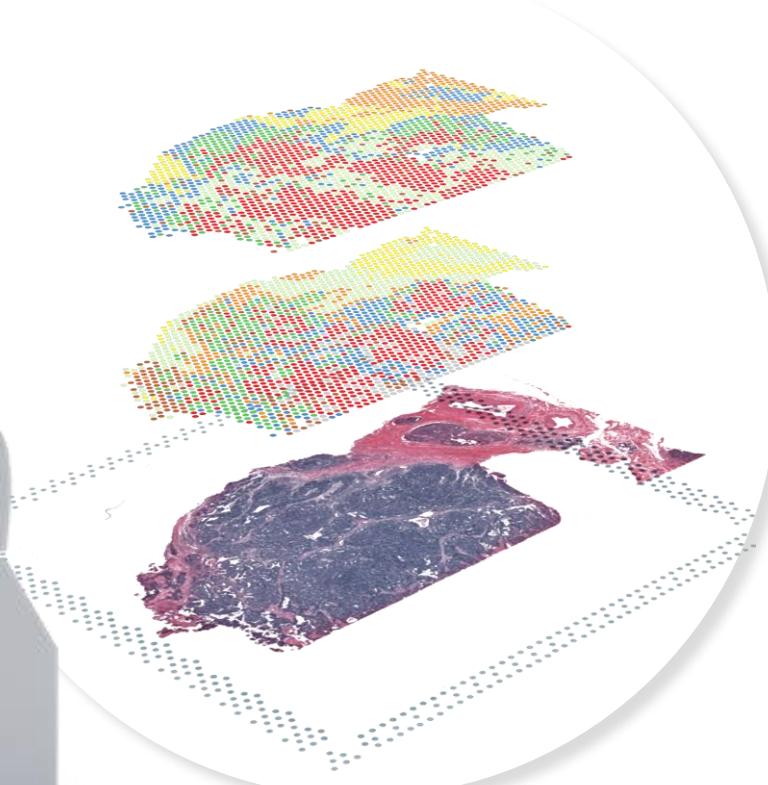


Visium CytAssist



Improved FFPE
performance

Co-detection of
gene and protein expression





Giải pháp của 10x Genomics trong UD bệnh truyền nhiễm

Nghiên cứu và phát triển

- Phân tích tế bào, mô trước, trong và sau khi virus xâm nhiễm
- Xác định mối quan hệ giữa kiểu hình tế bào sự xâm nhiễm
- Nghiên cứu hoạt hóa miễn dịch đáp ứng lại sự lây nhiễm
- Xác định cơ chế phân tử và tế bào của sự lây nhiễm

Vắc xin và điều trị

- Xác định phản ứng miễn dịch đối với nhiễm trùng và tiêm chủng
- Tìm các kháng thể từ bệnh nhân điều trị
- Đánh giá tính đặc hiệu của kháng thể đối với các kháng nguyên đã biết hoặc giả định



Single Cell
Gene Expression



Single Cell
Immune Profiling



Single Cell
ATAC



Single Cell
ATAC + GEX



Spatial
Gene Expression



Targeted
Gene Expression



Cell Surface
Proteins



CRISPR
Profiling



Antigen
Specificity