



SeekOne[®] MM

单细胞转录组测序 全套解决方案

一站式解决样本解离、单细胞捕获、建库、测序、数据处理



Envision The Future

预见未来

● 单细胞转录组测序

单细胞技术被 Science 评为 2018 年度十大突破技术之一，是研究细胞异质性的有利武器。单细胞转录组测序（Single cell RNA sequencing, sc RNA-seq）是在单个细胞水平对 mRNA 进行高通量测序的一项新技术，成功解决常见的细胞异质性、细胞量少而无法进行常规高通量测序等难题。



肿瘤研究



免疫研究



细胞发育



感染



用药指导



靶标筛选

● SeekOne[®] MM 单细胞转录组测序

SeekOne[®] MM（Microwell & Magnetic Beads）单细胞转录组测序是采用寻因生物自主研发的 SeekOne[®] MM 单细胞转录组试剂盒进行单细胞转录组文库构建，该试剂盒无需配套昂贵仪器，通过微孔芯片（SeekOne[®] Chip）和核酸标签磁珠（Barcoded Beads）即可实现单细胞的捕获、标记。最终构建出兼容 Illumina 测序仪的高通量单细胞转录组文库进行测序，随后进行一系列生信分析。

灵活



样本通量灵活（单人操作可同时处理 1~4 个样本）；
无需配备昂贵专业仪器。

高效



单细胞捕获效率高达 60%；2 小时即可完成单细胞
捕获与逆转录。

精准



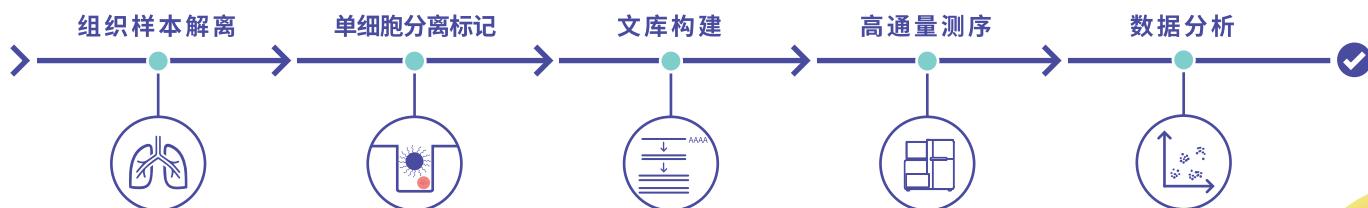
双细胞率低于 0.7%；双标系统同时标记细胞及
mRNA 分子；数据分析软件准确度高。

解离经验丰富



数十种物种、百余种组织类型的解离实战经验。

● SeekOne[®] MM 单细胞转录组测序流程



单张芯片微孔数目 **17w**



单张芯片可捕获 **500-10,000** 个细胞



1,000 个细胞双胞率低至 **0.7%**



单细胞捕获率可高达 **60%**

样品要求——单细胞悬液



细胞大小

细胞直径 5 ~ 30 μm



细胞活性

活细胞数在 90% 以上



细胞浓度及体积

400-1,000 cells/ μl , 体积 >100 μl

项目周期

1-10 个样本

周期 40 天

11-20 个样本

周期 50 天

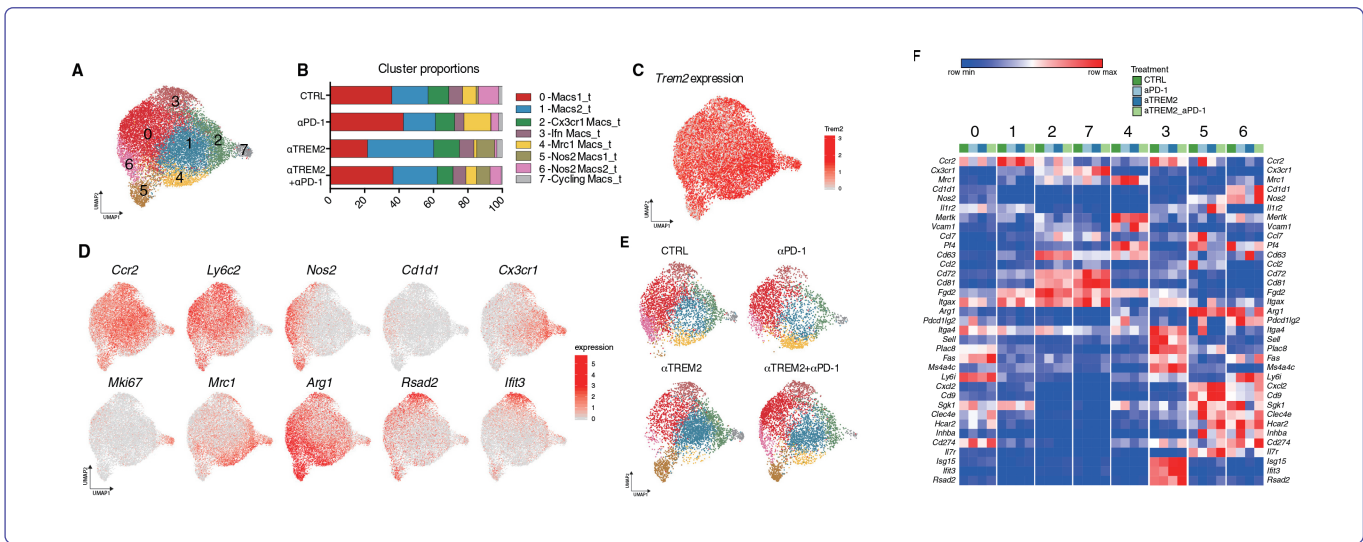
21-40 个样本

周期 60 天

经典案例分析 01

单细胞测序分析发现抗 TREM2 治疗重塑 MCA 源性肉瘤的髓系细胞

髓系细胞是许多肿瘤微环境中重要的组成成分，并通过多种途径抑制 T 细胞反应。最近的研究表明肿瘤内的髓系细胞具有异质性（肿瘤刺激和抑制），从肿瘤中去除抑制细胞，阻断其功能或诱导肿瘤刺激细胞可能是改进免疫治疗策略的重要方法。TREM2 是一种骨髓受体，在很多细胞中表达，可以促进邻近细胞的存活。肿瘤中也有 TREM2+ 巨噬细胞的报道，但 TREM2 在肿瘤免疫反应中的作用尚未知。

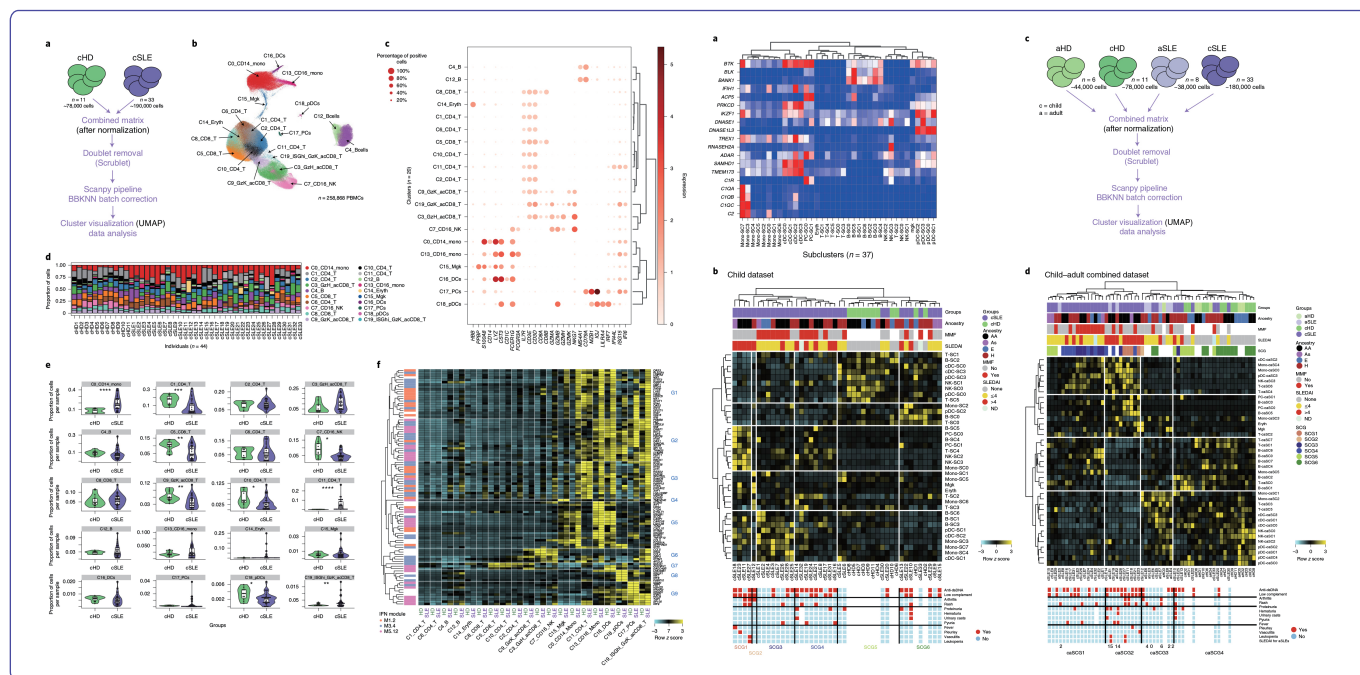


分析肉瘤模型小鼠中 TREM2 对免疫反应和免疫浸润的影响，通过 scRNA-seq 分析 PD-1 抗体治疗、TREM2 抗体治疗、PD-1 抗体联合 TREM2 抗体治疗和抗体对照治疗后髓系细胞特征，并参比 TCGA 数据库，论证了实验模型相关的肿瘤类型中的 TREM2 表达与临床结果之间的相关性。发现用 TREM2 抗体重塑肿瘤巨噬细胞是补充检查点免疫治疗的一种有前景的方法，将有助于更好地了解免疫细胞促进和延缓肿瘤生长背后的分子机制。

● 经典案例分析 02

单细胞水平描绘系统性红斑狼疮的异质性

系统性红斑狼疮（SLE）是一种异质性的自身免疫性疾病，在肾炎高发的儿童中尤其具有侵略性，其多样性给临床实验设计带来很大挑战。之前的研究发现 SLE 样本中存在独特的血液转录特征，这些特征与疾病活动（DA）之间存在相关性。



本研究通过对儿童 SLE 患者（cSLE）和健康对照的外周血单个核细胞样本进行单细胞 RNA 测序（scRNA-seq），鉴定了引发 SLE 临床异质性的细胞群，根据 DA 对患者进行分类，从中证实了细胞亚群的变化；揭示了新细胞亚群在高 DA 的 cSLE 组患者中扩大，这些亚群在成人队列中病情最严重的患者中重新产生，这可能代表着潜在的治疗靶点。本研究为系统性红斑狼疮转录标记的来源和疾病异质性提供了依据，为精准医学的应用奠定了基础。

● 参考文献

1. Molgora, M. et al. TREM2 modulation remodels the tumor myeloid landscape enhancing anti-PD-1 immunotherapy. *Cell* 182, 886–900 (2020).
2. Nehar-Belaid D, Hong S, Marches R, et al. Mapping systemic lupus erythematosus heterogeneity at the single-cell level. *Nat Immunol.* 2020;21(9):1094-1106.

