

完整流程
精准分析

公司简介

新格元生物科技有限公司秉持着“格物致知，识微通元”的创新性理念，致力于将突破性的单细胞多组学分析技术应用于科学研究、临床检测、健康管理和药物开发。公司于2018年1月注册成立，2018年5月获得由元禾原点领投的数千万元天使轮融资，2019年6月获得由夏尔巴投资领的近亿元人民币Pre-A轮融资，2020年9月完成3000万美元A轮融资，11月完成超过1000万美元融资，12月再次获得近3000万美元的A2轮融资，2021年11月获得由清池资本领投的近亿美元B轮融资，迄今为止新格元生物总融金额接近两亿美元。

公司自主研发了基于微流控芯片的创新性GEXSCOPE®单细胞技术平台。该技术平台突破了常规单细胞测序技术在周期、通量和成本等方面的瓶颈，为单细胞分析技术在临床检测上的应用扫除了障碍。



南京

位于江北新区生物医药谷近3000m²临检，研发，办公场地。入选创业江北，创业南京。



苏州

生物医药产业园，1200m²实验/办公场地，筹备：GMP生产基地。入选重大领军项目。



美国和德国

公司注册成立，早期技术开发和引进，PCT申请主体，后继：海外市场拓展，当地合作项目。

公司理念

新格元坚持以专业、精准、创新、市场导向为理念。

专业性
高标准，严要求，完善技能

精准性
全面性，准确性，解读数据



导向性
开放性，竞争性，市场导向

创新性
新产品，新技术，开拓创新

发展历程

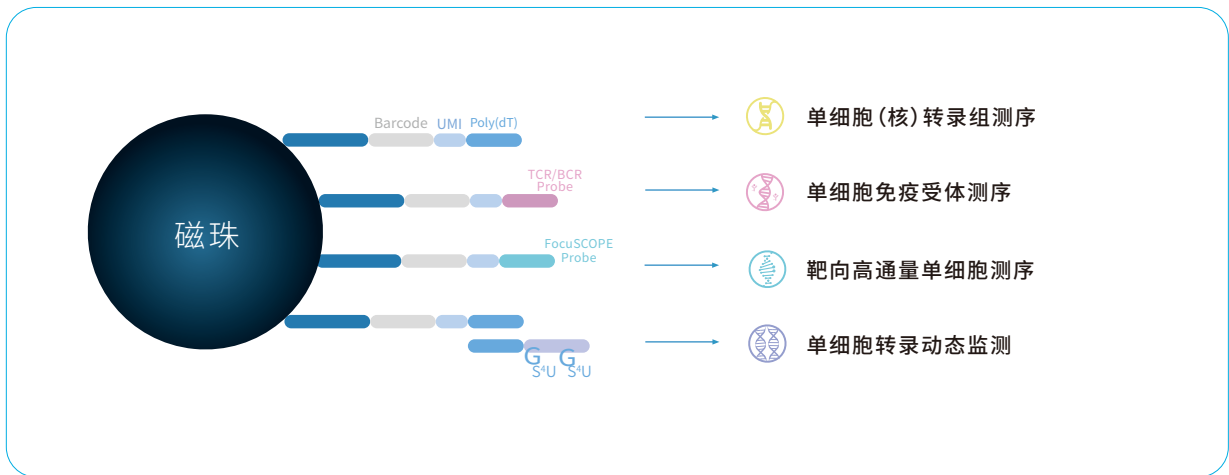
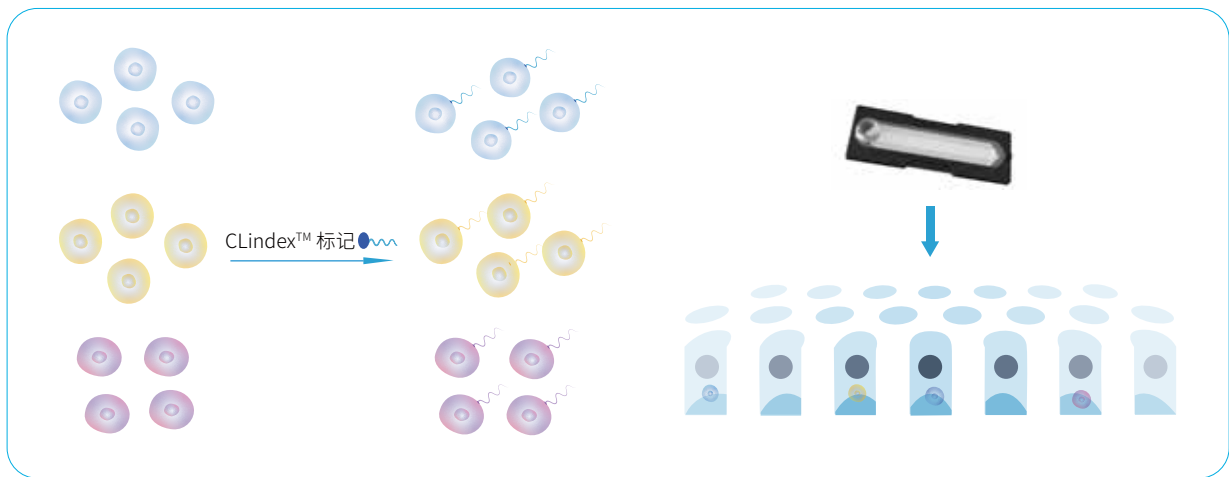


荣誉资质



近年来，单细胞转录组技术在多个研究领域都发挥了重要的推进作用，然而单一的转录本研究不能全面体现生命进程的变化，因此单细胞多组学联合分析成为解析生命进程的有力工具。基于单细胞多组学发展的需求，新格元不断致力于新产品的开发，在单细胞转录组基础上，已推出单细胞免疫受体测序，单细胞靶向测序，单细胞动态转录组测序，单细胞多样同测等测序服务，不断更新服务产品，实现在同一细胞内同时捕获多重组学信息，帮助人们理解生命现象、研究发病机制、发现诊断生物标志物及治疗靶点，为科研人员及临床专家提供新的维度和视角。

GEXSOCPE®单细胞多组学核心原理



SCOPE-Chip™微流控微孔芯片的微孔中，磁珠可捕获单细胞（核）释放的mRNA，实现分离和标记，通过设计不同的探针序列，可以实现对单细胞/单细胞核靶向序列及免疫受体的捕获。CLindex™基于化学基团与细胞膜表面蛋白氨基的共价结合，实现不同物种、细胞类型的无偏标记。DynaSCOPE™基于碱基类似物S⁴U的培养，将检测到的RNA转录本区分出“新”和“旧”。

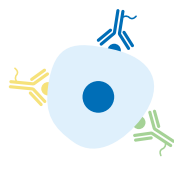
新格元单细胞测序服务

自研产品服务



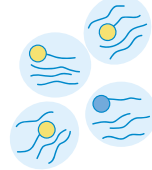
单细胞(核)转录组测序

单细胞核转录组测序获取单细胞表达信息，单细胞核转录组突破样本限制，使冷冻样本、神经元细胞等单细胞测序成为可能。



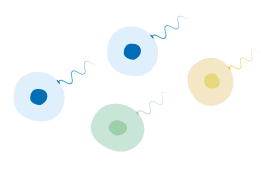
单细胞免疫受体测序

同时获得单细胞的V(D)J序列信息及基因表达信息，对复杂细胞群进行深入分析。



单细胞转录动态监测

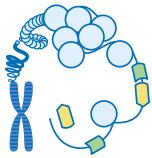
同时获得单细胞中“新、旧”转录本，在单细胞分辨率下了解基因的稳定性的。



单细胞多样同测

基于化学基团与细胞膜表面氨基的共价结合，实现多样同测。

其他服务



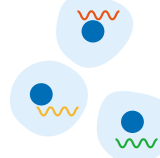
单细胞 ATAC 测序

单细胞水平揭示细胞核内染色质可及性的差异，探究细胞的表现遗传特性。



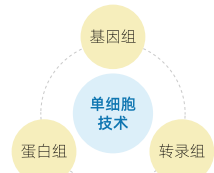
空间转录组

使基因表达谱可以被定位回它们的原始位置，实现空间转录组图谱绘制。



单细胞 CRISPR 测序

大规模扰动基因表达并构建单细胞基因网络图谱，探究基因表达调控网络。



单细胞测序多组学联合分析

从单细胞、多分子层次出发，系统研究DNA、RNA、蛋白质之间的相互作用和机制，多角度诠释生物学现象或意义。

GEXSCOPE®单细胞服务流程



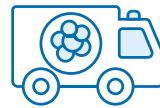
01

明确项目需求



02

定制项目方案



03

样本运输



04

单细胞悬液制备



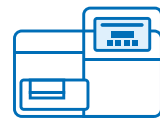
08

结果交付



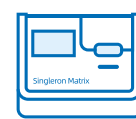
07

生信分析



06

上机测序

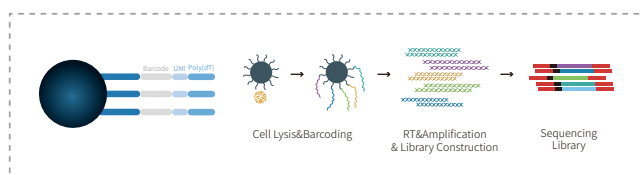


05

单细胞测序文库构建

单细胞转录组测序

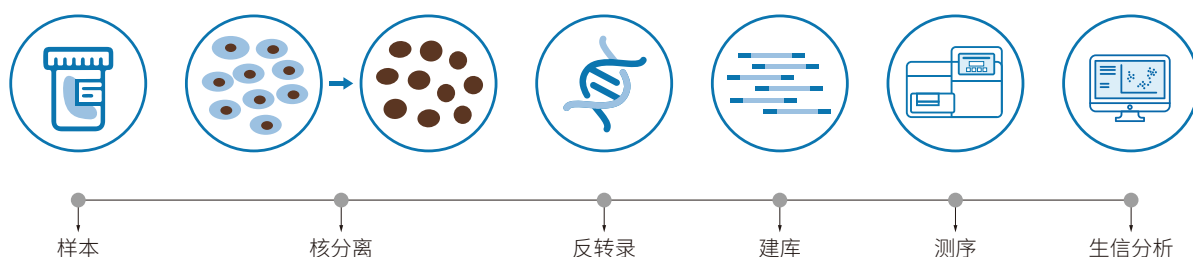
新格元SCOPE-Chip™微流控微孔芯片的微孔中，通过物理分隔实现单细胞分离，磁珠上的Barcode实现单细胞标记，Poly(dT)捕获单细胞(核)释放的mRNA。



单细胞核转录组测序

新格元研发优化核提取流程，直接从组织提取细胞核，突破样本类型限制，使冷冻样本，直径大的细胞，以及神经元细胞等的研究成为可能。

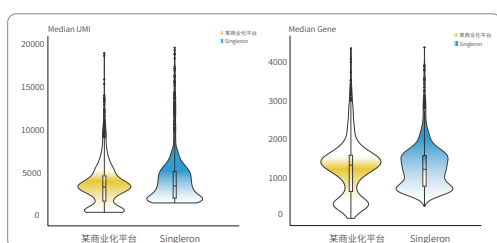
单细胞核转录组工作流程



数据展示

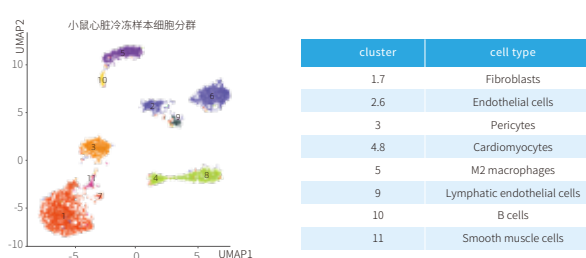
单细胞转录组

使用新格元单细胞产品及市场上某商业化平台同时处理PBMC样本，发现二者基因检出数持平。



单细胞核转录组

采用新格元GEXSCOPE®单细胞核转录组建库试剂盒对小鼠心脏冷冻样本进行处理。小鼠心脏细胞分群清晰，各亚群注释明确，可实现冷冻样本的单细胞研究。



适用样本类型

单细胞转录组

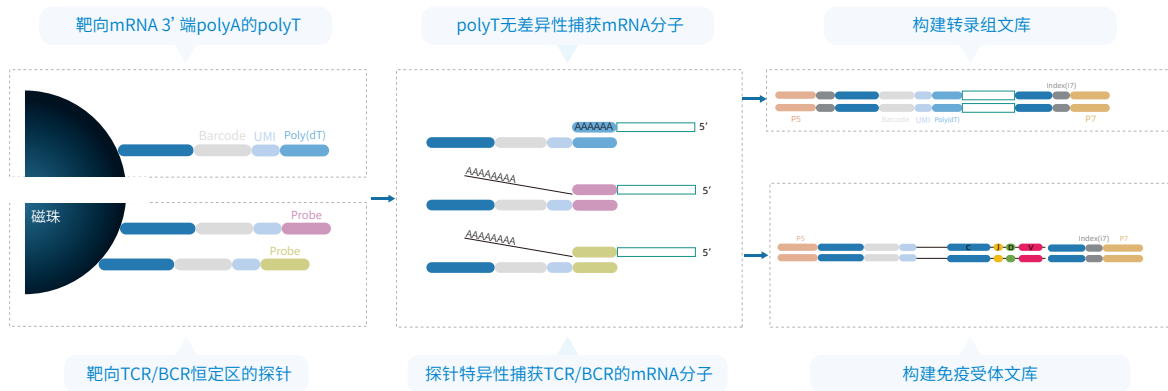


单细胞核转录组

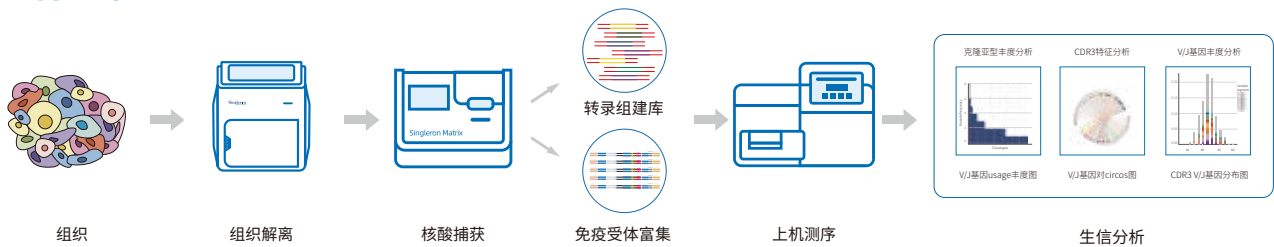


单细胞免疫受体测序

通过特异性靶向TCR/BCR 恒定区的探针，能在mRNA捕获阶段特异性捕获TCR/BCR的mRNA分子，从而有效提高TCR/BCR分子的捕获效率。

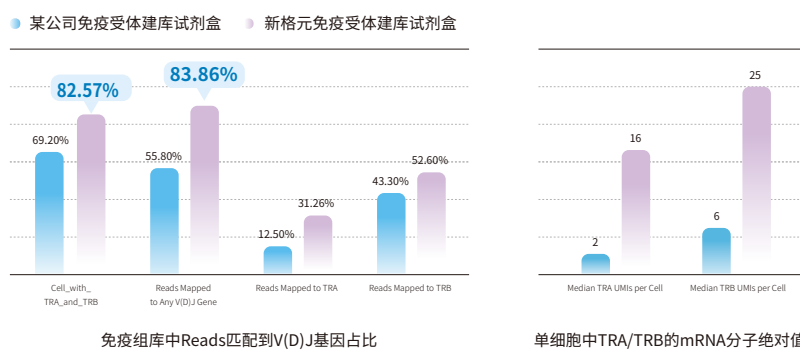


工作流程



数据展示

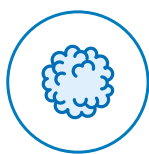
使用新格元单细胞免疫受体建库试剂盒构建的免疫受体文库中，TCR的 α 和 β 链的配对率高达82.57%，Reads中匹配到V(D)J基因的占比高达83.86%



应用方向



免疫研究



肿瘤研究



神经生物学研究

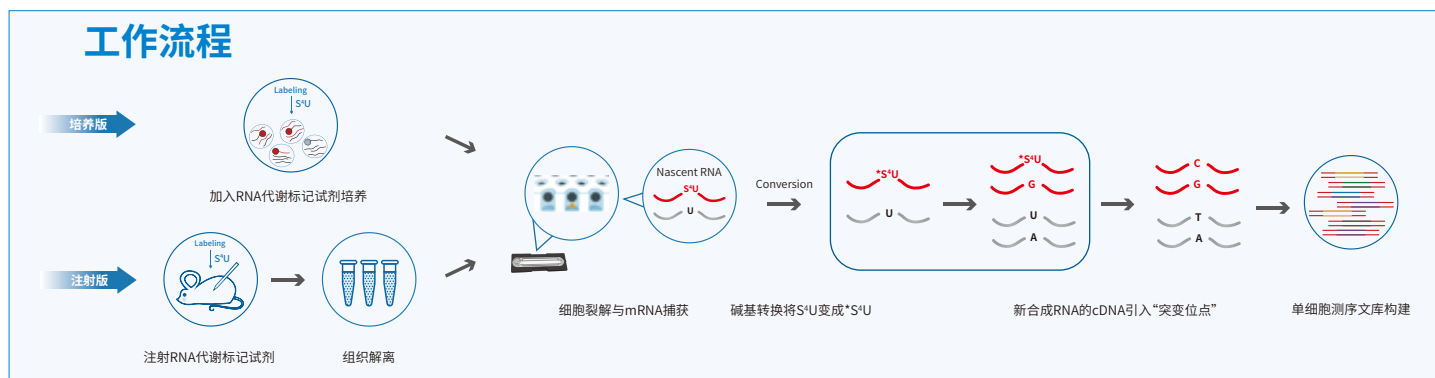


发育研究

单细胞转录动态监测

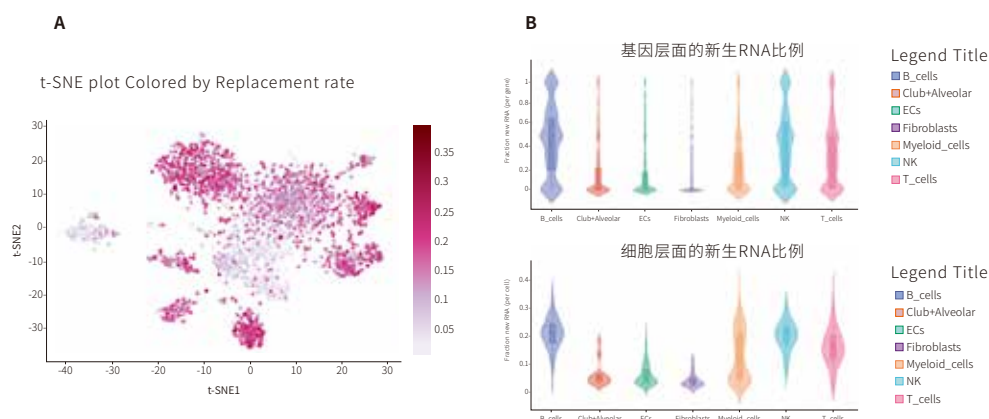
DynaSCOPE™单细胞转录动态监测利用微流控系统，将mRNA代谢标记和高通量单细胞转录组测序整合，用Cell Barcode对数千至数十万个细胞进行标记，不仅能够在单细胞层面检测到数千个基因的数量，同时检测到RNA转录本的“新”及“旧”，在丰富多维的单细胞测序信息的同时加上了时间的维度，实现高通量的RNA转录动态监测。

工作流程



数据展示

通过DynaSCOPE™单细胞转录动态监测试剂盒对小鼠肺样本进行处理，标记2h后进行单细胞实验，左图(A)展示了在不同细胞亚群的RNA转录活跃度，右图(B)通过对该样本进行单细胞转录组分群及注释分析，在细胞及基因层面(新生RNA的比例)发现不同细胞亚群/基因其转录活跃状态差异，获得新生RNA的比例。



应用方向

解析单细胞真实转录动态

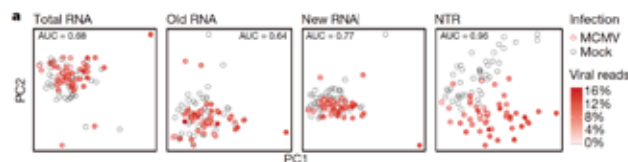
单细胞转录组结果



DynaSCOPE™结果



处理效应较弱样本分群

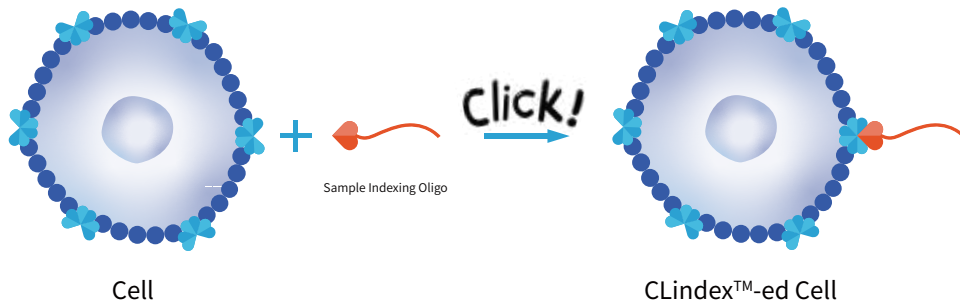


早期响应基因内含子较短，无法通过RNA-Velocity分析方法准确预测单细胞转录动态变化，需要使用单细胞转录动态测序还原细胞真实的转录动态。

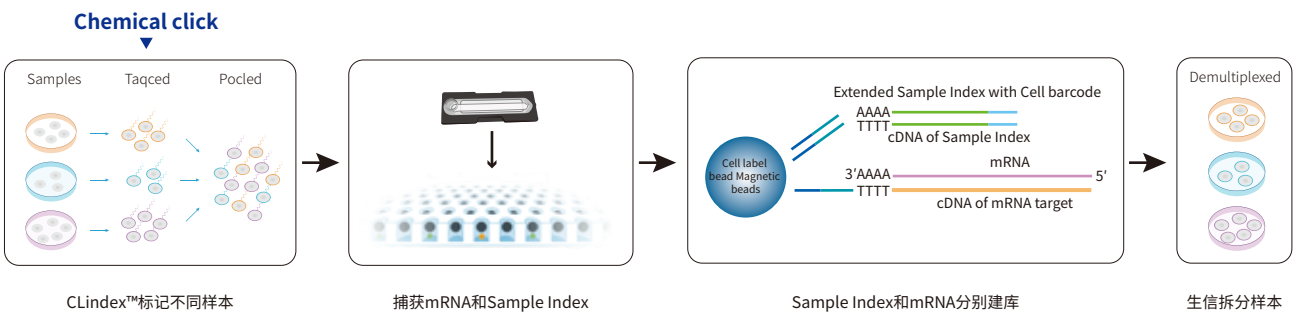
病原感染是一种很弱的处理效应，弱于细胞间差异，无法用总mRNA区分，但新生的mRNA对处理效应比较敏感，可以用新mRNA对感染和未感染的细胞做区分。

CLindex™单细胞多样同测服务

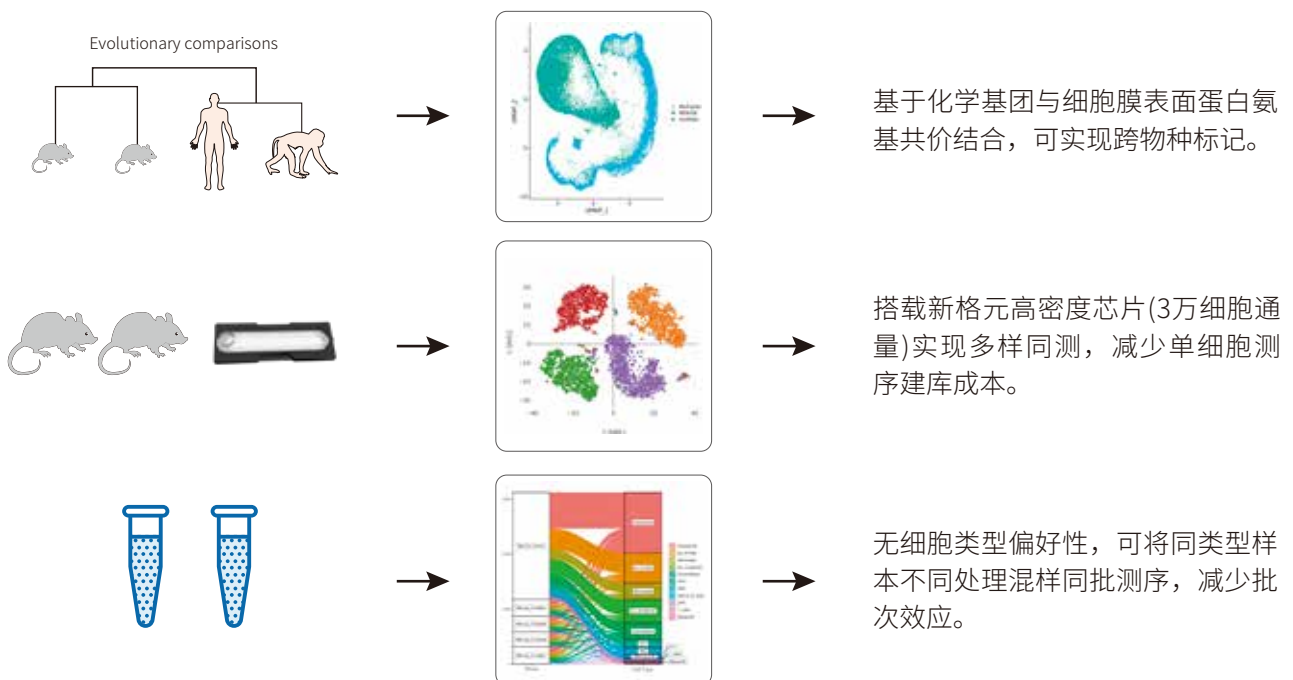
新格元推出基于化学基团偶联寡核酸的CLindex™多样本同测技术，能高效结合细胞膜表面蛋白，可实现多样本跨物种标记，具有广谱性。搭配GEXSCOPE®单细胞转录组测序，可完成单细胞分离到测序文库构建的全流程实验，用于多样本平行研究，提升单细胞样本检测通量。



工作流程

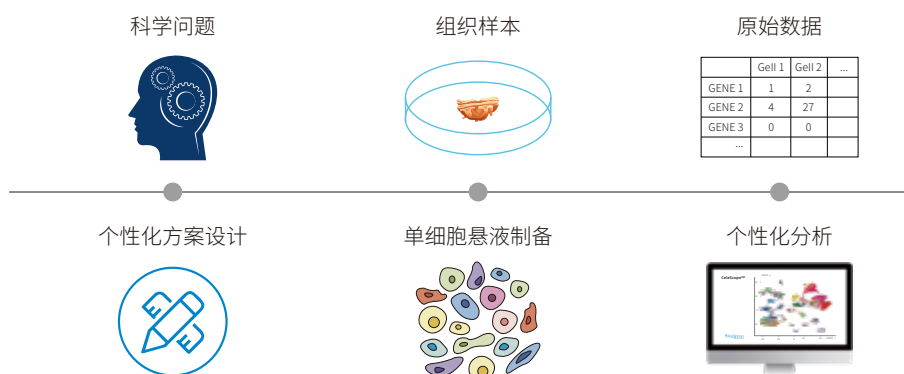


单细胞多样同测优势及应用



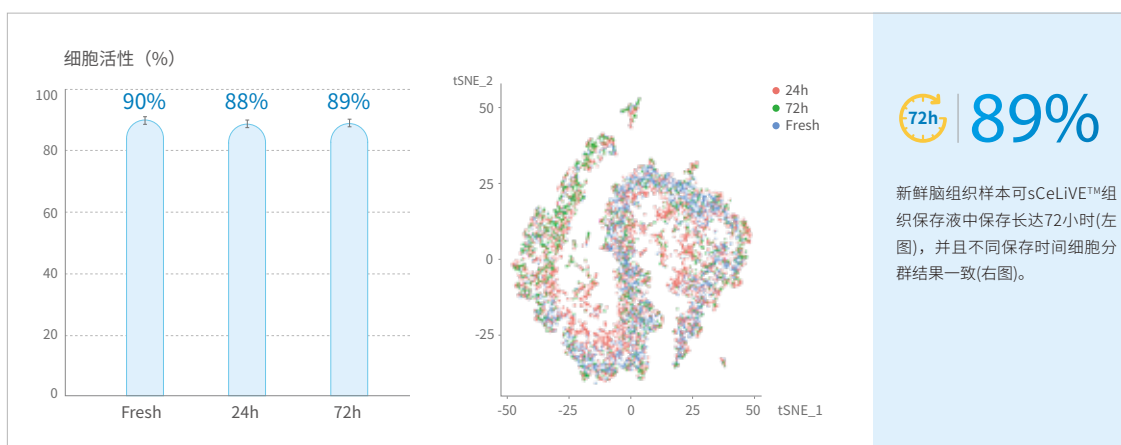
新格元单细胞测序服务优势——从方案设计至个性化分析的全面解决方案

一对一个性化服务



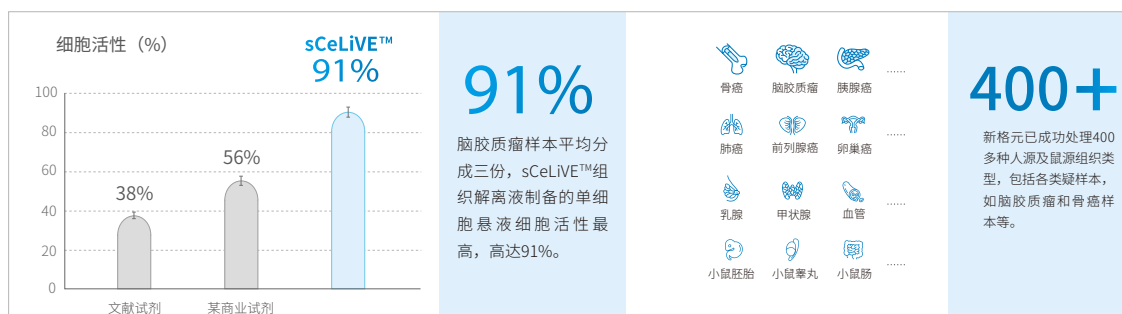
样本保存解决方案

单细胞测序技术对样本质量要求高，新鲜组织样本需要立即处理以保持细胞活性，然而临床实验中多种因素导致组织样本不能被立即解离。针对此问题，新格元自主研发了sCeLiVE™组织保存液，新鲜组织样本离体后可在2-8°C下保存长达72h，对细胞活性及分群无明显影响，解决临床样本保存运输问题，实现组织样本的异地解离。



组织解离解决方案

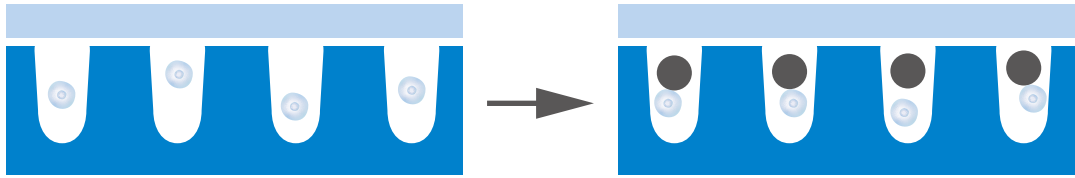
组织解离是单细胞测序的首要难题，不同组织的解离往往需要不同的反应条件，这些条件要经过繁琐的优化过程才能获得。新格元独特酶组合的sCeLiVE™组织解离液，可适用于不同样本类型，并制备高质量的单细胞悬液，细胞活性高、损失少。新格元已成功处理400多种人源及鼠源组织类型，包括各类疑难样本，如脑胶质瘤和骨癌样本等。



因“样”制宜的芯片

• 高密度芯片

新格元基于自有 GEXSCOPE®平台开发了高密度微流控芯片，单张芯片即可捕获细胞数达30000以上，突破了一般高通量单细胞平台一次捕获10000个细胞的限制。



• 高密度芯片应用场景



构建全面细胞图谱

新格元开发了高密度芯片，使细胞通量提高至30000以上，能检测到0.15%的稀有细胞，构建全面的细胞图谱。

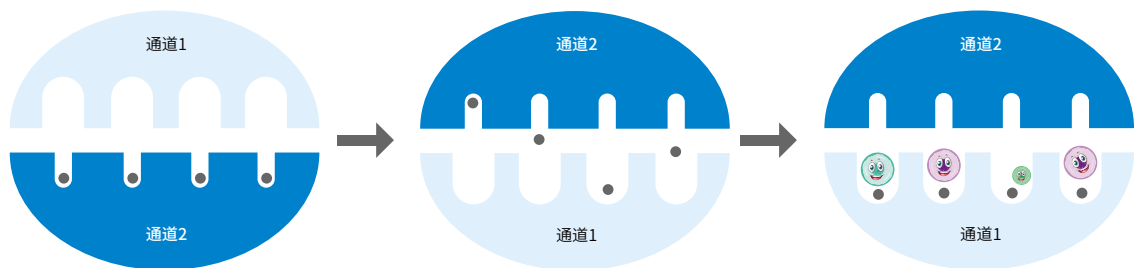


结合CLindex™实现多样同测

高密度芯片搭配新格元混样试剂CLindex™实现多样同测，大大降低单细胞测序建库成本。

• 大孔芯片

新格元基于自有GEXSCOPE®平台开发了大孔芯片，突破了一般高通量单细胞平台捕获细胞大小的限制，使心肌细胞、肝实质细胞等大细胞的捕获成为可能。



细胞注释解决方案

单细胞测序细胞注释通常依赖公共数据和文献发表的经典Marker基因，但公共数据库Marker基因往往不全，而查文献又耗时耗力，因此新格元自主搭建了全球领先水平的单细胞数据库SynEcoSys[®]，将单细胞研究领域最新发表文献中的Marker实时更新到数据库里，为客户提供精确的细胞注释。

便捷

为用户节省大量文献阅读时间，一键获取单细胞数据的关键信息。

精确

自动化注释结合人工审核，确保细胞注释结果准确可靠。

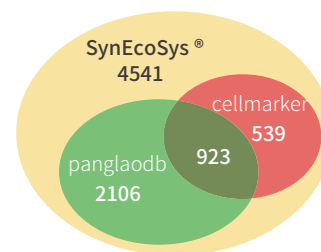
全面

SynEcoSys[®]不仅收录已发表的单细胞公共数据集(cellmarker, panglaodb等)，还包含新格元自测单细胞数据集。

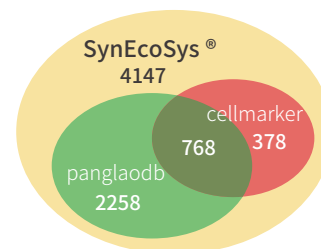
时效

SynEcoSys[®]实时更新单细胞研究领域最新发表的文献信息及数据集。

Homo Sapiens



Mus Musculus

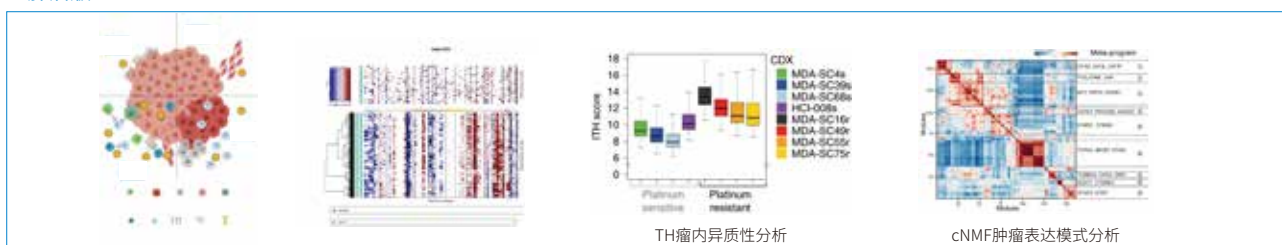


SynEcoSys[®]中收录的人源和鼠源Marker基因数量与两个公共数据库中收录的Marker基因数量

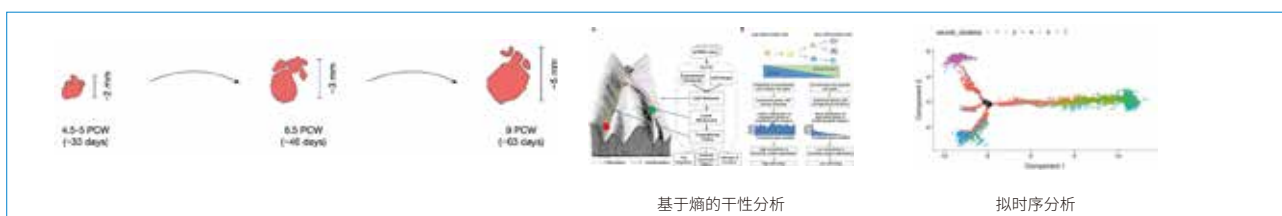
个性化分析解决方案

单细胞测序细胞标准分析通常提供质控信息和常见分析的图形展示，很少直接应用到论文中，因此新格元还针对不同客户的研究方向制定了个性化分析方案，为客户提供最适合的分析选择，并建立微信群进行一对一沟通，为数据挖掘提供专业意见。

• 肿瘤版



• 发育版



• 综合定制通用版——包含肿瘤版和发育版全部分析条目



部分文章列表

- [01] Jiang G, Tu J, Zhou L, et al. Single-cell transcriptomics reveal the heterogeneity and dynamic of cancer stem-like cells during breast tumor progression. *Cell Death Dis.* 2021 Oct 21;12(11):979.
- [02] Li Yinchuan, Mi Panpan, et al. Tex13a optimizes sperm motility via its potential roles in mRNA turnover. *Frontiers in Cell and Developmental Biology.* 2021.
- [03] Huang Y, Yu J, et al. Durable tracking anti-SARS-CoV-2 antibodies in cancer patients recovered from COVID-19. *Sci Rep.* 2021 Aug 30;11(1):17381.
- [04] Xiaolong Wu, et al. "Single cell ATAC-Seq reveals cell type-specific transcriptional regulation and unique chromatin accessibility in human spermatogenesis." *Human Molecular Genetics*(2021).
- [05] Yinchuan Li, et al. "Dynamic Profiles and Transcriptional Preferences of Histone Modifications During Spermiogenesis." *Endocrinology*(2021).
- [06] Xiaorong Wang, et al. "BET bromodomain inhibitor JQ1 regulates spermatid development by changing chromatin conformation in mouse spermatogenesis." *ScienceDirect*(2021).
- [07] Hu X, Jia J, et al. PLCE1 Polymorphisms Are Associated With Gastric Cancer Risk: The Changes in Protein Spatial Structure May Play a Potential Role. *Front Genet.* 2021 Aug 31;12:714915.
- [08] Xu Kun, et al. "Integrative analyses of scRNA-seq and scATAC-seq reveal CXCL14 as a key regulator of lymph node metastasis in breast cancer." *ResearchGate*(2021).
- [09] Zhang Y, Li J, et al. A preliminary investigation into the immune cell landscape of schistosome-associated liver fibrosis in humans. *Immunol Cell Biol.* 2021 Sep;99(8):803-813.
- [10] Xu J, Shen C , et al. Single-Cell Profiling Reveals Transcriptional Signatures and Cell-Cell Crosstalk in Anti-PLA2R Positive Idiopathic Membranous Nephropathy Patients. *Front Immunol.* 2021 May 31;12:683330.
- [11] Yao XH, Luo T, et al. A cohort autopsy study defines COVID-19 systemic pathogenesis. *Cell Res.* 2021 Aug;31(8):836-846.
- [12] Fengying Wu, et al. "Single-Cell Profiling of Tumor Heterogeneity and Its Microenvironment in Advanced Non-small Cell Lung Cancer". *Nature Communications*(2021).
- [13] Chen, Shitao, et al. "Human obstructive (postvasectomy) and nonobstructive azoospermia—insights from scRNA-Seq and transcriptome analysis." *Genes & Diseases* (2020).
- [14] Tao Y, Yang R, et al. Preliminary analyses of scRNA sequencing and immunohistochemistry of children's lung tissues indicate the expression of SARS-CoV-2 entry-related genes may not be the key reason for the milder syndromes of COVID-19 in children. *Clin Transl Med.* 2021 May;11(5):e300.
- [15] Xu K, Wang R, et al. Single-cell RNA sequencing reveals cell heterogeneity and transcriptome profile of breast cancer lymph node metastasis. *Oncogenesis.* 2021 Oct 5;10(10):66.
- [16] Qing G, Zhiyuan W, et al. Single-Cell RNA Sequencing Revealed CD14+ Monocytes Increased in Patients With Takayasu's Arteritis Requiring Surgical Management. *Front Cell Dev Biol.* 2021 Oct 4;9:761300.
- [17] Zhao X, Li H, Lyu S, et al. Single-cell transcriptomics reveals heterogeneous progression and EGFR activation in pancreatic adenocarcinoma. *Int J Biol Sci.* 2021 Jun 22;17(10):2590-2605.
- [18] Li CJ, Xiao Y, et al. Senescent immune cells release grancalcin to promote skeletal aging. *Cell Metab.* 2021 Oct 5;33(10):1957-1973.e6.
- [19] Xu K, Zhang W, et al. Integrative analyses of scRNA-seq and scATAC-seq reveal CXCL14 as a key regulator of lymph node metastasis in breast cancer. *Hum Mol Genet.* 2021 Apr 27;30(5):370-380.
- [20] Tang R, Meng T, et al. A Partial Picture of the Single-Cell Transcriptomics of Human IgA Nephropathy. *Front Immunol.* 2021 Apr 16;12:645988.

新格元生物科技有限公司

地址：南京市江北新区药谷大道11号加速器二期06栋4-5层
苏州市工业园区星湖街218号生物纳米园B4楼401单元

邮箱：singleron@singleronbio.com

了解更多请访问

www.singleronbio.com

欢迎致电新格元

025-58165529

