

# Single-Cell RNA Sequencing



## Erforschen Sie die zelluläre Vielfalt auf Einzelzellebene

Der menschliche Körper besteht aus mehr als 30 Billionen Zellen. Innerhalb eines Organs oder Gewebes kommen verschiedene Zelltypen und Zellpopulationen vor. Diese Zellen sind hinsichtlich der exprimierten Gene, also ihres Transkriptoms, sehr heterogen. Diese Heterogenität ist ein wichtiges Merkmal der normalen physiologischen Prozesse und gewährleistet die korrekte Funktionsweise von Geweben oder Organen. Während einem Krankheitsverlauf kann sich allerdings die Zusammensetzung der verschiedenen Zellpopulationen sowie deren Transkriptom verändern und damit sogar zur Erkrankung beitragen.

In Proben mit verschiedenen Zellpopulationen können herkömmliche RNA-Massensequenzierverfahren, auch bekannt als bulk RNA-Sequencing, die Heterogenität der Zellen nicht erfassen. Die Einzelzell-RNA-Sequenzier-technologie ermöglicht es jedoch die Transkriptome von Tausenden von Zellen in einer einzelnen Probe zu analysieren. Veränderungen der Transkription in verschiedenen Zellen können so detektiert werden. Mithilfe der Ergebnisse können neue Biomarker identifiziert oder tiefere Einblicke in die Biologie von Geweben und Krankheiten gewonnen werden.

**Unser 3' Single-Cell-RNA-Sequencing-Produkt (3' SCR) hilft Ihnen dabei, die zelluläre Vielfalt Ihrer Proben zu erforschen.**

Möchten Sie mehr erfahren?  
Für weitere Informationen besuchen Sie unsere Website.  
[www.cebga.de/single-cell-rna-sequencing](http://www.cebga.de/single-cell-rna-sequencing)



## Unser Produkt für Single-Cell RNA Sequencing

	<b>3' SCR</b>
<b>Spezies</b>	Mensch, Maus Andere Arten sind auf Anfrage möglich
<b>Probenart</b>	Gefrorene Einzelzellsuspension
<b>Probenanforderungen</b>	1 Million Zellen in 1 ml Kryokonservierungsmedium >90% Zellviabilität Andere Proben sind auf Anfrage möglich
<b>Plattform</b>	Chromium™-System (10x Genomics®) Illumina
<b>Output</b>	Flexibel
<b>Beinhaltete Leistungen</b>	Projektbericht & FASTQ-Dateien



Anwendungsbereiche von Einzelzell-RNA-Sequenzierungen umfassen:

- ✗ Nachweis der Tumorheterogenität
- ✗ Zelldifferenzierung und Abstammungsnachweis
- ✗ Ansprechen auf therapeutische Behandlungen
- ✗ Entdeckung von Biomarkern



## Über uns

CeGaT wurde 2009 in Tübingen, Deutschland, gegründet. Unsere Mitarbeiterinnen und Mitarbeiter sind spezialisiert auf Next Generation Sequencing (NGS). Neben der genetischen Diagnostik bieten wir eine Vielzahl von Sequenzierdienstleistungen für Fragestellungen aus der Forschung und der Pharmabranche an. Unser Serviceportfolio umfasst Sequenzierdienstleistungen, die sich auch für Mikrobiom-, Epigenom-, Immunologie- und translationale Onkologie-Projekte eignen.

Unser engagiertes Team arbeitet eng mit Ihnen zusammen, um die beste Strategie für Ihr Projekt zu entwickeln sowie dieses zu betreuen. Wir wählen mit Ihnen die am besten geeignete Vorbereitung der Library, die optimalen Bedingungen für die Sequenzierung sowie das Level der bioinformatischen Leistungen für Ihr Projekt aus.

**Wir freuen uns, Ihnen unseren exzellenten Service anbieten zu können. Kontaktieren Sie uns noch heute, um mit der Planung Ihres nächsten Projekts zu beginnen.**



Akkreditiert nach  
DIN EN ISO/IEC 17025:2018



CLIA CERTIFIED ID: 99D2130225

CeGaT GmbH  
Research & Pharma Solutions  
Paul-Ehrlich-Str. 23  
72076 Tübingen  
Deutschland

Phone: +49707156544-333  
Fax: +49 707156544-56  
Email: rps@cegat.com  
Web: [www.cegat.de/rps](http://www.cegat.de/rps)