

单细胞免疫组库测序解决方案

单细胞免疫组库测序 (scVDJ-seq) 是一项能在单个细胞水平上解析免疫细胞受体 (TCR/BCR) 多样性的强大技术, 能够帮助我们更精细地理解免疫系统的运作机制。

平台优势

01 双链精准匹配
能精确配对BCR的重链与轻链或TCR的 α 链与 β 链

03 超高分辨率
在单细胞水平揭示免疫组库的克隆组成和多样性

02 多组学关联分析
整合同一细胞的全转录组与V(D)J序列数据, 可揭示细胞克隆性、功能状态及亚群归属间的关联

04 获得全长序列
突破了传统方法仅能测定CDR3片段的局限, 提供了更完整的V(D)J信息, 有助于发现新的受体序列

平台选择



10x Genomics单细胞免疫组库测序是一项基于微流控和Barcode标记的高通量技术, 它能在单细胞水平上同时分析基因表达谱和T/B细胞受体 (TCR/BCR) 的V(D)J序列。



BD Rhapsody系统通过其独特的微孔板捕获和分子标签技术, 凭借其高细胞捕获率、精准的配对信息, 同步检测数千至上万个单细胞的转录组 (mRNA) 和免疫组库 (VDJ) 信息。

应用领域

- 基础免疫学
- 肿瘤免疫和免疫治疗
- 自身免疫性疾病和炎症性疾病
- 传染病和疫苗研究
- 移植和免疫重建

样本要求

- 类型: 细胞系, 原代细胞, 新鲜组织等
- 来源: 血液提取、磁珠富集、流式富集、组织解离等
- 样本量: 细胞 $>1 \times 10^5$ 细胞/样本细胞活率: 大于80%, 越高越好
- 数据量: 5K read pairs/cell

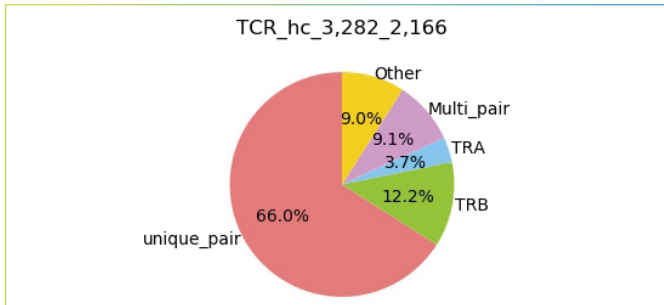
服务热线: 400-820-3699



数据分析

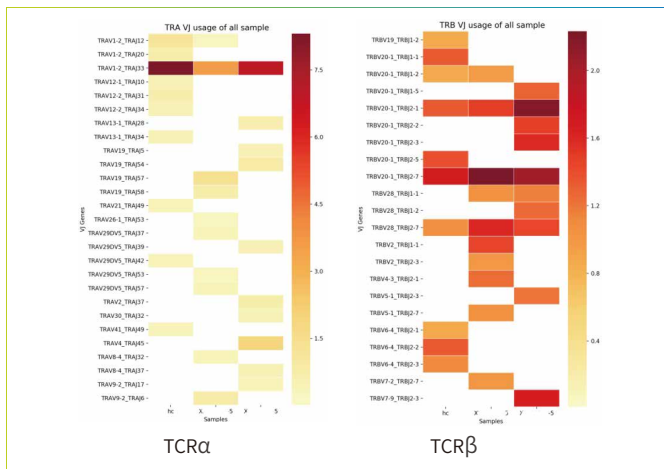
数据过滤及统计:

保留只含有唯一——对TRA和TRB且测到RNA表达的细胞进行后续分析。



样本间VJ使用情况比较:

每个样本分别取α和β排名前十的VJ组合,所有样本取并集画VJ使用率热图。对比不同样本的VJ使用情况可以看到VJ使用的特异性。



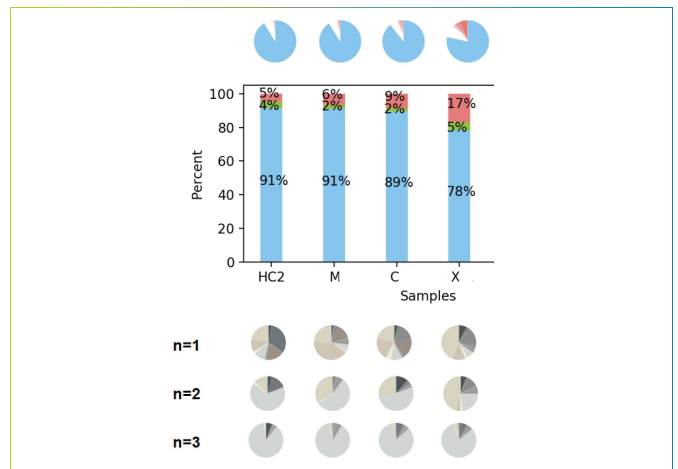
多样性指数等统计:

对样本进行多样性分析,多样性指数和均一度如下表所示:

Samples	Shannon's Diversity Index	Number of clone	Evenness
HC	7.55	1,994	0.99
G	8.61	6,128	0.99
K	7.33	3,413	0.90

不同细胞类型的克隆扩增分析:

结合单细胞RNA测序的注释结果,对每个样本针对不同类型的细胞群进行克隆扩增分析。如下饼图,针对不同的克隆扩增 (n=1, n=2, n>=3) 情况分别统计,不同颜色表示不同类型的细胞类型所占比例。

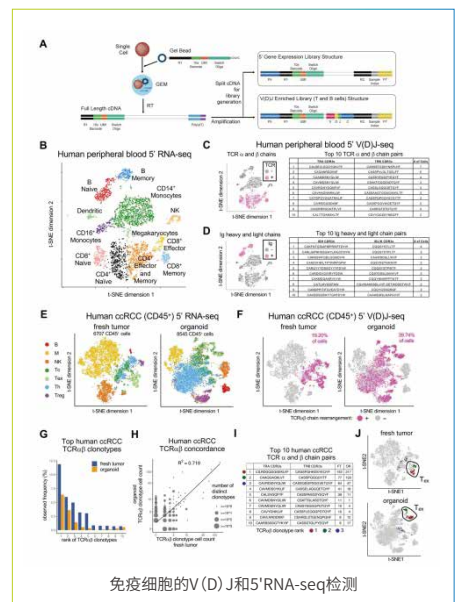


案例解析

题目:人类免疫细胞发展以及癌内T细胞衰竭大规模平行单细胞染色质景观分析

原发肿瘤上皮细胞与内源性同系肿瘤浸润淋巴细胞(TILs)作为内聚单位的共培养尤其难以实现。研究人员运用空气-液体界面(ALI)方法从>100个人活组织切片或小鼠肿瘤中培养出患者来源的器官样体(PDOs),在具有同基因免疫能力的宿主中作为肿瘤上皮细胞,并嵌入天然免疫细胞。10x Genomics Chromium平台通过同时检测基因表达及免疫组库图谱发现, PDOs 肿瘤浸润淋巴细胞准确地保留了原发肿瘤T细胞受体(TCR)的图谱。至关重要,人类和小鼠的PDOs成功地通过 anti-PD1和/或anti-PDL1扩展和激活肿瘤抗原特异性肿瘤浸润淋巴细胞并诱导肿瘤细胞毒性来模拟免疫检查点阻断(ICB)。内源性免疫基质与原发肿瘤上皮细胞的有机融合促进TME内的免疫肿瘤学研究,并促进个性化免疫治疗检测。

原文出处: Neal J T, Li X, Zhu J, et al. Organoid modeling of the tumor immune microenvironment[J]. Cell, 2018, 175(7): 1972-1988. e16.



服务热线:400-820-3699

