

伯豪生物 推出单细胞DNA甲基化测序服务

近年来,在肿瘤早筛和发育生物学研究领域,科学工作者对于DNA甲基化研究的关注度持续高涨。目前DNA甲基化的研究,大多数情况下依然是借助于亚硫酸氢盐修饰,而该过程会引起DNA的大量损失。所以需要对该过程加以优化以满足DNA甲基化超微量研究的需求。伯豪生物通过大量的实验测试,优化了该过程,现在已经具备为客户提供单细胞甲基化研究服务的能力。结合单细胞的RNA测序(Smart-seq),可以从多个维度深入了解生物体发育和分化过程中基因表达的动态变化。

scWGBS的技术优势

DNA起始量要求低:超微量检测,仅需个位数的细胞量
生信分析:获取信息量大、可精细化分析
数据质量: mapping ratio、冗余度等接近正常WGBS数据

scWGBS实验流程



样本要求

物种: 人,大小鼠,其他物种需评估
类型: 细胞系、原代细胞、新鲜组织、冻存细胞
数据量: PE 150bp, 15G
保存运输: 单细胞样本0.2ml低吸附管收集,液氮保存,干冰寄送(或联系当地销售寄送保护液)

应用方向

肿瘤异质性: 揭示癌细胞的甲基化图谱
细胞分化: 绘制细胞分化调控表观图谱
免疫微环境: 免疫细胞激化、分化等过程的表现调控机制
神经科学: 神经细胞亚型分类、探究神经相关疾病的分子机制



服务科技创新,护航人类健康!

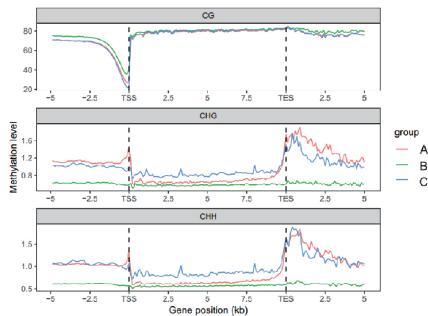
咨询热线:800-820-5086/400-820-1803

电话:021-58955370
网址:www.shbio.com

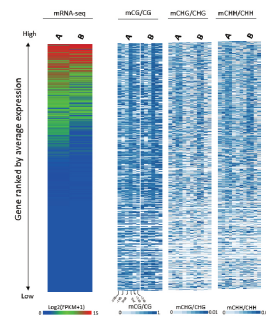
邮箱:market@shbio.com
地址:上海张江高科技园李冰路151号

数据分析展示

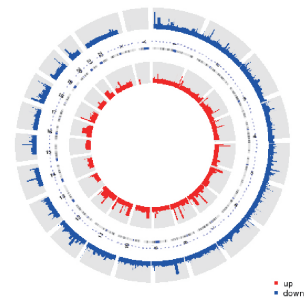
基础分析	高级分析
1、原始数据处理	1、T-sne 降维算法展示细胞分组情况
2、数据过滤及质控	2、启动子区所有位点高低甲基化展示（散点图）
3、转化效率评估	3、特定基因 CG 位的位点甲基化程度展示（差异展示）
4、基因组比对	4、圈图展示不同样本甲基化程度在所有染色体上的甲基化分布
5、差异甲基化位点和区段筛选	5、所有基因不同功能区域的甲基化走势分析
6、差异甲基化位点或区段的基因注释	6、CGI 上下游功能区域的甲基化走势分析
7、差异甲基化位点或区段的可视化展示	7、特定基因的甲基化走势分析
	8、Methyl&RNA 的整体联合分析（热图、散点图）
	9、基于甲基化数据的 K-means 聚类
	10、基于甲基化数据的 WGCNA 分析
	11、基于甲基化数据的 IPA 分析



所有基因不同功能区域的甲基化程度走势分析



DNA甲基化与mRNA表达的联合分析



圈图展示差异甲基化位点
在不同染色体上的分布

案例解析

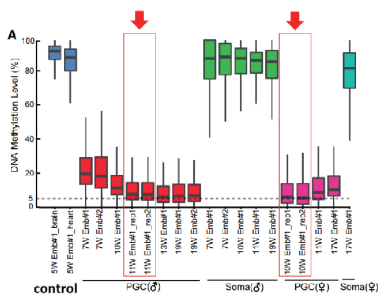
题目：人原始生殖细胞的转录组和DNA甲基化谱

发表杂志: Cell

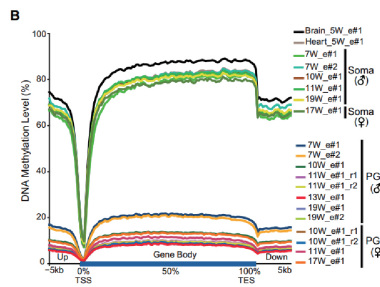
影响因子: 31.398

发表单位: 北京大学第三医院

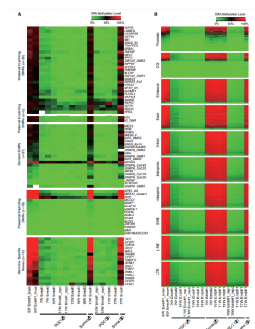
文章摘要: 生殖细胞对于将遗传信息从一代传递到下一代以及维持物种的延续至关重要。在这里, 作者在单细胞和单碱基分辨率下分析了人类原始生殖细胞 (PGCs) 从迁移阶段到性腺阶段的转录组。人 PGC 显示独特的转录模式, 涉及多能性基因和种系特异性基因的同时表达, 其中一部分显示发育阶段特异性特征。此外, 还同时分析了人类 PGCs 的 DNA 甲基化组, 并发现其基因组的整体去甲基化。妊娠后大约 10 至 11 周, PGC 几乎没有任何 DNA 甲基化发生, 男性和女性 PGC 中平均甲基化水平仅分别为 7.8% 和 6.0%。该工作为破译生殖系复杂的表观遗传重编程奠定了基础, 旨在揭示受精卵母细胞的全能性。



人类 PGCs 显示出整体的低甲基化模式



PGC 的甲基化程度有明显的降低,
同时 gene body 区的甲基化程度会轻微高于两侧的基因区间。



不同功能区域在不同时期的
甲基化程度变化很大