
北京基因组所建立单细胞突变图谱解析策略

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/11680.html>

本文仅供学习交流之用，版权归原作者所有，请勿用于商业用途！

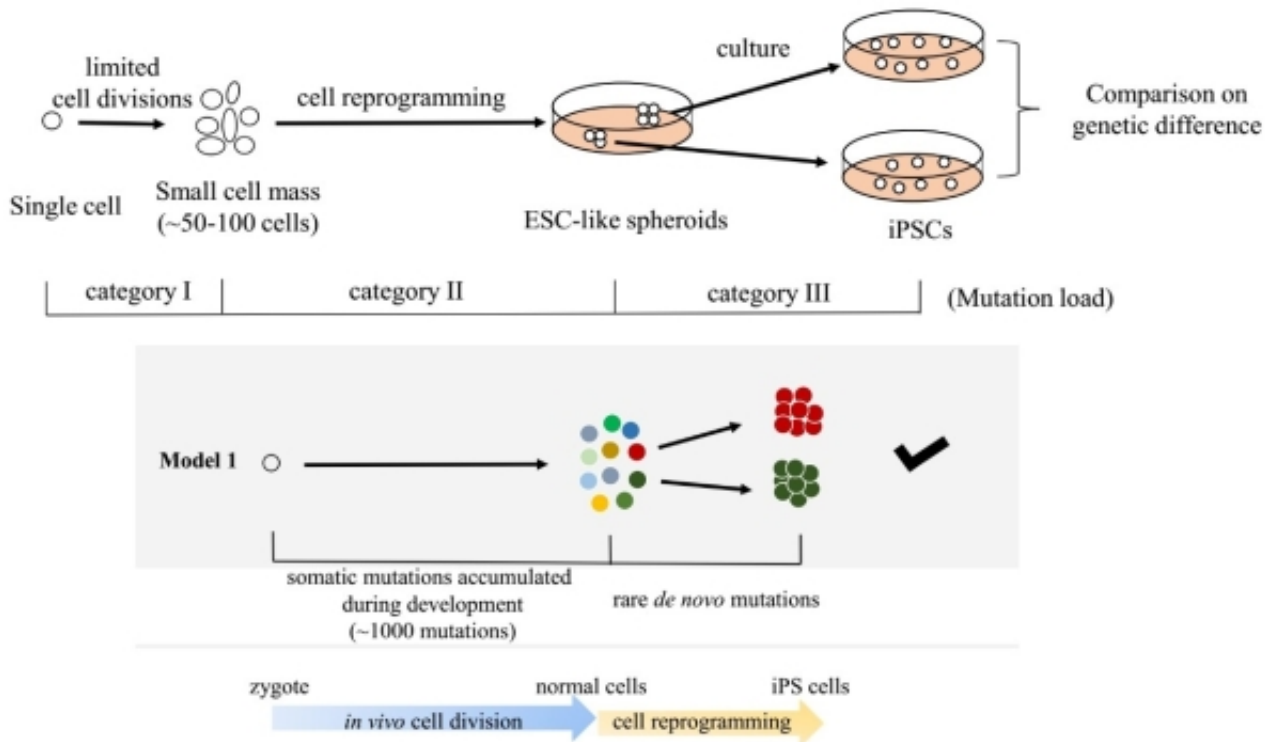
近日，中国科学院北京基因组研究所（国家生物信息中心）研究员蔡军研究组、研究员王前飞研究组合作在 *Computational and Structural Biotechnology Journal* 上，发表题为 *A promising iPS-based single-cell cloning strategy revealing signatures of somatic mutations in heterogeneous normal cells*

的研究论文。该研究通过设计细胞培养实验和基因组比较分析方法，揭示诱导多能干细胞（iPSCs）的单细胞起源和基因组变异的来源组成，构建单细胞突变图谱解析策略。

为了准确检测低频的体细胞突变，如正常细胞群体中的体细胞突变，已有研究开发出MDA、MALBAC、LIANTI等单细胞直接测序技术，但由于单个细胞的DNA含量少，这些方法存在扩增不均一、等位基因丢失等问题。单细胞体外培养扩增技术可通过体外培养将单个细胞培养成细胞株然后进行测序，通过识别细胞株中细胞群体的高频率突变，间接观测单个细胞基因组的体细胞突变情况。该技术基因组覆盖度高、扩增错误少，但只适用于个别类型的干细胞。基于此，结合实验设计和基因组比较分析方法，研究人员解析诱导多能干细胞基因组变异来源的组成，证明诱导多能干细胞的单个体细胞起源和单个体细胞与形成的诱导多能干细胞在全基因组变异图谱上超过90%的相似性，并进一步提出基于诱导多能干细胞技术实现细胞克隆扩增的单细胞基因组变异解析的新策略，该策略可用于解析体细胞的基因组变异和谱系演化关系。

蔡军和王前飞为论文的共同通讯作者，北京基因组所博士苗雪霞、李玥莹为论文的共同第一作者。研究工作得到国家重点研发计划、国家自然科学基金、中科院战略性先导科技专项等的支持。

[论文链接](#)



诱导多能干细胞基因组变异来源组成的解析策略和克隆扩增模型

研究团队单位：北京基因组研究所

更多 科学进展 请访问 <https://www.iikx.com/news/progress/>

本文版权归原作者所有，请勿用于商业用途，[爱科学iikx.com](https://www.iikx.com)转发