
Genome Res : 科学家开发出能对单细胞进行大规模分析的新型工具—BigScale

作者：writer 来源：本站

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/889.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，一项刊登在国际杂志Genome Research上的研究报告中，来自西班牙的研究人员通过研究提出了一种复杂的计算机框架来分析单细胞的基因表达水平，这一技术可以扩展到对数百万个独立的细胞进行分析处理，这项研究中，研究人员首次开发了一种工具来分析诸如大规模的单细胞RNA序列数据库，这或能极大地扩展单细胞基因组学的研究范围。

人类机体中所有的细胞都能共享相同的基因组，但由于基因表达的不同，每一个细胞都有潜力转变成组织或器官中的特殊部分，全球的科学家们都在寻找不同细胞之间的差异所在。当前基因组学研究所面临的挑战之一就是分析许多单个细胞来寻找并且识别这些细胞之间的差异，而利用单细胞RNA测序技术来分析单一细胞就能帮助科学家们面对挑战，并且理解组织、器官和有机体的复杂性。通过观察每个细胞的基因表达情况，研究人员就能在极高的分辨率下来描述样本的异质性。

大规模的单细胞计划常常能够帮助识别此前未知的细胞类型，并且绘制出有机体的细胞图谱，在人类细胞图谱研究计划中，研究人员就旨在开发出能组成人类机体所有细胞类型的图谱，然而，这样的研究常常会产生大量的序列数据，而分析这些数据库对于科学家们而言常常是一大挑战。

这项研究中，研究人员开发出了一种有效的计算机框架，其能够帮助处理、分析并且整合大规模单细胞实验研究，同时研究者还阐明了这项策略的强大之处，即他们对包含130万个单一细胞进行了大规模的研究。研究者Holger Heyn说道，BigScale是一种能够鉴别细胞类型特殊基因的强大工具，其或许给后续实验会带来极大帮助，该工具能够帮助解决未来科学家们在大型数据库分析上所面临的挑战，BigScale能够帮助研究人员深入分析小鼠大脑的发育过程，并且对一些罕见的神经细胞类型进行特性分析。

最后研究者表示，BigScale能为几乎所有物种提供强大的解决方案，甚至还能应用到RNA测序范畴之外，我们希望这种新型工具后期能够帮助解释一些大规模研究的数据，比如人类细胞图谱研究计划等。

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](http://iikx.com)转发