
生物物理所开发单细胞空间转录组数据分析可视化平台

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/7244.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！

单细胞测序技术是一种在单细胞水平上对基因组、转录组、表观组等进行高通量测序分析的技术。单细胞测序技术能够在组学水平揭示细胞间的异质性。单细胞水平细胞谱系追踪技术位居2018年*Science*

杂志评选的十大科学突破之首。常规单细胞转录组测序技术丢失了细胞在原组织中至关重要的空间位置信息，而单细胞空间转录组技术在进行单细胞转录组测序的同时保留并记录了细胞的空间位置信息。空间转录组技术能够揭示细胞间的相互作用以及细胞所处的微环境，将成为发育生物学、神经生物学、免疫生物学、肿瘤微环境等领域的研究利器。

11月12日，《核酸研究》（*Nucleic Acids Research*）在线发表了中国科学院生物物理研究所高通量测序中心题目为*SpatialDB: a database for spatially resolved transcriptomes*

的论文，发布第一个单细胞空间转录组数据库及数据在线可视化平台。SpatialDB系统收录了来自5个物种由8种空间转录组技术产生的数据，建立了空间转录组数据分析处理流程，实现了空间转录组数据的在线可视化，同时提供了空间差异表达基因及其功能富集分析的注释。

中科院院士、生物物理所研究员陈润生以及高级工程师陈小伟为论文共同通讯作者。生物物理所高通量测序中心高级工程师范珍为论文第一作者。该研究获得中科院关键技术人才项目、国家自然科学基金和国家重点研发项目的资助。

[文章链接](#)

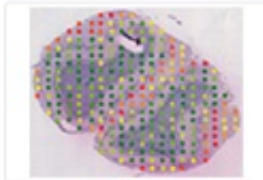


a database for spatially resolved transcriptomes

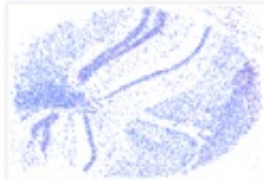
[Home](#) [Browse](#) [Search](#) [Dataset](#) [Compare](#) [Upload](#) [Download](#)

[Help](#) [About](#)

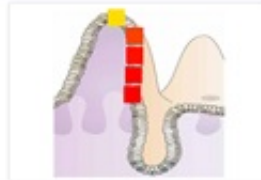
Welcome to SpatialDB! [click thumbnails to quickly browse the spatial gene expression profiles.](#)



Spatial Transcriptomics



Slide-seq



LCM-seq



seqFISH



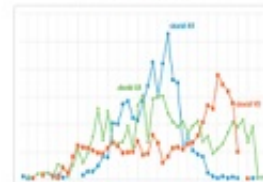
MERFISH



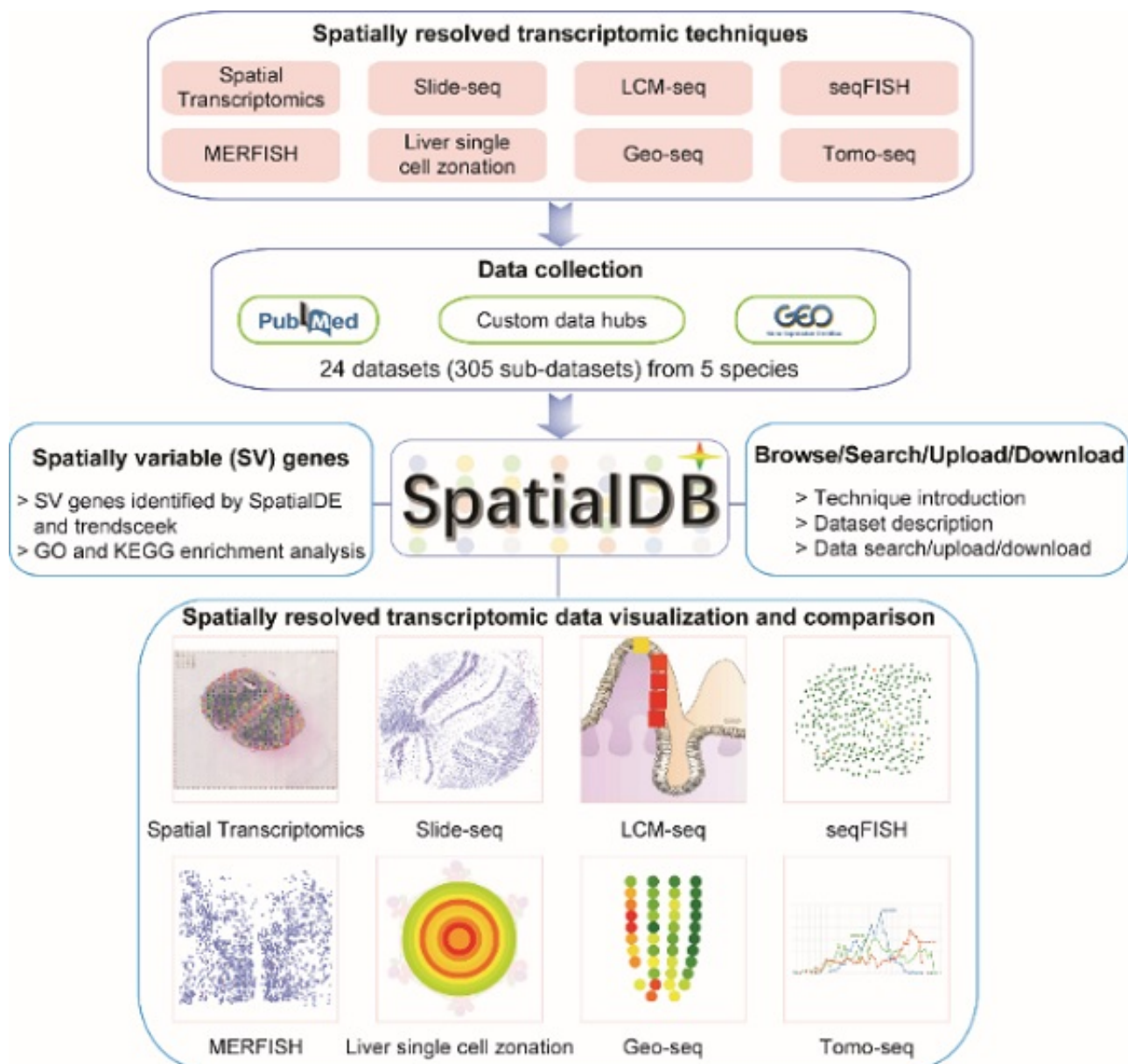
Liver single cell zonation



Geo-seq



Tomo-seq



生物物理所开发单细胞空间转录组数据分析可视化平台

研究团队单位：生物物理研究所

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