



Vysokokapacitní přístroj pro přípravu DNA nebo RNA knihoven z jedné buňky

- možnost analýzy buněk v počtu 500 až 10 000 buněk nebo jejich jader (eukaryotické buňky) v jednom vzorku
- možnost zpracování samostatně 1 vzorku nebo souběžného zpracování až 8 vzorků
- příprava v kapičkách („droplet-based“ technologie) - označení cílové molekuly mRNA během jejího přepisu do cDNA nebo označení cílové molekuly DNA sekvencí („cell-barcod“) v kapičkách
- vysoká efektivita zachytu buněk ze vstupního materiálu buněk (až 65 % „recovery rate“)
- využití technologie UMI (unique molecular identifiers)
- přidružené softwarové řešení, softwarová podpora následných analýz: demultiplexing, analýza genové exprese, vizualizace dat, klastrování, vyhledání významných genů
- kompaktní velikost přístroje umožňující jeho přenos do místa experimentu z důvodu eliminace změny genové exprese přenášením buněk (hmotnost do 8 kg)
- vysoká efektivita zapouzdření buněk - nízká frekvence lokalizace více buněk v jedné kapičce (méně jak 1 % při analýze 1500 buněk)
- přístroj umožňuje následující analýzy:
 - 3' single cell mRNA profilování
 - 5' single cell mRNA profilování
 - analýza kompletní sekvence V(D)J oblasti myších nebo lidských (α a β řetězec) TCR a (lehký a těžký řetězec) BCR transkriptů na úrovni jedné buňky
 - ATAC sekvenování (analýza epigenetických změn) na úrovni jedné buňky
 - Možnost souběžné analýzy: 5' single cell mRNA profilování, single cell analýza kompletní sekvence V(D)J oblasti myších nebo lidských (α a β řetězec) TCR a (lehký a těžký řetězec) BCR transkriptů, single cell analýza povrchových proteinů buňky a antigenní specifita TCR
 - Možnost souběžné analýzy: 3' mRNA profilování na úroveň jedné buňky souběžně s analýzou povrchových proteinů buňky („Feature Barcoding“ technologie) nebo gRNA („CRISPR perturbations“)
- Validovaná velikost buněk: do 30 μ m
- Doba běhu (run): do 20 min vzhledem k minimalizaci ovlivnění genové exprese