



# 高通量测序分析人诱导性多能干细胞分化为神经干细胞后 microRNAs的表达变化

汇报人：

2024-01-30



# CATALOGUE

## 目录

- 引言
- 人诱导性多能干细胞分化为神经干细胞
- 高通量测序技术原理及应用
- microRNAs表达变化分析
- 结果讨论与生物学意义
- 总结与展望





# PART 01

# 引言



REPORTING



CATALOGUE

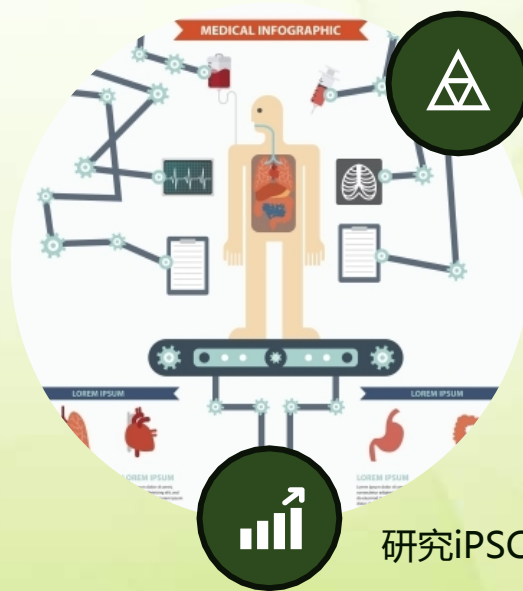
# 研究背景与意义



诱导性多能干细胞 (iPSCs) 具有分化为多种细胞类型的潜能，为疾病模型建立、药物筛选和再生医学提供了重要资源。



神经干细胞 (NSCs) 在神经系统发育和损伤修复中起关键作用，其分化调控机制尚不完全清楚。



microRNAs (miRNAs) 是一类非编码小分子RNA，通过调控基因表达参与多种生物学过程，包括细胞分化。

研究iPSCs分化为NSCs过程中miRNAs的表达变化，有助于揭示细胞分化的分子机制，为相关疾病治疗提供新思路。



# 研究目的和方法

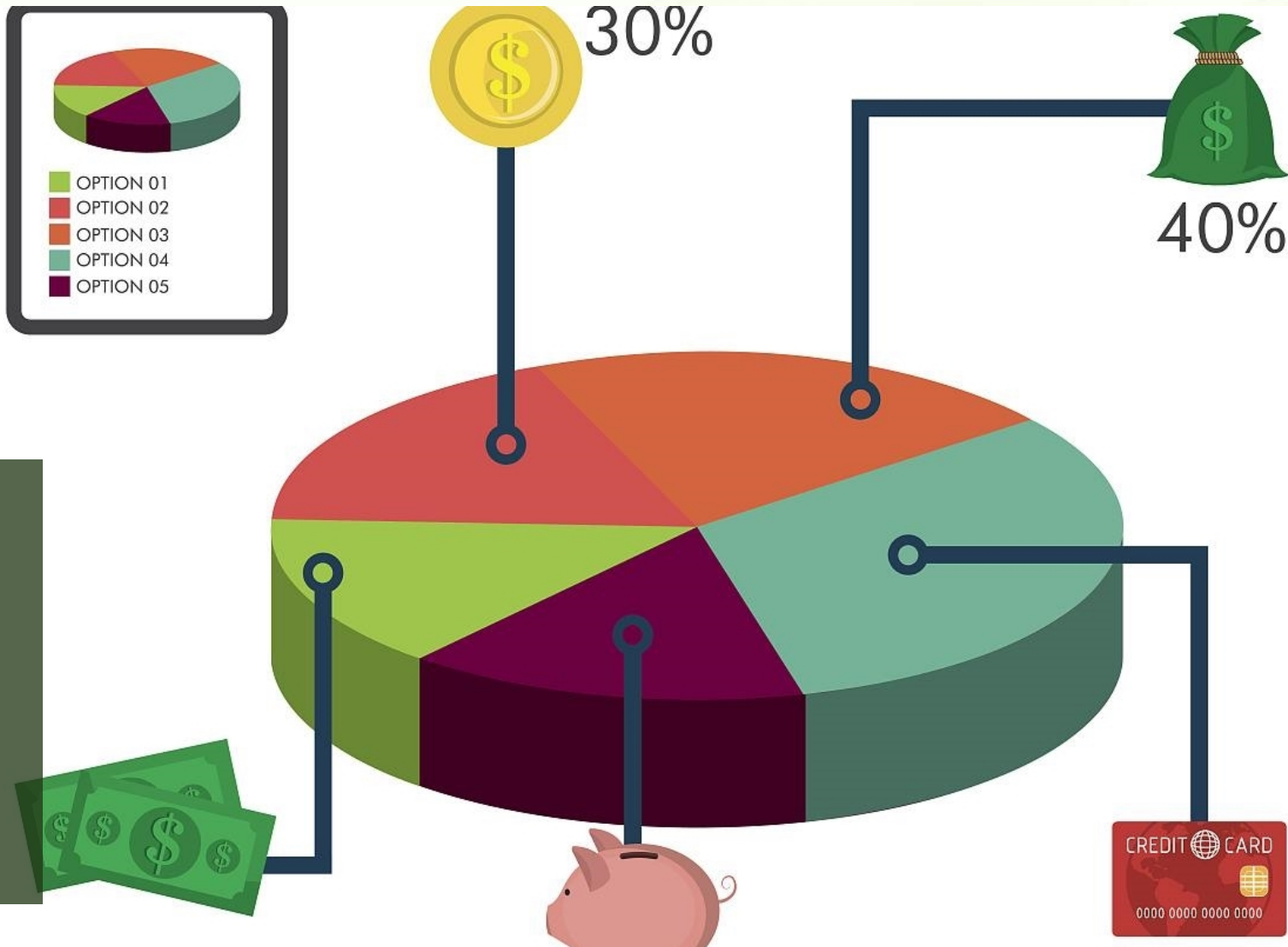


## 目的

分析iPSCs分化为NSCs过程中miRNAs的表达谱变化，鉴定关键调控miRNAs。

## 方法

采用高通量测序技术检测iPSCs和NSCs中miRNAs的表达水平，通过生物信息学分析筛选差异表达miRNAs，并预测其靶基因和功能。





# 实验设计与流程



## 实验分组

设立iPSCs组和NSCs组，每组至少3个生物学重复。

## RNA提取与测序

提取细胞总RNA，构建miRNA文库，进行高通量测序。

## 细胞培养与分化

采用特定培养基和分化条件诱导iPSCs分化为NSCs。

## 数据处理与分析

对测序数据进行质量控制、序列比对、表达量计算等处理，采用统计学方法筛选差异表达miRNAs，并进行靶基因预测和功能注释。





## PART 02

# 人诱导性多能干细胞分化为神经干细胞



# 人诱导性多能干细胞概述



## 来源与制备

人诱导性多能干细胞 (hiPSCs) 是通过重编程技术将体细胞转化为具有多能性的干细胞，具有与胚胎干细胞相似的特性。

## 特性与优势

hiPSCs具有自我更新能力和多向分化潜能，可分化为多种细胞类型，同时避免了胚胎干细胞的伦理问题。

## 研究与应用

hiPSCs在再生医学、疾病模型、药物筛选等领域具有广泛的应用前景。







# 神经干细胞特性及分化过程



## 神经干细胞特性

神经干细胞 (NSCs) 具有自我更新能力和多向分化潜能，可分化为神经元、星形胶质细胞和少突胶质细胞等。

## 分化过程

hiPSCs向NSCs分化的过程包括多个阶段，涉及细胞形态、基因表达和信号通路的改变。

## 分化调控

分化过程中的关键调控因子包括转录因子、表观遗传修饰和microRNAs等。



# 分化效率评估与鉴定方法



## 分化效率评估

通过流式细胞术、免疫荧光染色等方法对分化后的细胞进行表型鉴定和数量统计，以评估分化效率。



## 鉴定方法

采用RT-PCR、Western blot等技术检测分化后细胞的特异性基因和蛋白表达情况，以确认其身份和功能。



## 功能验证

通过体外细胞实验、动物模型等方法验证分化后细胞的功能和治疗效果。



PART 03

# 高通量测序技术原理及应 用



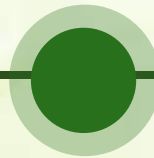
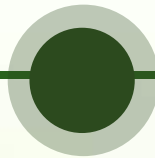
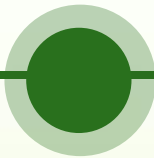
REPORTING



CATALOGUE



# 高通量测序技术简介



高通量测序 ( High-throughput sequencing ) 又称下一代测序 ( Next-generation sequencing, NGS ) , 能一次对数十万至数百万条 DNA 分子进行序列测定。

基于边合成边测序 ( Sequencing by Synthesis ) 的原理, 加入改造过的 DNA 聚合酶和带有 4 种荧光标记的 dNTP, 这些核苷酸是 “可逆终止子”, 每次只添加一个, 利用高分辨率的成像系统捕捉荧光信号, 从而读取 DNA 序列信息。

高通量测序技术具有高通量、高分辨率、高灵敏度等优点, 已广泛应用于基因组学、转录组学、表观基因组学等领域。



# microRNA测序策略与实验设计



microRNA ( miRNA ) 是一类长度约为22个核苷酸的非编码RNA，通过与靶mRNA的3'UTR结合，导致mRNA降解或翻译抑制，从而在转录后水平调控基因表达。



miRNA测序策略主要包括小RNA文库构建、高通量测序和数据分析三个步骤。其中，小RNA文库构建是关键步骤，需要选择合适的接头、逆转录引物和PCR扩增条件等。



实验设计方面，需要考虑样本类型、处理条件、生物学重复和技术重复等因素。同时，为了准确检测miRNA表达变化，还需要选择合适的内参基因或外源性RNA进行标准化处理。

以上内容仅为本文档的试下载部分，为可阅读页数的一半内容。如要下载或阅读全文，请访问：  
<https://d.book118.com/907124105016006130>