高通量新技术揭示角膜缘细胞转录表达模式

作者：writer 来源：科学网

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/23391.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！

高通量新技术揭示角膜缘细胞转录表达模式。

6月6日，记者从中山大学中山眼科中心获悉，该中心刘奕志/肖传乐团队研究通过多个RNA链接建库，建立了高通量的全长单细胞RNA测序方法(HIT-scISOseq)，在保持测序精度前提下，突破性将单细胞全长RNA测序的通量提高到了一个新水平。相关研究论文发表于Nature Communications。

研究人员应用HIT-scISOseq对食蟹猴角膜缘组织细胞进行分析，在RNA异构体水平，高度重现了已知的细胞类型特征，同时也发现了大量细胞特异的marker isoform，以及揭示了角膜缘组织细胞特异的RNA异构体剪切和表达模式。

该项研究建立的HIT-scISOseq技术，能够高通量、高精度研究单细胞转录异构体，提供更全面的转录特征信息，极大提高了研究人员在各种生物学过程中开辟新的科学发现的可能性。

据了解，HIT-scISOseq技术的引入会为眼科学单细胞研究带来重要进展。该技术的创新性在于通过连接技术结合PacBio HiFi长读长的测序优势，实现了单细胞全长RNA测序的高通量化，显著提高了数据的可靠性和全面性。在食蟹猴角膜缘组织细胞解析中的应用，进一步证明了该技术在眼科学基础研究和临床研究中的潜力。

刘奕志表示，HIT-scISOseq技术是一项通用的技术，能够在未来的眼部疾病研究中，对眼部组织中不同细胞类型的RNA异构体进行全面的分析，深入了解疾病的发病机制和分子调控网络以及发现潜在的治疗靶点，为靶向治疗和新药开发提供新的方向和目标。(来源：中国科学报 朱汉斌)

相关论文信息：https://www.nature.com/articles/s41467-023-38324-9

作者：刘奕志等 来源：《自然—通讯》

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转发