

# 全面的 单细胞生信分析 解决方案

自有单细胞数据库  
SynEcoSys®

专业团队  
个性化定制分析





## 新格元分析两大优势

自有单细胞数据库SynEcoSys®

专业团队个性化定制分析

## SynEcoSys®单细胞数据库

### 数据库优势



#### 注释精准

SynEcoSys®收录的所有公共数据经过新格元统一流程处理，并人工审核。机器学习算法结合人工审核，注释结果精准可靠。



#### 数据全面

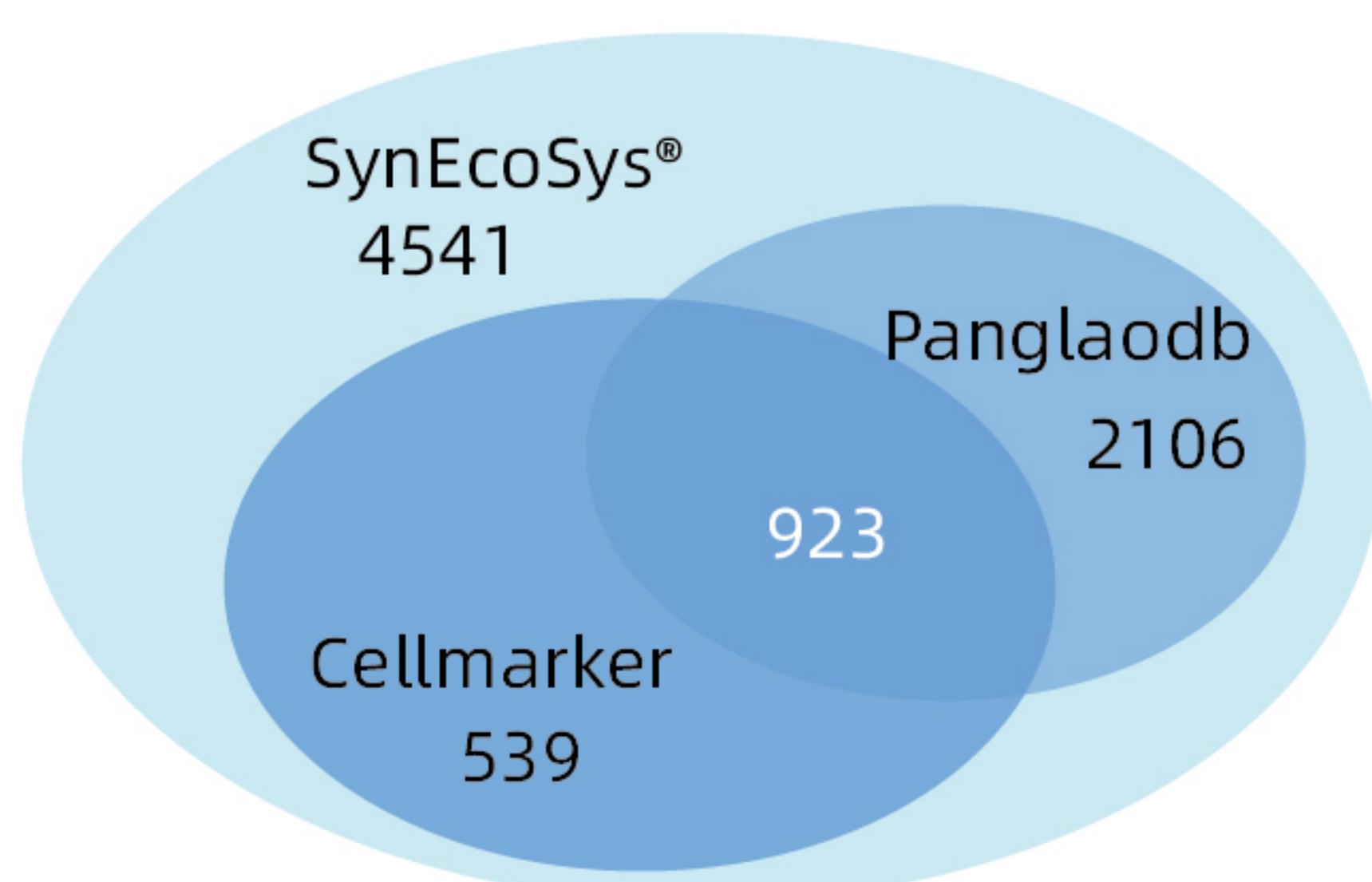
SynEcoSys®收录的公共数据集可二次挖掘。内容包括基因水平细胞通讯；免疫细胞组织和对应的细胞类型，疾病和肿瘤的信息并建立了他们之间的联系。



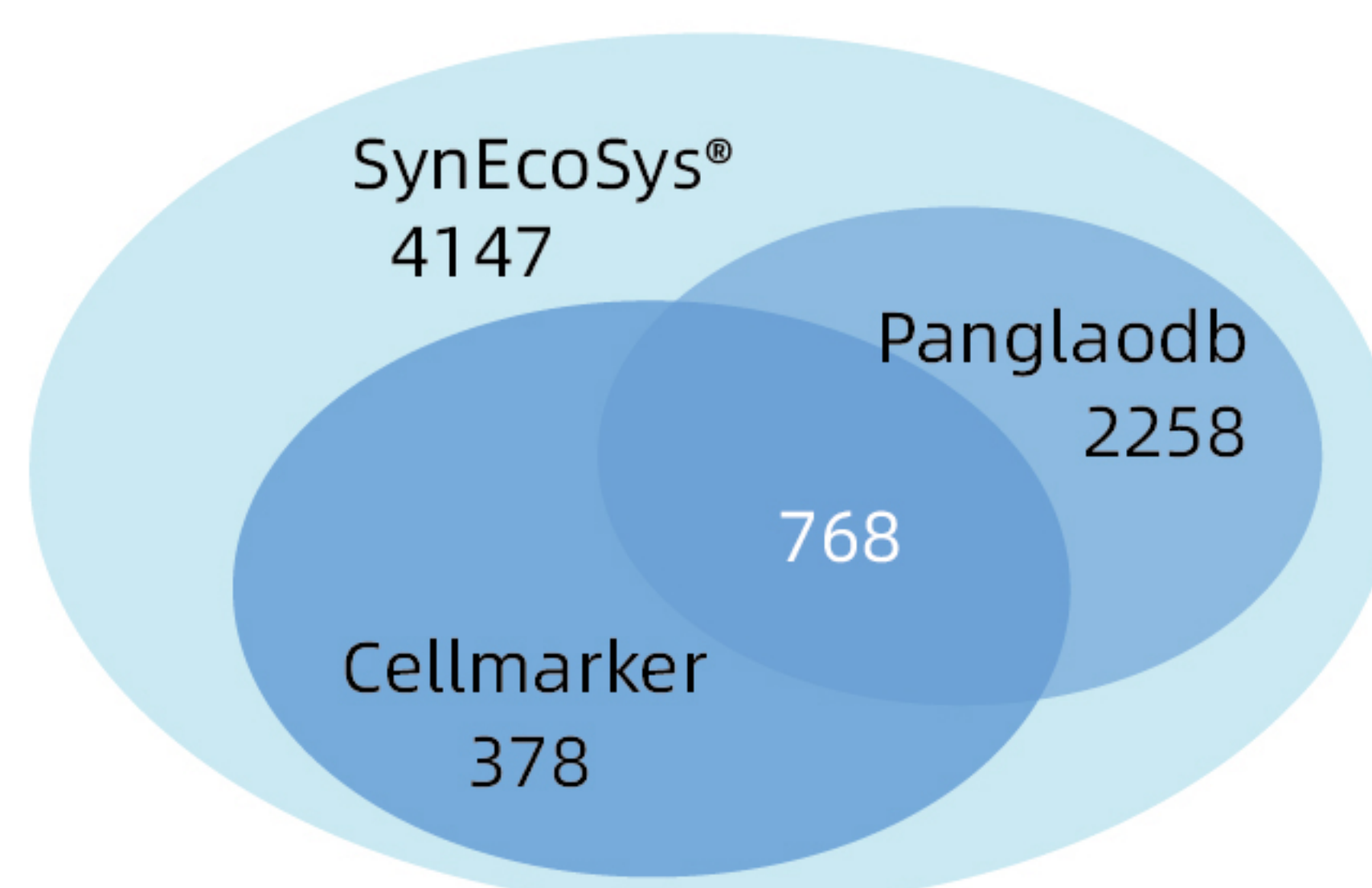
#### 实时更新

SynEcoSys®实时更新单细胞领域新发表文献相关信息和数据集，并含有大量自有单细胞测序数据。可以结合临床数据进行深入解读，信息获取较公共数据有时间优势。

### *Homo Sapiens*



### *Mus Musculus*



以上数据截止2021年8月

SynEcoSys®单细胞数据库与两个公共数据库中收录的人源和鼠源Marker基因数量 (SynEcoSys®持续更新中)





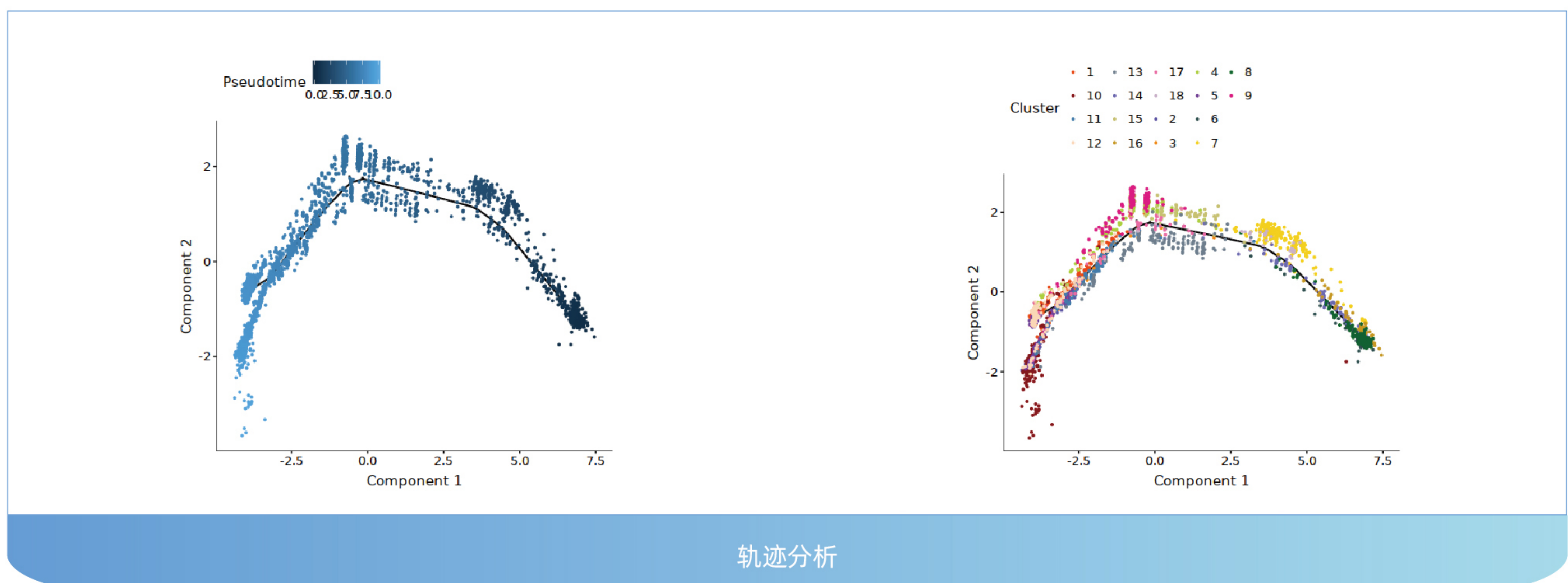
## 专业团队个性化定制分析

新格元生信分析团队不仅为客户提供标准化的分析内容、经过严格测试和评估的高级分析内容，还可以结合客户项目需求，提供全方位的个性化定制分析服务。

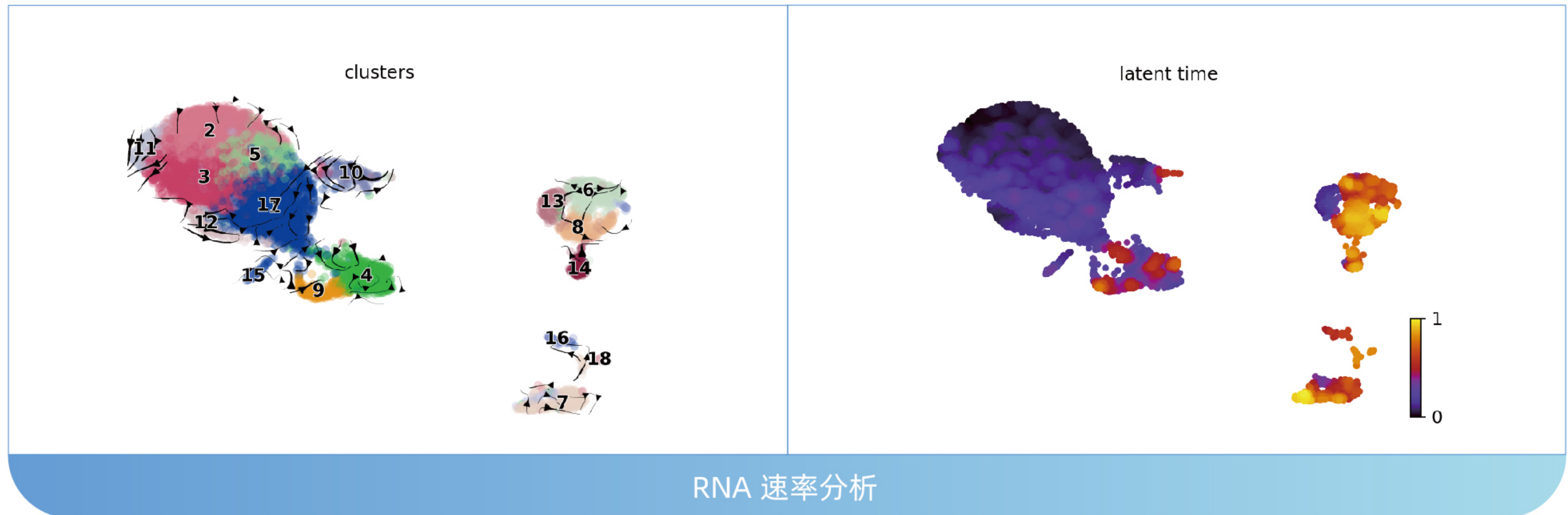
细胞指标质控展示	✓	✓
细胞分型展示	✓	✓
细胞类型注释		✓
Marker基因展示	✓	✓
组间比对	✓	✓
发育分化分析（轨迹分析、RNA速率分析）	✓	✓
细胞通讯分析与转录因子调控网络分析	✓	✓
异质性分析(拷贝数异常、肿瘤异质性)	✓	✓
通路分析与蛋白互作网络分析	✓	✓
细胞干性分析		✓
多样本联合分析		✓
单细胞转录组联合bulk RNA（TCGA）分析		✓
单细胞转录组联合TCR分析		✓
单细胞转录组联合ATAC-seq分析		✓

### ● 标准分析

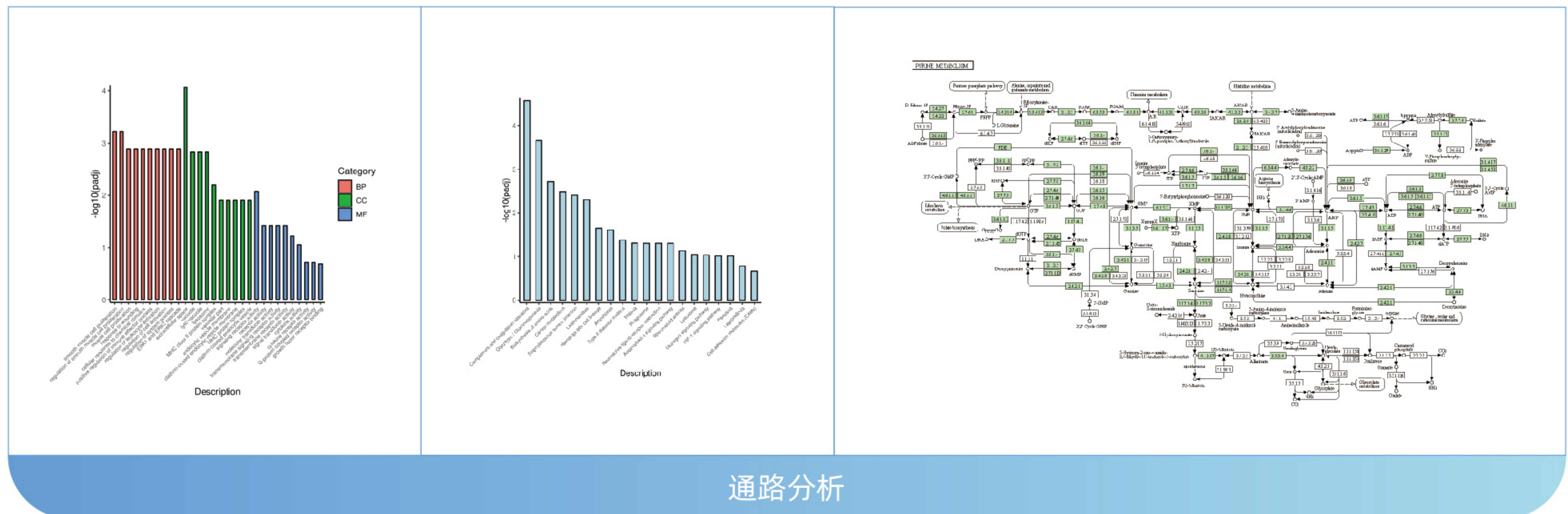
与常规单细胞转录组数据分析相比，新格元加入多维度分析内容，数据分析更加全面丰富。除了常规的QC报告和基因列表外，新格元标准分析还包括发育分化分析（包括轨迹分析、RNA速率分析）、通路分析和蛋白互作网络分析、细胞通讯分析与转录因子调控网络分析。



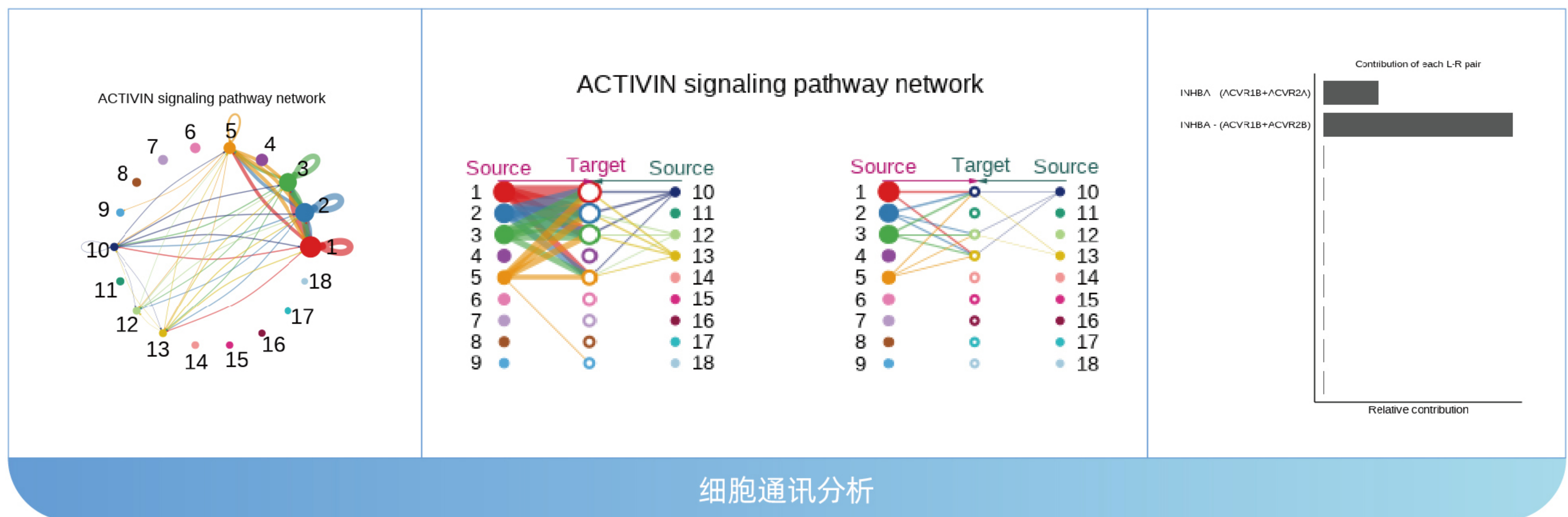




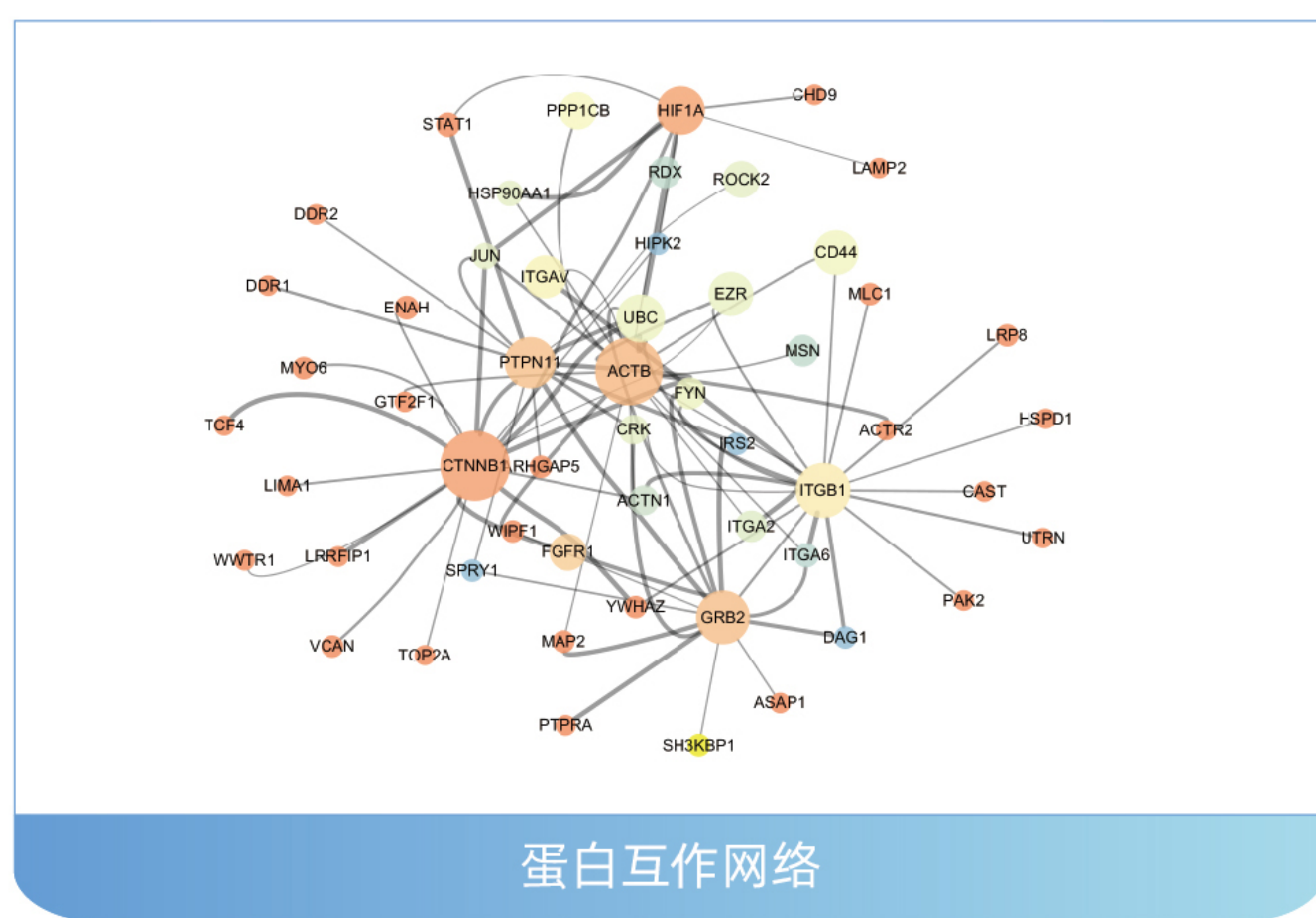
RNA 速率分析



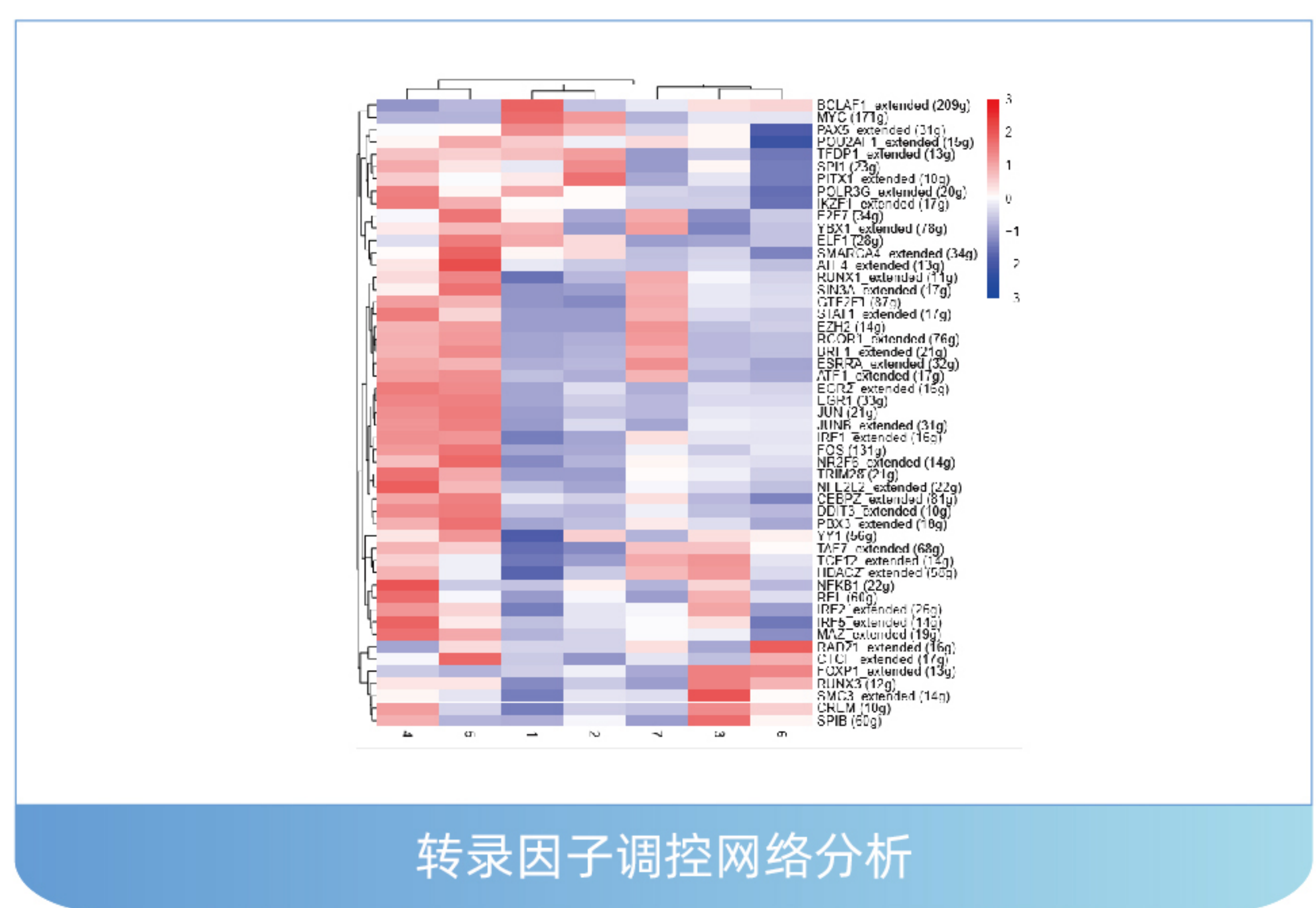
通路分析



细胞通讯分析



蛋白互作网络



转录因子调控网络分析



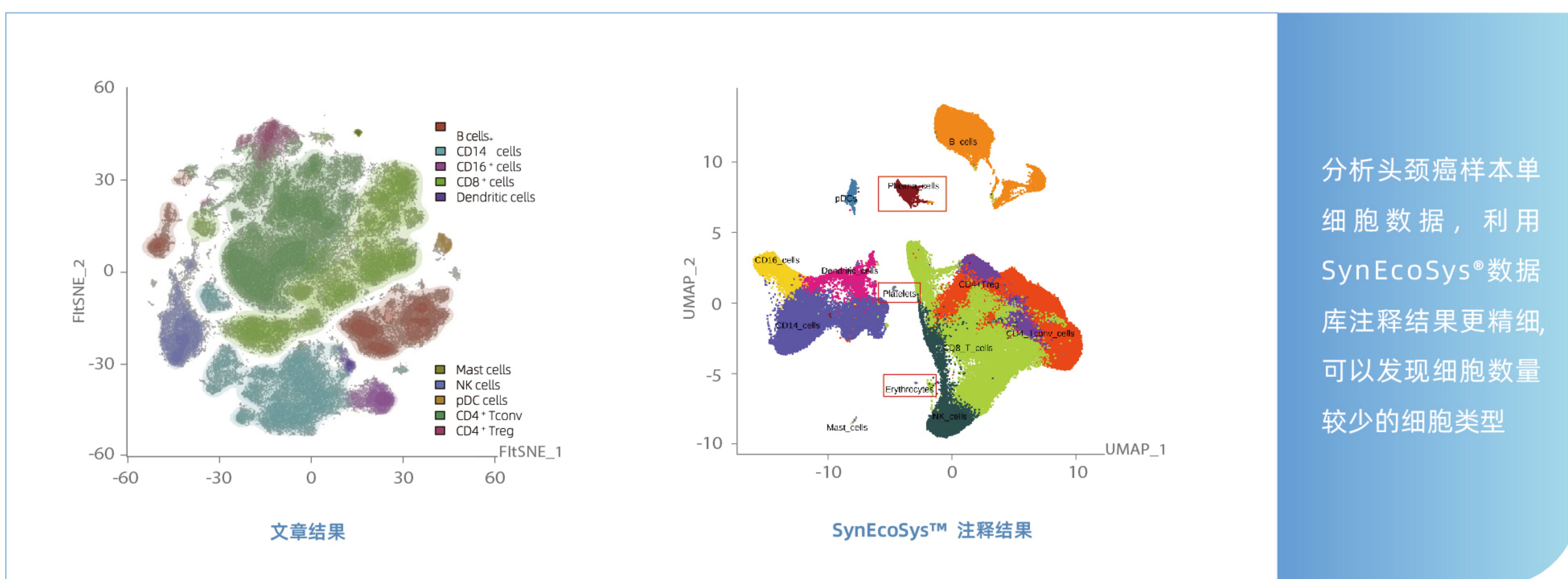


## ● 个性化分析

新格元的分析团队将传统和最新发表文章中的分析方法进行严格测试和评估，挑选出对于每个分析环节数据特点的分析方法。根据每个项目的独特需求，新格元提供个性化定制的分析服务，满足研究需求。

### 细胞类型注释

新格元利用独有SynEcoSys®数据库和机器学习算法自动注释已知细胞类型，并通过人工审核保证注释结果可靠性，为用户提供准确的注释结果并节省大量查阅文献的时间。



### 多样本整合分析——组间比对

样本之间的比较，组别之间的比较将不同样本数据进行整合，可以发现样本间的异同，有助于进行样本间的差异分析。

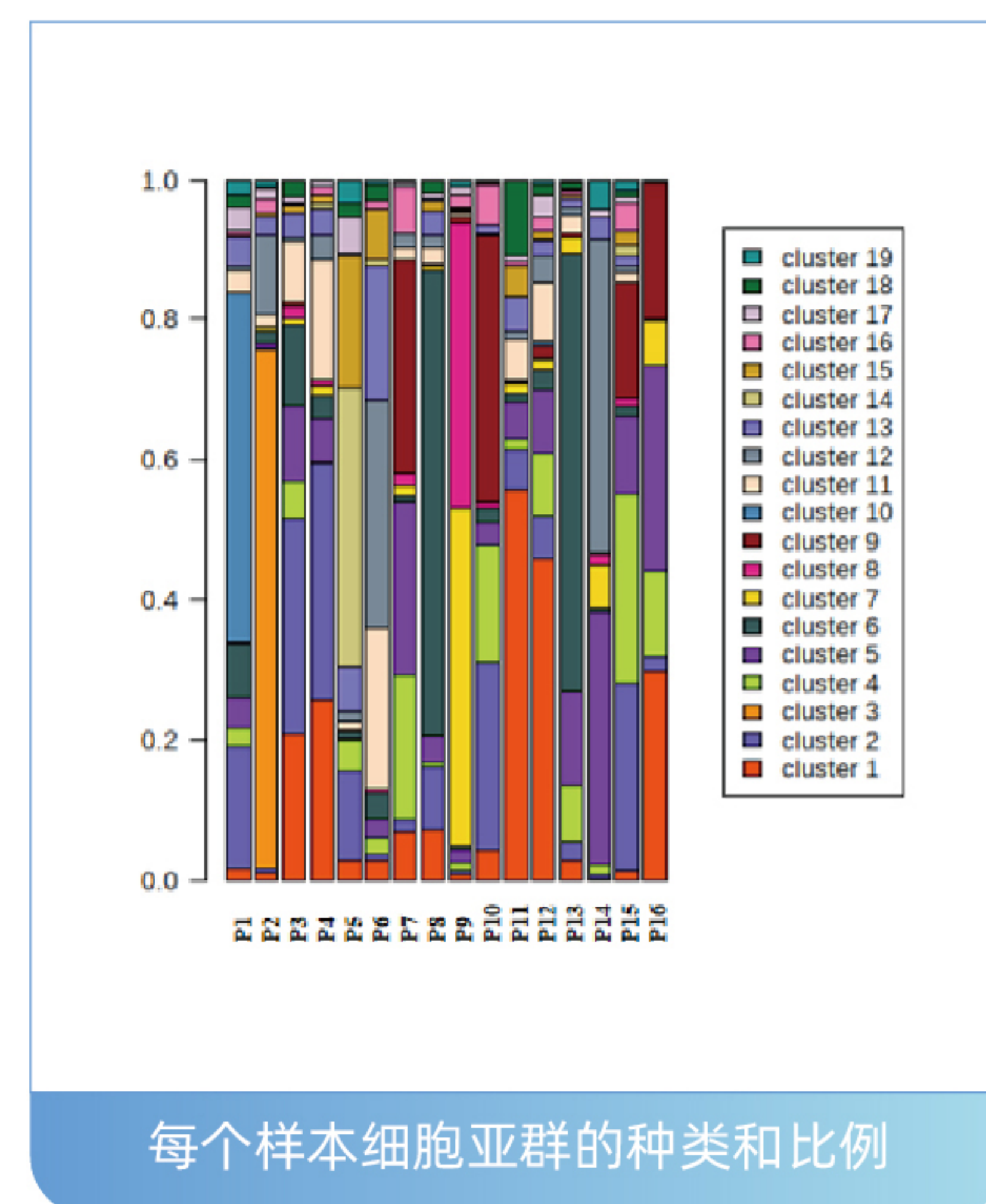
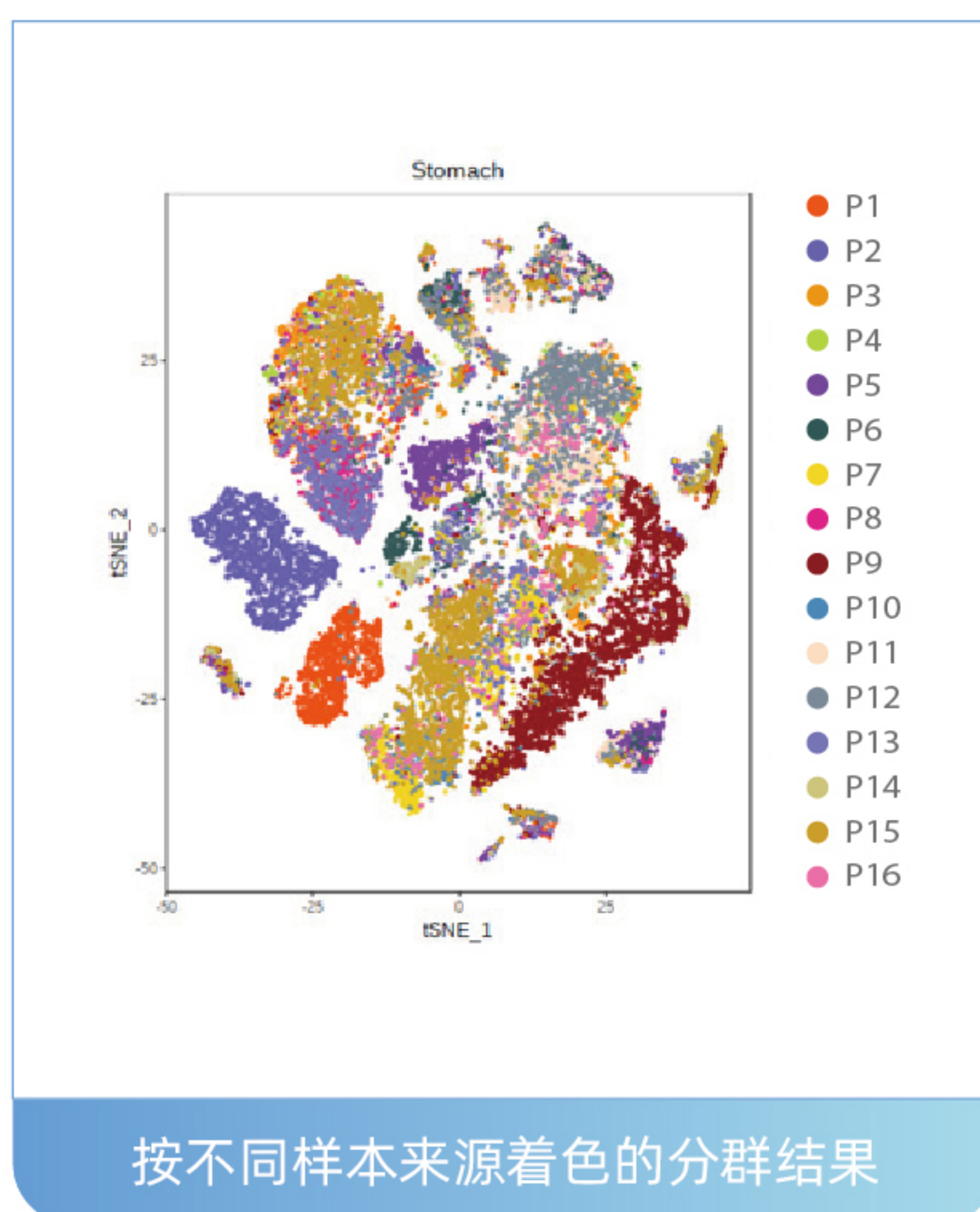
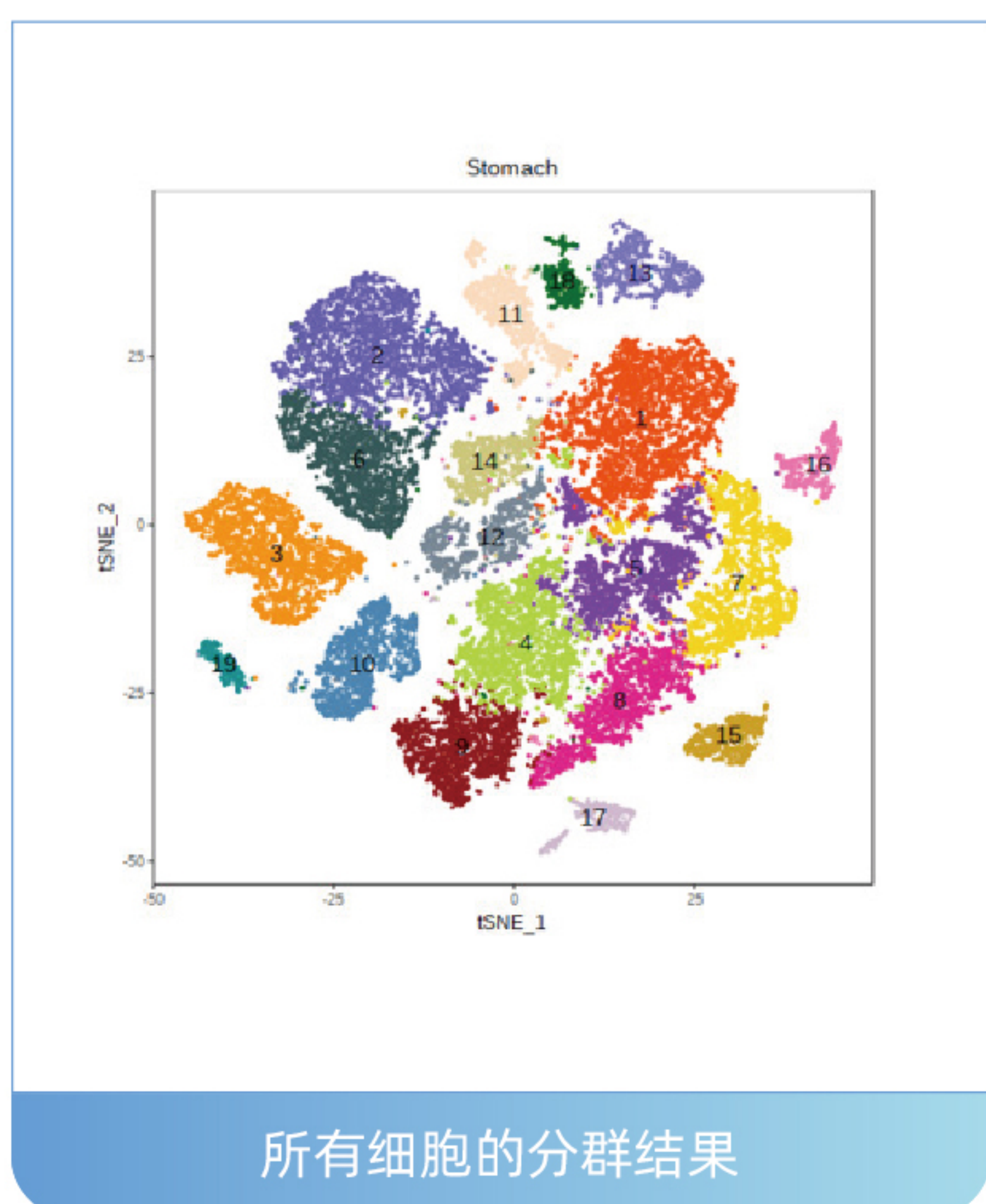
#### 单样本劣势：

数据量不够大，细胞类型单一。

不能看出几个样本之间的异同，不能进行样本间的比较。

#### 多样本的优势：

有助于分析不同样本间的差异和共同点（基因、细胞类型、通路三个层面）



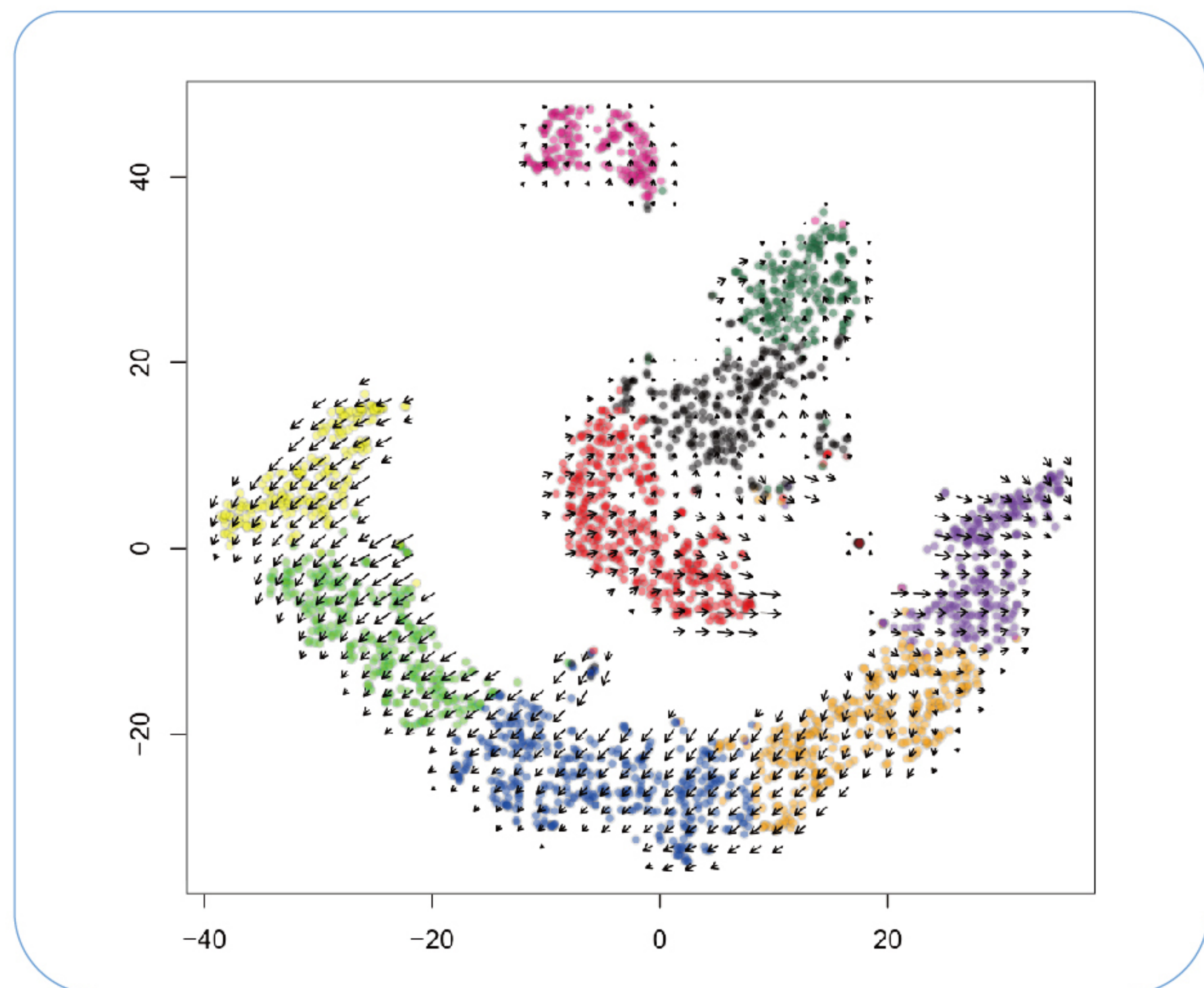


## 发育分化分析——准确探测细胞的发育轨迹

### RNA转录速率分析

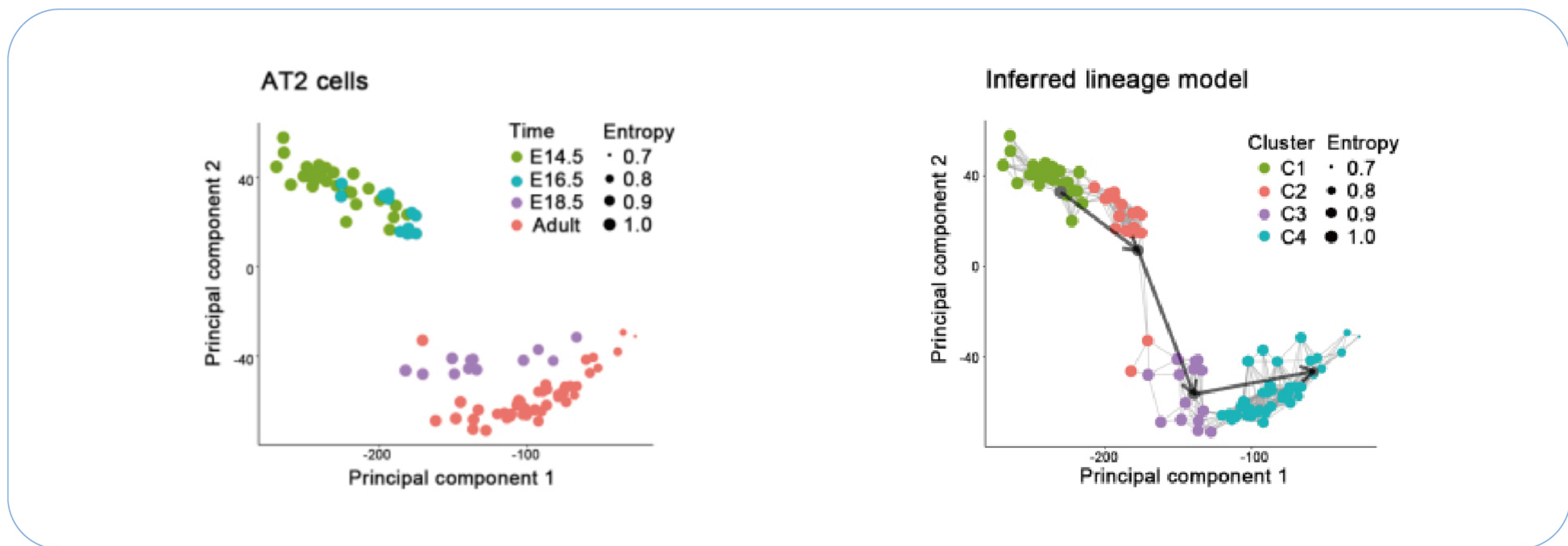
通过RNA的成熟度分析细胞的分化程度，并构建由分化程度最低到最高细胞的分化轨迹。

不同颜色表示不同细胞类型，箭头表示发育方向，图中展示了不同细胞类型的发育关系



### 细胞干性分析

基于熵的干性分析检测细胞的分化潜能，可以找到发育过程中或肿瘤样本中具有干性的细胞。与单一Monocle轨迹分析相比，基于熵的干性分析可以解决无法确定分化始终点的问题。



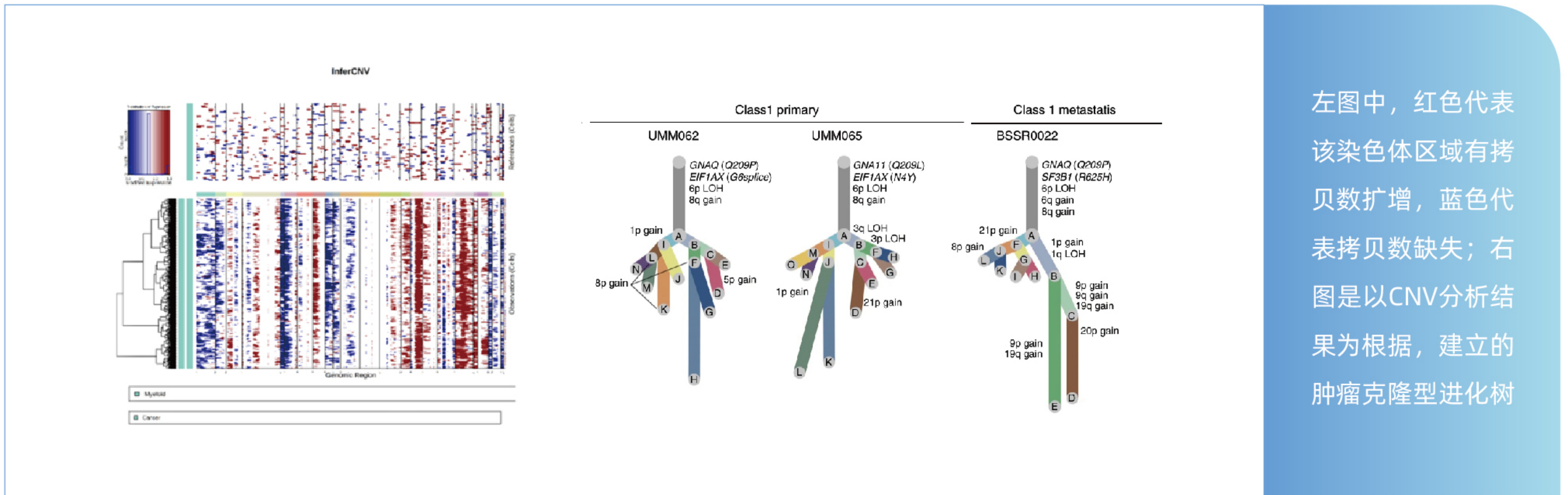
对四个细胞类型的熵值打分，得分高的为干性强的细胞，通过给有分化关系的细胞群进行熵值排序，可以构建细胞群间的分化轨迹

## 异质性分析——关联基因型和表型

### CNV分析

肿瘤样本中，因为肿瘤细胞基因组的不稳定性，大段的染色体拷贝数异常(CNV)很常见，单细胞转录组获得的表达谱信息可推算出细胞的CNV，从而揭示体细胞基因组异质性，也可以作为区分肿瘤细胞和正常细胞的指标之一。根据肿瘤之间的CNV演化关系，还可以建立肿瘤克隆型进化树，揭示肿瘤的发展过程。将免疫细胞当做正常细胞作为参照，利用单细胞技术得到的癌症细胞的表达谱计算出在不同染色体区域的CNV。

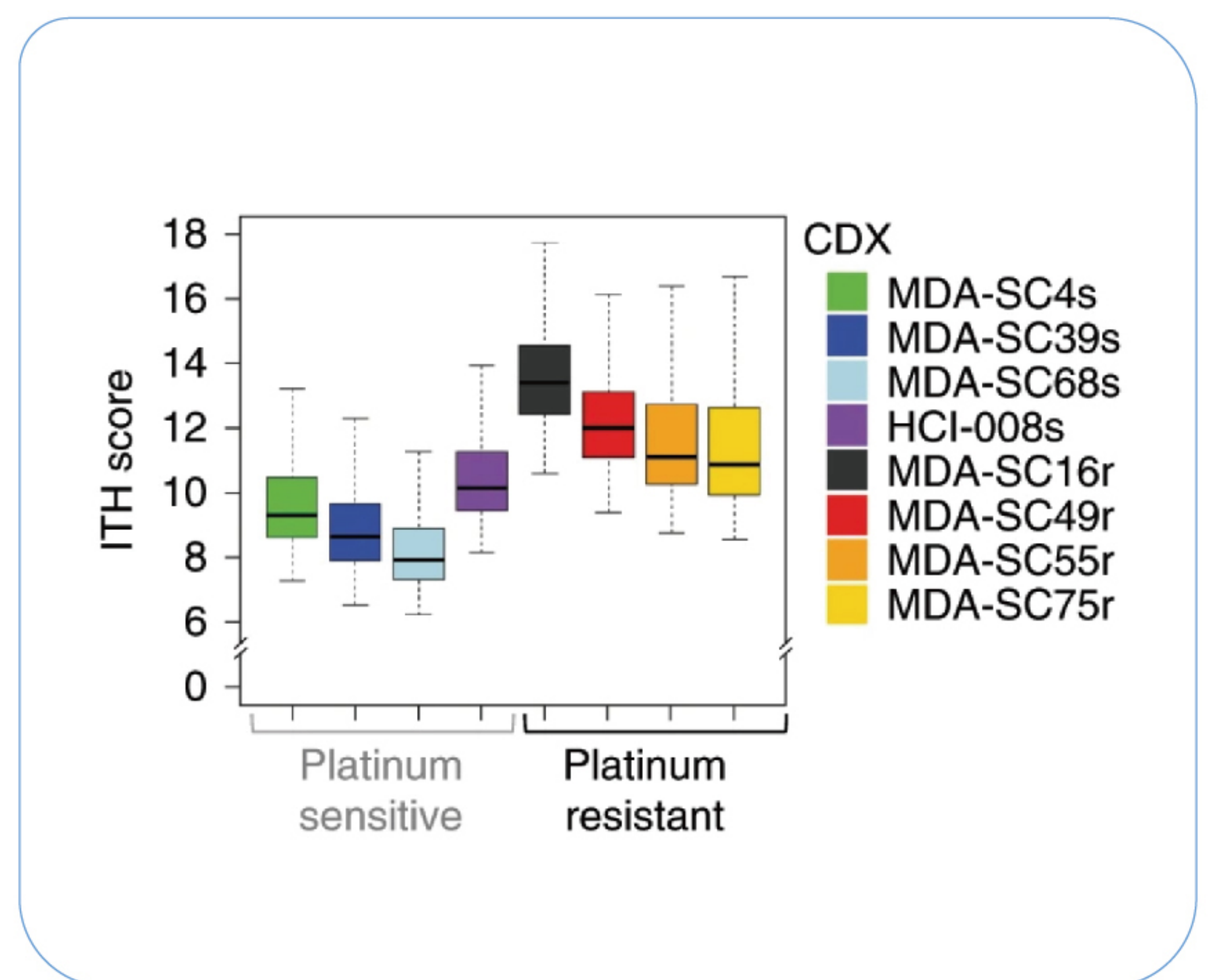




左图中，红色代表该染色体区域有拷贝数扩增，蓝色代表拷贝数缺失；右图是以CNV分析结果为根据，建立的肿瘤克隆型进化树

### ITH异质性分数

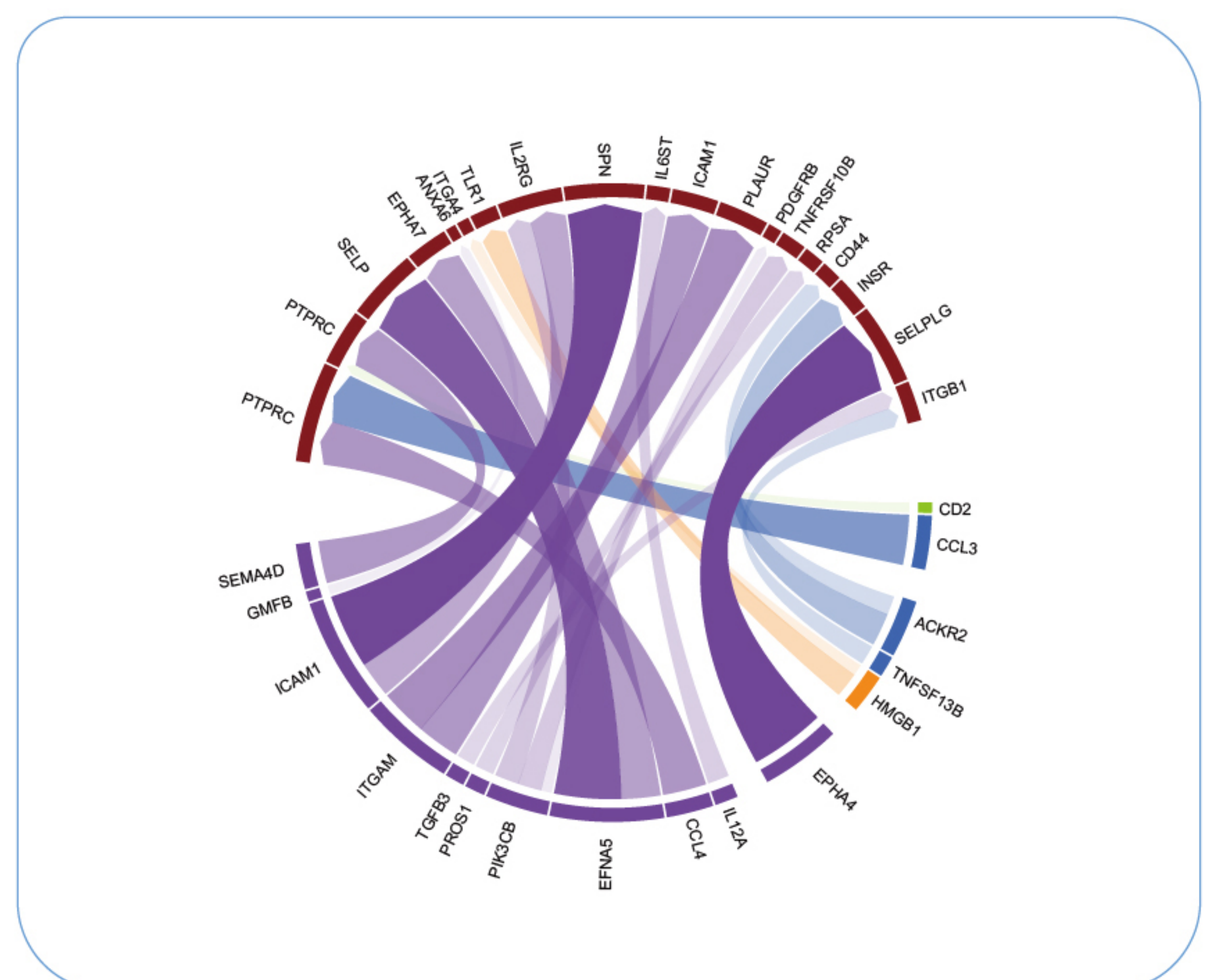
肿瘤样本内与样本间异质性常常与抗药、复发、转移等表型关系密切。单细胞转录组获得的表达谱信息可以为瘤间与瘤内的基因组异质性进行量化打分（ITH score），从而揭示异质性与表型之间的联系。



对比化疗敏感型与耐药型肿瘤样本的ITH score，发现样本间的ITH差异与表型的关联显著

### 细胞通讯网络

细胞通讯分析从配体受体关系，转录因子调控关系，细胞内信号传导通路等多层次挖掘出样本中不同细胞类型间的互作关系，深度挖掘影响细胞行为的因素。



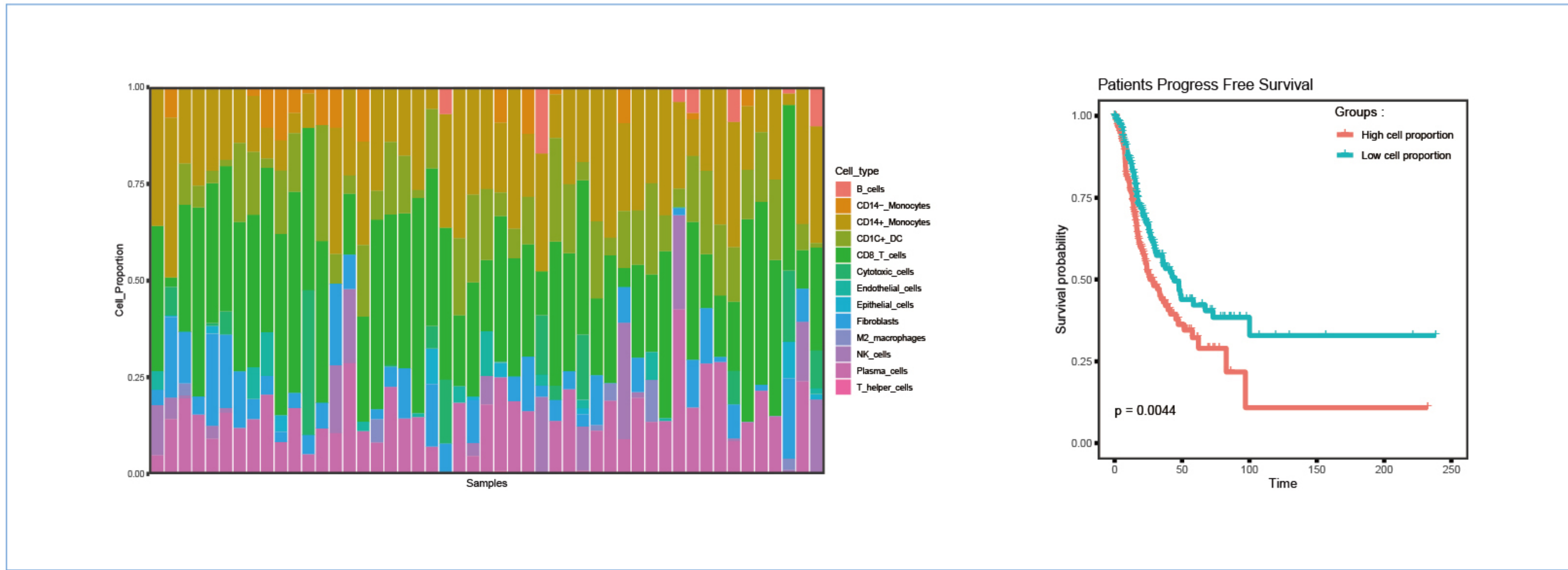
右图展示特定细胞群内配受体作用关系，连线颜色与配体一致，紫色蓝色区分不同细胞类型中特异性表达的配体，连线粗细反应作用关系强弱。图中为主要考虑配受体作用关系的分析结果，我们会根据不同情况选择不同软件进行分析

## 多组学联合分析

### 单细胞转录组联合bulk RNA (TCGA) 分析

利用单细胞数据对bulk RNA数据进行解卷积，可以对大量bulk RNA公共数据进行二次挖掘，获得样本中不同细胞类型的比例。对TCGA (The Cancer Genome Atlas)数据库中的bulk RNA数据集进行联合分析，可以建立细胞类型比例与病人生存预后的联系。



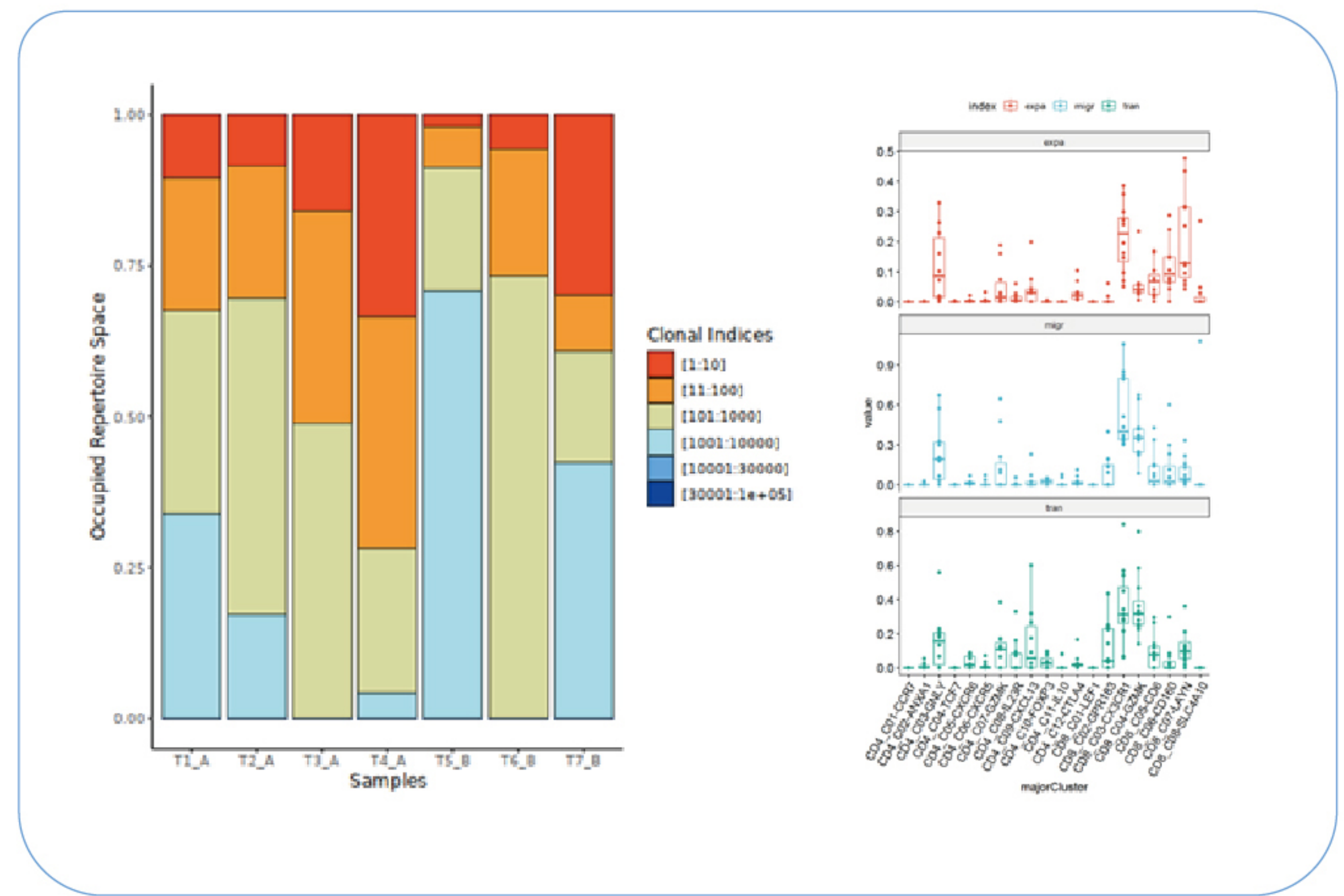


左图为解卷积后多个样本中各细胞类型的占比比较；右图显示特定细胞类型占比高低对病人生存的影响

### 单细胞转录组联合TCR/BCR测序分析

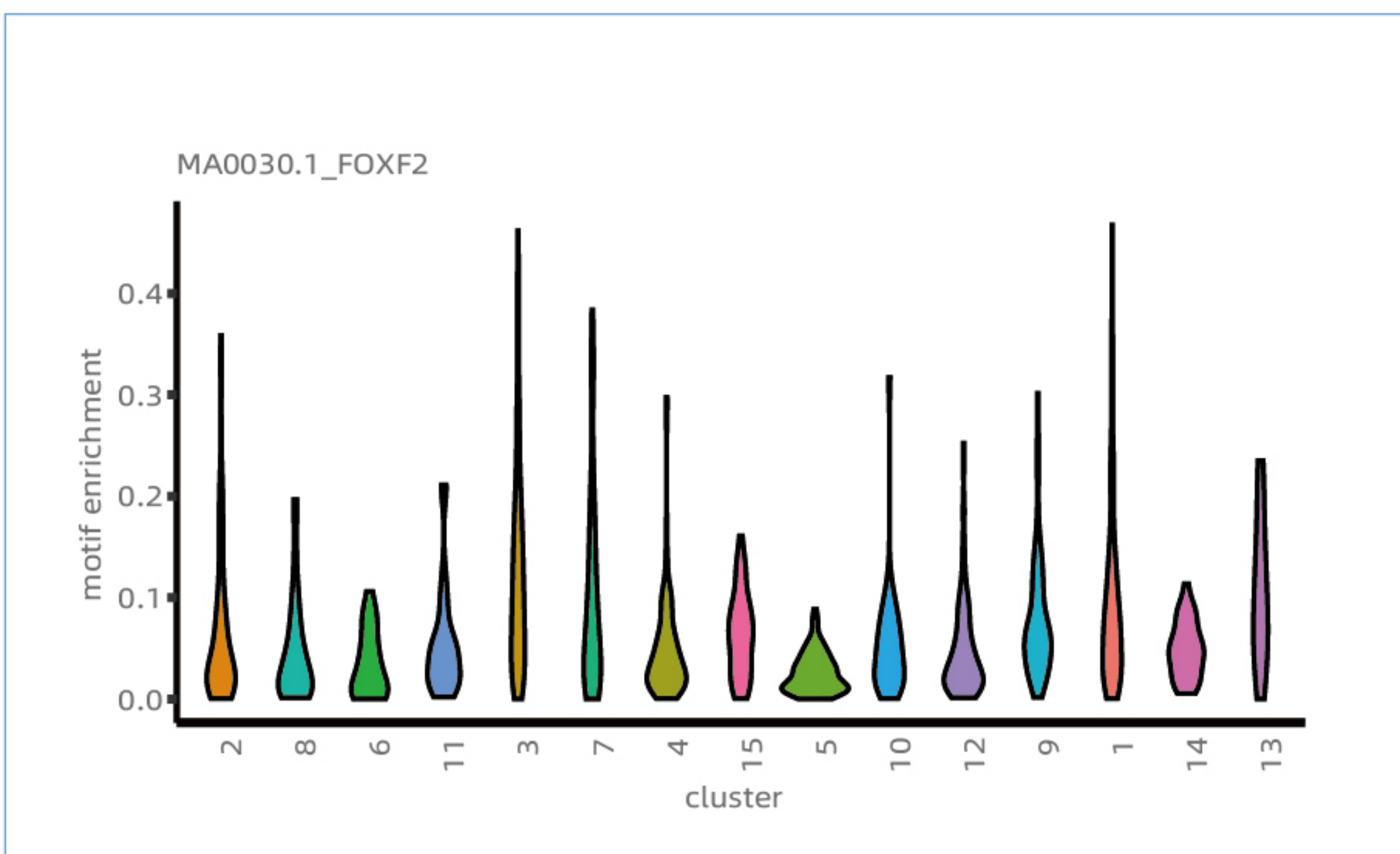
以TCR为例，通过整合单细胞转录组和单细胞TCR测序数据，鉴定不同克隆类型的T细胞在不同组织，不同细胞类型之间的分布差异。不同T细胞在组织分布、克隆扩张、组织迁移和状态转变中的特性，可能对其抗击肿瘤发挥至关重要的作用。

左图展示不同样本中各克隆型的分布情况。右图展示不同T细胞在组织中分布特性、迁移性和状态变化特性

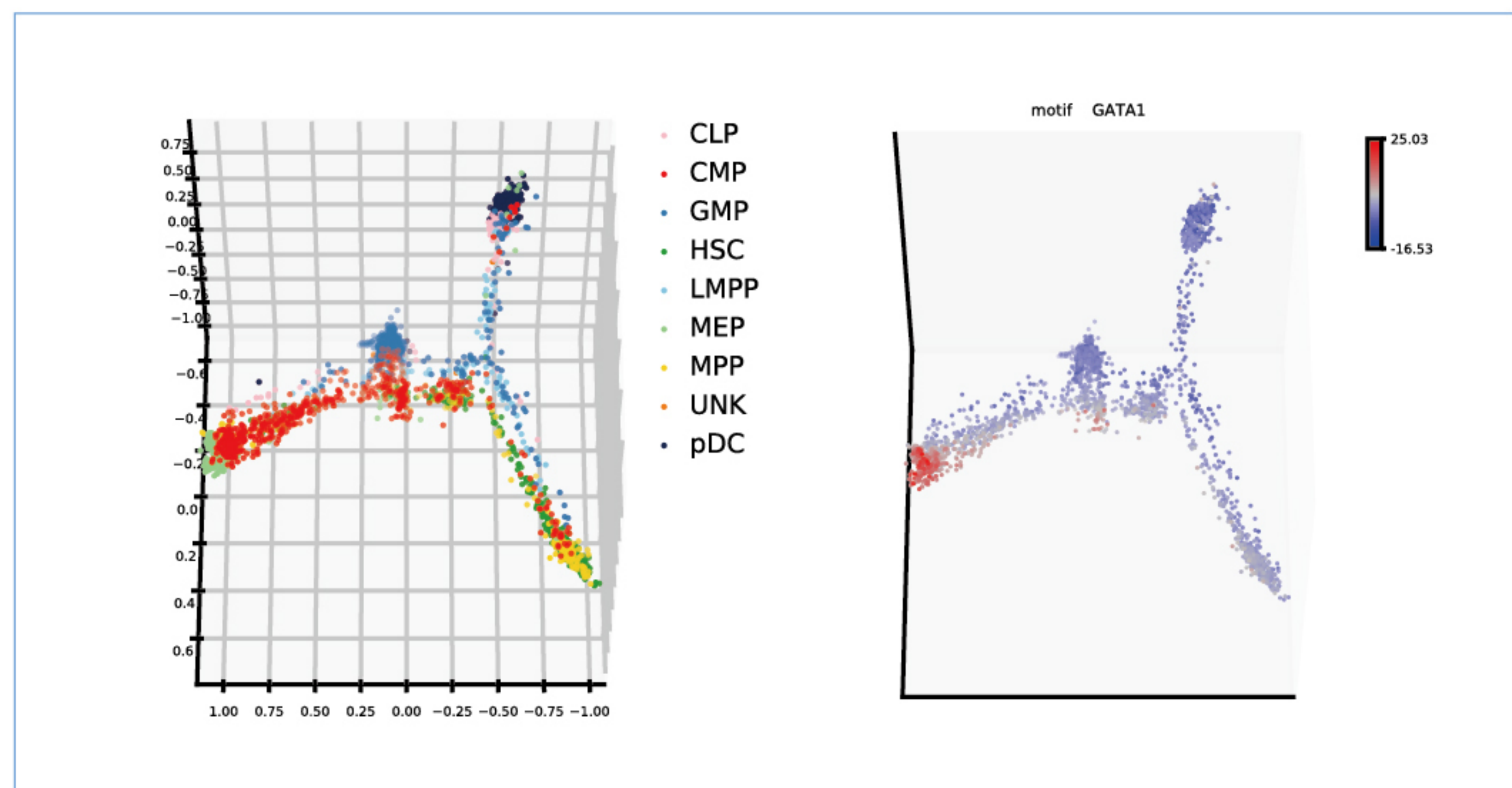


### 单细胞转录组联合ATAC-seq分析

通过整合单细胞转录组与染色质可及性测序结果，鉴定不同细胞群间染色质开放情况的变化图谱，描绘细胞类型之间的分化轨迹。



图中展示特定Motif在不同细胞类型中的可变性



图中展示转录因子在拟时序轨迹上的富集情况，确定转录因子在分化过程中的潜在调控机制

## 新格元生物科技



电话: 025-5816 5529 产品售后电话: 025-58862675  
 网址: www.singleronbio.com  
 邮箱: marketing@singleronbio.com  
 产品售后邮箱: product-service-support@singleronbio.com  
 地址: 南京市江北新区药谷大道 11 号加速器二期 06 栋 3-5 层  
 苏州市工业园区新泽路1号生物医药产业园三期A区1号楼401单元