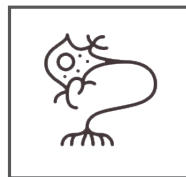


ÁREAS DE INVESTIGAÇÃO APLICÁVEIS

A tecnologia *single-cell* tem uma **ampla gama de áreas de aplicação**:



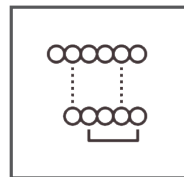
Biologia
do cancro



Neurociência



Imunologia



Biologia do
desenvolvimento



Biologia de
células estaminais

REQUISITOS DAS AMOSTRAS

A tecnologia *single-cell* requer que as células estejam **individualizadas**.

	Single-cell gene expression	Fixed RNA profiling
Nº inicial de células totais	-	>300.000 células >500.000 núcleos
Viabilidade celular	>95%	>80% ¹
Concentração óptima (cél./µl)	700-1.200	400-4.000 ² (single plex) 500-6.000 ² (4 plex) 500-10.000 ² (16 plex)
Células a analisar por amostra	500-10.000	500-10.000 (single plex) 500-10.000 (4 plex) 500-8.000 (16 plex)
Tamanho celular	<30 µm	<30 µm
Nº de leituras por cél. recomendado	20.000	10.000
Organismos	Eucariotas	Humano e ratinho
Envio para a NIMGenetics	Frescas ³ Criopreservadas ⁴	>300.000 células >500.000 núcleos

¹ Viabilidade celular antes da fixação.

² Dependendo do target a recuperar.

³ 10X recomenda o envio imediato a frio, preferivelmente nos 30 min posteriores à individualização. Consultar.

⁴ Em células criopreservadas assume-se uma perda de 50% de células viáveis sobre o número original de células.

 **NIMGenetics**
New Integrated Medical Genetics



ISO 9001
BUREAU VERITAS
Certification



ISO 14001
BUREAU VERITAS
Certification



Certified
 Corporation

CAT-44; Rev01; 17/11/2022_PT

ESPAÑA

Avda. Isla Graciosa, 3 · Planta baja
San Sebastián de los Reyes
28703 (Madrid)
Tel. +34 91 037 83 54

PORTUGAL

Complexo Interdisciplinar Universidade
de Lisboa, Salas 212 – 214
Avenida Prof. Gama Pinto nº 2
1649-003 Lisboa
+351 93 234 8032

BRASIL

Rua Elvira Ferraz, nº250,
Cj. 211. Itaim
São Paulo, SP,
CEP: 04552-040
Te. +55 11 3044 1813

MEXICO

World Trade Center
Montecito, 38 - Piso 35
Oficina 10
Col. Nápoles
03810 Ciudad de México
Tel. +52 55 6823 2076

SINGLE-CELL
Sequencie individualmente,
pense globalmente

 **NIMGenetics**
New Integrated Medical Genetics

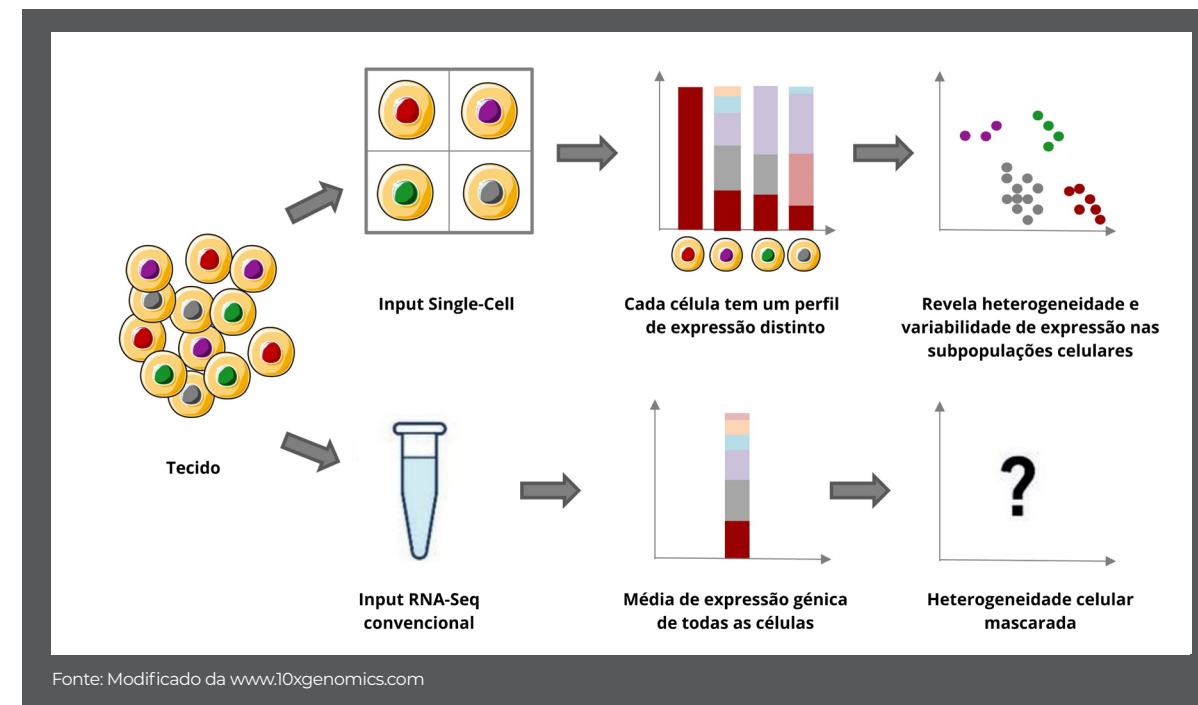
A tecnologia **single-cell RNA-Seq** permite conhecer o transcrito ao nível da célula única, para descobrir a heterogeneidade presente numa amostra. Esta solução permite o estudo de informação previamente inacessível, já que se podem analisar, além de transcritos, epigenomas e repertórios imunológicos, com a **resolução de células individuais**.

Que **vantagens** traz o **single-cell RNA-seq** face ao RNA-seq convencional?

As tecnologias de sequenciação requerem um passo de lise celular, no qual, o material genético de todas as células presentes numa amostra se mistura num mesmo tubo para fazer as bibliotecas de sequenciação.

A maioria das amostras tem uma composição celular heterogénea, pelo que os resultados que se obtêm numa sequenciação convencional, e em concreto num RNA-Seq, representam a média de expressão de todas as células.

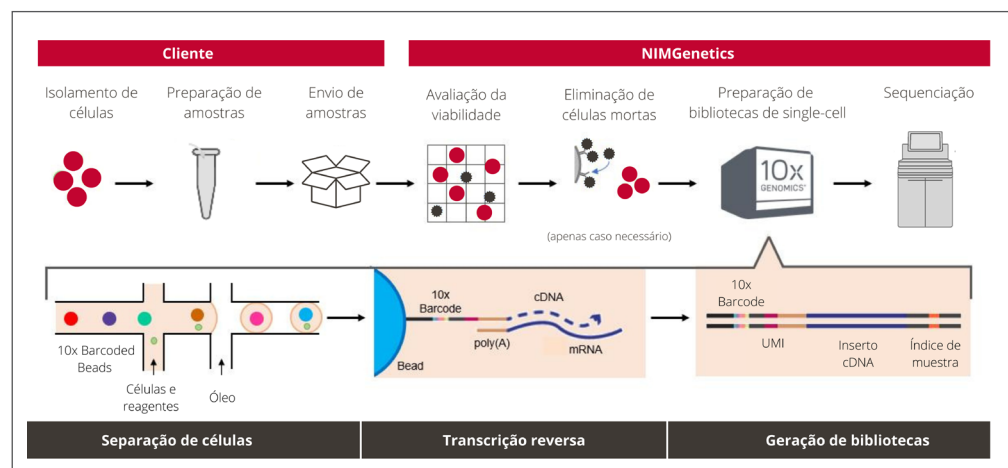
Porém, o **single-cell RNA-Seq** permite individualizar as células de modo a poder ver-se a expressão específica de cada uma das células, permitindo identificar todos os tipos celulares contidos numa amostra.



Na NIMGenetics colocamos à disposição do investigador o **serviço de single-cell**, tanto em **células frescas** como **fixadas**.

Single-Cell Gene expression

A **aplicação single-cell RNA-Seq** proporciona perfis transcricionais que permitem aos investigadores compreender, ao nível de uma só célula, que genes se expressam, em que quantidades e como diferem dos níveis de expressão entre milhares de células presentes numa amostra.

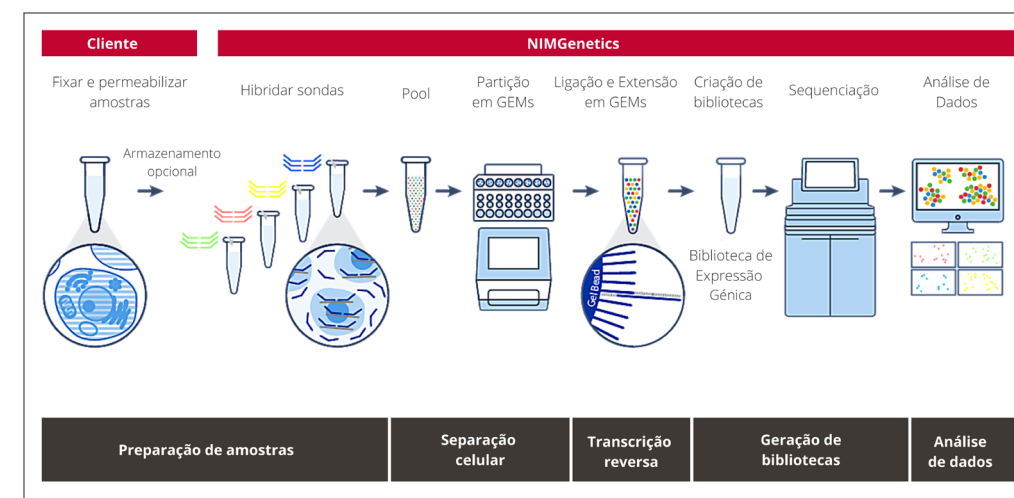


- ◆ Nesta aplicação, as células frescas são encapsuladas em GEMs, onde uma vez induzida a lise celular, capturam-se as caudas polyA das moléculas de mRNA.
- ◆ Posteriormente, gera-se um cDNA etiquetado com um barcode que identifica a célula original e um identificador molecular único (UMI) referente a cada transcrito de mRNA.
- ◆ Finalmente, o cDNA de cada célula amplifica-se e adiciona-se um último adaptador de Illumina®, que inclui um identificador da amostra. As bibliotecas geradas são sequenciadas posteriormente num dos nossos equipamentos NovaSeq® 6000 e os dados são facilmente analisados, mediante programas específicos.

Fixed RNA-profiling

A **técnica de fixed RNA-profiling** permite a elaboração de perfis completos do transcrito, a partir de células individuais, baseando-se na hibridação de sondas.

Graças ao **equipamento Chromium iX** é possível **trabalhar com células fixadas** no momento da sua colheita, resolvendo assim, uma das barreiras que a tecnologia single-cell apresentava até agora.



- ◆ Esta modalidade consegue preservar a informação biológica mais suscetível de ser deteriorada.
- ◆ Permite o estudo da expressão génica de uma célula única, em amostras que antes estavam inacessíveis, devido aos desafios logísticos no manuseamento, transporte e armazenamento de amostras.