



Next Gen Sequencing

Single cell-sequencing

개인주의 세포?
세포도 각각의 개성과 성격이 있다?!

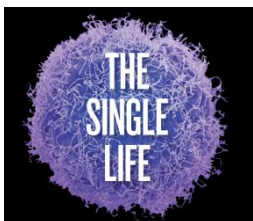
세포도 사람과 같이 각각이 모두 다른 성격(특징)을 가지고 있다는 것 알고 계신가요? 우리는 지금까지 여러 개의 세포에서 실험을 하였기 때문에 각 세포들의 평균값만을 연구해 왔던 것이지요. 더욱 정확한 인체질병의 연구를 위해서는 각각의 세포가 가진 특성을 연구를 해야합니다. 특히 암과 같이 세포의 변이가 일어나는 경우는 더욱 중요하죠.

Single cell을 분석하기 위해서는 아주 민감한 실험기술과 제품을 필요로 합니다. Clontech은 Single cell (1~1,000 cells)로부터 Next Generation sequencing (NGS)을 할 수 있는 특별한 SMART-seq 기술을 보유하고 있습니다. 전 세계에서 가장 확실한 NGS가 가능한 SMART 기술! 어떻게 사용을 하고 있는지 살펴볼까요? **That's Good Science!**

■ Single Cell 분석의 연구동향

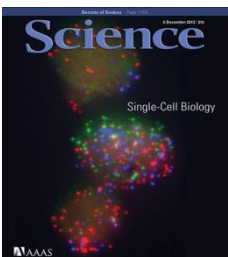
1. [노규형 \(2015\) Single cell genomics 연구 및 기술동향. BRIC View 2015-T16](#)

... 불균일성은 시료에만 있는 것은 아니고 세포 수준에서도 존재하는데, 단세포 생물에서 고등생물에 이르기까지 세포 간의 유전형, 표현형의 차이가 있다는 것은 잘 알려진 사실이다.



2. [Brian Owen \(2012\) The Single Life. Nature. Vol.491, 27-29](#)

Sequencing DNA from individual cells is changing the way that researchers think of humans as a whole ... "People are becoming very interested in what is the variation from cell to cell" ...



3. [L.Bryan Ray \(2013\). Cells Go Solo. Science. Vol.34](#)

An obvious advantage of single-cell measurements is the ability to measure variations or "noise" in the responses of the individual cells to similar or identical conditions. In many instances, it is possible to monitor the time course of cellular response ...

4. [R.Zenobi \(2013\) Single-Cell Metabolomics: Analytical and Biological Perspectives. Science. 342](#)

There is currently much interest in broad molecular profiling of single cells; a cell's metabolome—its full complement of small-molecule metabolites—is a direct indicator of phenotypic diversity of single cells and a nearly immediate readout of how cells react to environmental influences ...

■ [SMARTer Citations!] SMART하게 NGS하라!

아주 많은 SMARTer Citation 중, SMART-Seq 기술을 사용하여 Single cell sequencing 실험을 진행한 최신 논문만을 모았습니다. (Citation 모두 보기) 연구자들이 직접 인정하는 실험데이터를 확인해보세요!

1. Kim KT et al., (2015). Single-cell mRNA sequencing identifies subclonal heterogeneity in anti-cancer drug responses of lung adenocarcinoma cells. Genome Biol. 2015 Jun 19;16:127 (국내논문)

[암] 본 논문에서는 34명의 폐선암증(lung adenocarcinoma) 환자로부터 [SMARTer Ultra Low RNA Kit for the Fluidigm C1 System](#)를 이용하여 Single cell 분리 및 NGS Library 제작을 수행 또는 10ng 수준의 total RNA로부터 해당 제품을 이용하여 Single-cell RNA-Seq을 수행하였으며, 결과 항암제에 저항성을 나타내는 후보 암세포군을 구분할 수 있었다.

2. Nak-Jung Kwon et al. (2014) analysis of whole genome and transcriptome sequencing in single cell. Cancer Res. 74;3574 (국내논문)

[암] 명확한 암치료 연구를 위하여 heterogenous tumor cell population으로부터 single cell을 분리하여 [SMARTer Ultra Low Input RNA Kit](#)을 사용하여 Illumina, Ion-torrent NGS Library를 제작 후, single cell-sequencing을 진행하였다.

3. Brian T. Freeman et al. (2015) Single-Cell RNA-Seq of Bone Marrow-Derived Mesenchymal Stem Cells Reveals Unique Profiles of Lineage Priming. PLOS ONE 10(9)

[줄기세포] 마우스 골수 (Bone marrow) 유래의 Single mesenchymal stem cell로부터 [SMARTer Ultra Low RNA Kit for the Fluidigm C1 System](#)을 이용하여 RNA sequencing을 수행한 결과, 다분화능 (multipotency) 관련 유전자의 발현 패턴은 비슷 하였으나, osteogenic, chondrogenic, adipogenic, neurogenic, vascular smooth muscle 분화 관련 유전자 등의 패턴은 각 세포에서 다르게 나타났다.

4. Patel,A.P et al (2014). Single-cell RNA-Seq highlights intratumoral heterogeneity in primary glioblastoma. Science 344 (6190):1396-1401

[암] 본 논문에서는, primary glioblastoma 세포 간의 다형성 (heterogeneity)를 규명하기 위하여 [SMARTer Ultra Low Input RNA Kit](#)을 사용하여 Single-cell RNA-Seq을 수행하였으며, 같은 종류의 암이라고 할지라도 세포간의 transcriptional diversity가 존재한다는 것을 규명하였다.

5. Qiu,S., et al (2013) Single-neuron RNA-Seq: Technical feasibility and reproducibility. Front Genet 3:124

본 논문의 저자는 single neuron RNA-seq을 위하여 개발한 프로토콜을 보고하였다. Electrophysiological 분석법에 따라 single neuron을 뇌조직으로부터 분리하였으며, [SMARTer Ultra Low Input RNA Kit](#)을 사용하여 sequencing 분석하였다. 결과, 같은 부위에 있는 neuron cell이라 하더라도 각각 다른 유전자 발현 양상을 보임을 규명하였다.

6. Shalek.A.K. et al., (2013) Single-cell transcriptomics reveals bimodality in expression and splicing in immune cells. Nature 498(7453):236-240

본 연구는 lipopolysaccharide (LPS) 처리에 따른 bone marrow derived dendritic cell (BMDCs)의 반응을 보고하였다. 저자는 [SMARTer Ultra Low Input RNA Kit](#)을 사용하여 single BMDCs로부터 single-cell RNA-Seq을 수행하였다.

7. Cann,G.M.,et al (2012) mRNA-Seq of single prostate cancer circulating tumor cells reveals recapitulation of gene expression and pathways found in prostate cancer. PLoS One 7(11):e49144

[암] 본 연구는 기술로 circulating tumor cells (CTCs)를 분리하는 MagSweeper technology에 대하여 기술하였다. 저자는 본 기술이 CTCs의 생존에 영향을 미칠 뿐만 아니라 prostate cancer cell line의 transcription profile에도 영향을 미친다는 사실을 규명하였으며, 이에 따라 [SMARTer Ultra Low Input RNA Kit](#)을 이용하여 각 세포에 대한 single cell RNA-seq을 수행하였다.

8. Rarnskold,D., et al (2012). Full-length mRNA-seq from single cell levels of RNA and individual circulating tumor cells. Nature Biotechnol. 30(8):777-782

본 연구에서는 [SMARTer Ultra Low Input RNA Kit](#)의 기본 기술인 SMART-Seq 기술을 이용하여 single-cell 단계의 mRNA-seq을 수행하였다. SMART-Seq 기술은 single-cell input sample을 이용한 기존의 다른 방법에 비하여 더 향상된 read coverage로 melanoma derived circulating tumor cell 간의 mRNA 발현 패턴의 차이를 규명하였다.

9. Treutlein B et al. (2014) Reconstructin lineage hierarchies of the distal lung epithelium using single-cell RNA-Seq. Nature 15:509(7500) 371-375

[세포분화] Liver progenitor가 mature alveaolor cell로 분화하는 과정 중의 유전형 차이를 관찰하기 위하여 4가지 분화 단계의 단일세포로 [SMARTer Ultra Low Input RNA Kit](#)을 사용하여 Single-cell RNA-seq 분석을 하였다.

10. Simone,P et al (2013) Smart-seq2 for sensitive full-length transcriptome profiling in single cells. Nature (2014) 510(7505): 363-369 (SMART-Seq 기술에 관련된 논문)

기존의 SMART-Seq의 업그레이드, SMART-Seq2 기술을 이용한 더욱 민감하고 정확한 single cell transcriptome 분석방법을 제시하였다. SMART-Seq2 기술은 LNA Technology와 결합하여 더욱 많은 유전자수를 검출할 수 있다.

▶ SMART-Seq2 기술을 이용한 SMART NGS 제품의 최신판!

[SMART-Seq v4 Ultra Low Input RNA Kit for Sequencing](#)

- [SMARTer Citation 바로가기](#)
- [관련제품 바로 가기 \(SMARTer NGS 선택가이드\)](#)
- [더욱 많은 정보를 원한다면? Tip & Tech 페이지를 확인하세요!](#)

RNA-Seq Selection Guide

Select the right kit for your NGS experiments

