

NextSeq™ 1000/1000-CN 和 NextSeq™ 2000/2000-CN 单细胞 RNA-Seq 解决方案

从单细胞中经济高效、
灵活地检测基因表达

- 使用大型因美纳生态系统和第三方测序解决方案，生成可靠的单细胞测序数据报告
- 可扩展的测序通量，支持广泛的单细胞实验
- 高分辨率分析，能够发现采用批量采样方法时通常会被掩盖的细胞间差异



简介

单细胞测序是一种新一代测序（NGS）方法，可检测单个细胞的转录组，提供细胞间变异的高分辨率视图。不同于传统 RNA 测序（RNA-Seq）对细胞群进行的批量采样，高灵敏度的单细胞 RNA 测序（scRNA-seq）法可帮助研究人员探索复杂组织中单个细胞的不同生物学特性，了解细胞亚群对环境要素的反应。这些检测方法有助于研究细胞功能和细胞分化、增殖、肿瘤发生等一系列与时间有关的生物过程异质性。

scRNA-Seq 与批量采样方法相比具有多项优势，这些优势让研究人员能够：

- 鉴定细胞类型，判定特定细胞类型的转录活性
- 发现可能在复杂系统中发挥新功能的新细胞类型
- 检测在批量采样方法中可能被掩盖的低频细胞类型的转录模式
- 解析单个细胞类型的转录变化，以便了解机制和通路模型



图 1：NextSeq 1000/2000 系列基因测序仪——NextSeq 1000/2000 系列基因测序仪搭载 XLEAP SBS 化学技术，提供一体化测序工作流程。

灵活的 scRNA-Seq 解决方案

NextSeq 1000/1000-CN 和 NextSeq 2000/2000-CN 基因测序仪（以下统称“NextSeq 1000/2000 系列基因测序仪”）（图 1）采用因美纳边合成边测序（SBS）XLEAP-SBS™ 化学技术作为完整 scRNA-Seq 工作流程的一部分。scRNA-Seq 包括初始组织制备、一系列单细胞分离和文库制备选项、测序和初级分析，以及数据可视化与解读（图 2）。



图 2：NextSeq 1000/2000 scRNA-Seq 工作流程——NextSeq 1000/2000 系列基因测序仪是集成式 NGS 工作流程的一部分，该流程首先是组织制备，然后是单细胞分离和文库制备，接下来是测序和初级分析，最后是数据可视化和解读。

组织制备和细胞分离

早期单细胞分离方法通量低，每次实验只能处理几十到几千个细胞。高通量、基于微流控的细胞分离方法的出现，使研究人员能够在每次实验中经济高效地检测数百至数万个细胞。研究人员可以从组织制备、单细胞分离和文库制备供应商的大型生态系统中进行选择，针对各种组织、物种、细胞类型和方法定制相应的 scRNA-Seq 研究（表 1）。

NextSeq 1000/2000 系列基因测序仪

NextSeq 1000/2000 系列基因测序仪具有强大的功能和灵活性，可满足多种多样的项目需求，允许调整每个样本的细胞数、每个细胞的 read 数和每次实验的样本数。无论研究人员是想要实现深度测序以获取低丰度转录本，还是想要对更多细胞或样本进行测序，NextSeq 1000/2000 系列基因测序仪都为测序和初级分析提供了经济高效的桌面式测序仪。提供四种流动槽类型，研究人员可以灵活地使用多种 NGS 分析方法，并满足各种实验设计要求。如果需要更高的样本通量，可以使用 NovaSeq™ X 系列扩大研究规模（表 2）。

表 1: scRNA-Seq 研究设计示例^a

方法	细胞分离方法示例	文库制备方法示例	每个样本的细胞数	每个细胞生成的 read 对	数据分析
全长 RNA-Seq	FACS	Takara SMARTer cDNA Synthesis Kit	100	1M	DRAGEN Single-Cell RNA
mRNA 末端标签扩增 (3' WTA 或 5' WTA)	10x Genomics Chromium	10x Genomics Chromium Single Cell Gene Expression	5K	20K	10x Genomics Cell Ranger DRAGEN Single-Cell RNA
基于 RNA 探针的捕获	10x Genomics Chromium	10x Genomics Single Cell Gene Expression Flex	5K	10K	10x Genomics Cell Ranger DRAGEN Single-Cell RNA
靶向 panel	BD Rhapsody Single-Cell Analysis System	BD Rhapsody Single-Cell Analysis	5K	2K	Seven Bridges Genomics
mRNA 末端标签扩增 (3' 捕获)	Dolomite Bio Nadia instrument	Dolomite Bio RNadia kit	6K	25K	dropSeqPipe Partek Flow

a. 所述细胞和 read 数仅用于说明目的。应根据研究设计要求谨慎选择细胞、read 和样本数。下载单细胞测序电子书了解更多信息。WTA，全转录组扩增；BD，Becton Dickinson；FACS，荧光活化细胞分选。

表 2：因美纳基因测序仪的单细胞 RNA-Seq 样本通量

测序仪	测序试剂	每个流动槽的 样本数量 ^a
NextSeq 1000/2000 系列基因测序仪	P1 100 循环	1 ^b
	P2 100 循环	4
	P3 ^c 100 循环	11-12
	P4 ^c 100 循环	18
NovaSeq X 系列 ^d	1.5B 100 循环	15
	10B 100 循环	96
	25B 300 循环	250

a. 按每个样本含 5000 个细胞，每个细胞测 2 万读数对计算；包括 38 个额外循环，可支持唯一分子标记（UMI）。实际情况中，每个样本包含的细胞数量和每个细胞的测序深度应取决于具体应用和样本类型。

d. P1 试剂是质量控制实验的不错选择。

c. P3 和 P4 试剂仅适用于 NextSeq 2000/2000-CN 基因测序仪。

d. NovaSeq X Plus 基因测序仪支持单流动槽运行或双流动槽运行。NovaSeq X 基因测序仪仅支持单流动槽运行。

利用 XLEAP-SBS 化学技术实现深入探索

NextSeq 1000/2000 系列基因测序仪采用了 XLEAP-SBS 化学技术，这是因美纳迄今为止最快、数据质量最高、最可靠的 SBS 化学技术。XLEAP-SBS 化学技术以成熟的标准因美纳 SBS 化学技术为基础，可提供更高的试剂稳定性，使核苷酸结合时间缩短两倍。对于 scRNA-Seq 来说，这可以在检测基因、转录本和单细胞条形码时获得更准确的倍数变化预计和更高的灵敏度。在所有因美纳桌面式基因测序仪中，NextSeq 1000/2000 系列基因测序仪拥有最高的 read 通量和最低的 read 单价，有助于研究人员：

- 每个细胞获得更多的 read，以捕获有关低丰度转录本的信息
- 在给定的研究预算内，可对更多细胞和样本进行测序，为实验设计提供支持
- 获得其他条件、时间点或方法以研究生物学更复杂的方面

跨应用的灵活性

除 scRNA-Seq 外，NextSeq 1000/2000 系列基因测序仪提供了跨应用的灵活性，让研究人员能够在多个测序项目之间轻松转换。该系统与 Illumina 以及第三方的一系列文库制备试剂盒兼容，可实现群体细胞 RNA-Seq、单细胞 RNA-Seq、外显子组测序及其他应用之间的轻松转换。P4 流动槽的通量更高，可提供更多组学信息。例如，研究人员可在 NextSeq 1000/2000 系列基因测序仪上将 scRNA-Seq 与外显子组测序结合在一起，评估编码变异是否影响转录本表达，或开展 ATAC-Seq* 分析染色质可及性，更好地了解功能调控。

简化的单细胞数据分析

NextSeq 1000/2000 系列基因测序仪生成的测序数据以标准格式呈现，与多种商业和开源单细胞测序软件工具生态系统兼容，包括 Cell Ranger（10x Genomics）和 SeqGeq（FlowJo/BD Biosciences）等商业软件，以及 Seurat[†] 和 Monocle² 等开源工具。

scRNA-Seq 数据分析可以使用 Illumina DRAGEN™ 二级分析中的工具进行[†]，这是一套准确、全面、高效的数据分析流程。NextSeq 1000/2000 系列基因测序仪提供 DRAGEN Single-Cell 流程作为机载数据分析流程，能够加速数据分析，通过纠错提高准确性，并支持各种定制条形码设计，以实现新的单细胞分析方法。除了 scRNA-Seq，因美纳还提供大量商业和开源数据分析软件工具，以满足完成研究项目的其他方法需求。

* ATAC-Seq，转座酶可及性染色质测序分析。

† NextSeq 1000/2000 系列基因测序仪包含 DRAGEN 硬件。仪器随附 DRAGEN 许可证，无需单独购买。

全方位的因美纳技术支持

因美纳技术支持团队由一群经验丰富的科学家组成，他们都是文库制备、测序和分析方面的专家。这些专家可提供高水平的技术支持，包括现场服务工程师（FSE）、技术应用科学家（TAS）、现场应用科学家（FAS）、系统支持工程师、生物信息学家和 IT 网络专家，他们非常了解 NGS 以及全球的因美纳客户开展的应用。您可通过电话（每周 5 天），或网络（每周 7 天，每天 24 小时）获得技术支持，我们在全球范围内提供多种语言的[技术支持](#)。

在这种优质贴心的服务加持下，因美纳帮助用户充分发挥 NextSeq 1000/2000 系列基因测序仪的强大功能，还会帮助客户培训新员工，学习最新技术以及实现最佳操作。

总结

NextSeq 1000/2000 系列基因测序仪为 scRNA-Seq 提供了一种灵活的解决方案，带来了清晰、全面的单细胞转录组视图，使实验室能够扩展其可用的工具集。四种流动槽模式使研究人员能够根据需要，调整每次实验的细胞数以及每个细胞的 read 数。将 NextSeq 1000/2000 系列基因测序仪的强大、快速和灵活与广泛的文库制备和软件解决方案生态系统相结合，NextSeq 1000/2000 系列基因测序仪上的 scRNA-Seq 测序方案可帮助研究人员在单细胞分辨率水平更深入地了解转录组。

订购信息

产品	目录号
NextSeq 2000 基因测序仪	20038897
NextSeq 1000 基因测序仪	20038898
NextSeq 2000-CN 基因测序仪	20102459
NextSeq 1000-CN 基因测序仪	20112098
NextSeq 1000 升级至 NextSeq 2000	20047256
NextSeq 1000/2000 系列基因测序仪 P1 XLEAP-SBS Reagent Kit（100 循环） ^{a,b}	20100983
NextSeq 1000/2000 系列基因测序仪 P1 XLEAP-SBS Reagent Kit（300 循环） ^a	20100982
NextSeq 1000/2000 系列基因测序仪 P1 XLEAP-SBS Reagent Kit（600 循环） ^a	20100981
NextSeq 1000/2000 系列基因测序仪 P2 XLEAP-SBS Reagent Kit（100 循环） ^a	20100987
NextSeq 1000/2000 系列基因测序仪 P2 XLEAP-SBS Reagent Kit（200 循环） ^a	20100986
NextSeq 1000/2000 系列基因测序仪 P2 XLEAP-SBS Reagent Kit（300 循环） ^a	20100985
NextSeq 1000/2000 系列基因测序仪 P2 XLEAP-SBS Reagent Kit（600 循环） ^a	20100984
NextSeq 2000 P3 XLEAP-SBS Reagent Kit（100 循环） ^a	20100990
NextSeq 2000 P3 XLEAP-SBS Reagent Kit（200 循环） ^a	20100989
NextSeq 2000 P3 XLEAP-SBS Reagent Kit（300 循环） ^a	20100988
NextSeq 2000 P4 XLEAP-SBS Reagent Kit（50 循环） ^a	20100995
NextSeq 2000 P4 XLEAP-SBS Reagent Kit（100 循环） ^a	20100994
NextSeq 2000 P4 XLEAP-SBS Reagent Kit（200 循环） ^a	20100993
NextSeq 2000 P4 XLEAP-SBS Reagent Kit（300 循环） ^a	20100992
NextSeq 1000/2000 XLEAP-SBS Read and Index Primers ^a	20112856
NextSeq 1000/2000 XLEAP-SBS Index Primer Kit ^a	20112858
NextSeq 1000/2000 XLEAP-SBS Read Primer Kit ^a	20112859
a. NextSeq 1000/2000 系列基因测序仪的 XLEAP-SBS 试剂盒的运输和储存温度与标准 SBS 试剂盒相同。	
b. 用于 QC 分析。	

了解更多

[单细胞 RNA-Seq](#)

[NextSeq 1000/1000-CN 和 NextSeq 2000/2000-CN](#)

[基因测序仪](#)

[DRAGEN 二级分析](#)

参考文献

1. Satija R, Farrell Ja, Gennert d, Schier aF, Regev a. [Spatial reconstruction of single-cell gene expression](#). *Nat Biotechnol*. 2015;33(5):495-502. doi:10.1038/nbt.3192
2. trapnell c, cacchiarelli d, Grimsby J, et al. [The dynamics and regulators of cell fate decisions are revealed by pseudotemporal ordering of single cells](#). *Nat Biotechnol*. 2014;32(4):361-386. doi:10.1038/nbt.2859

Illumina 中国

上海办公室 • 电话 (021) 6032-1066 • 传真 (021) 6090-6279

北京办公室 • 电话 (010) 8441-6900 • 传真 (010) 8455-4855

技术支持热线 400-066-5835 • chinasupport@illumina.com

市场销售热线 400-066-5875 • china_info@illumina.com • www.illumina.com.cn

© 2024 Illumina, Inc. 保留所有权利。所有商标均为因美纳公司或其各自所有者的财产。
关于具体的商标信息, 请访问 www.illumina.com.cn/company/legal.html。

M-GL-00478 v4.0



illumina[®]