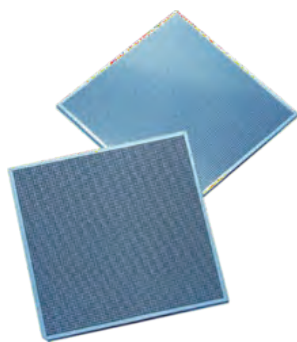
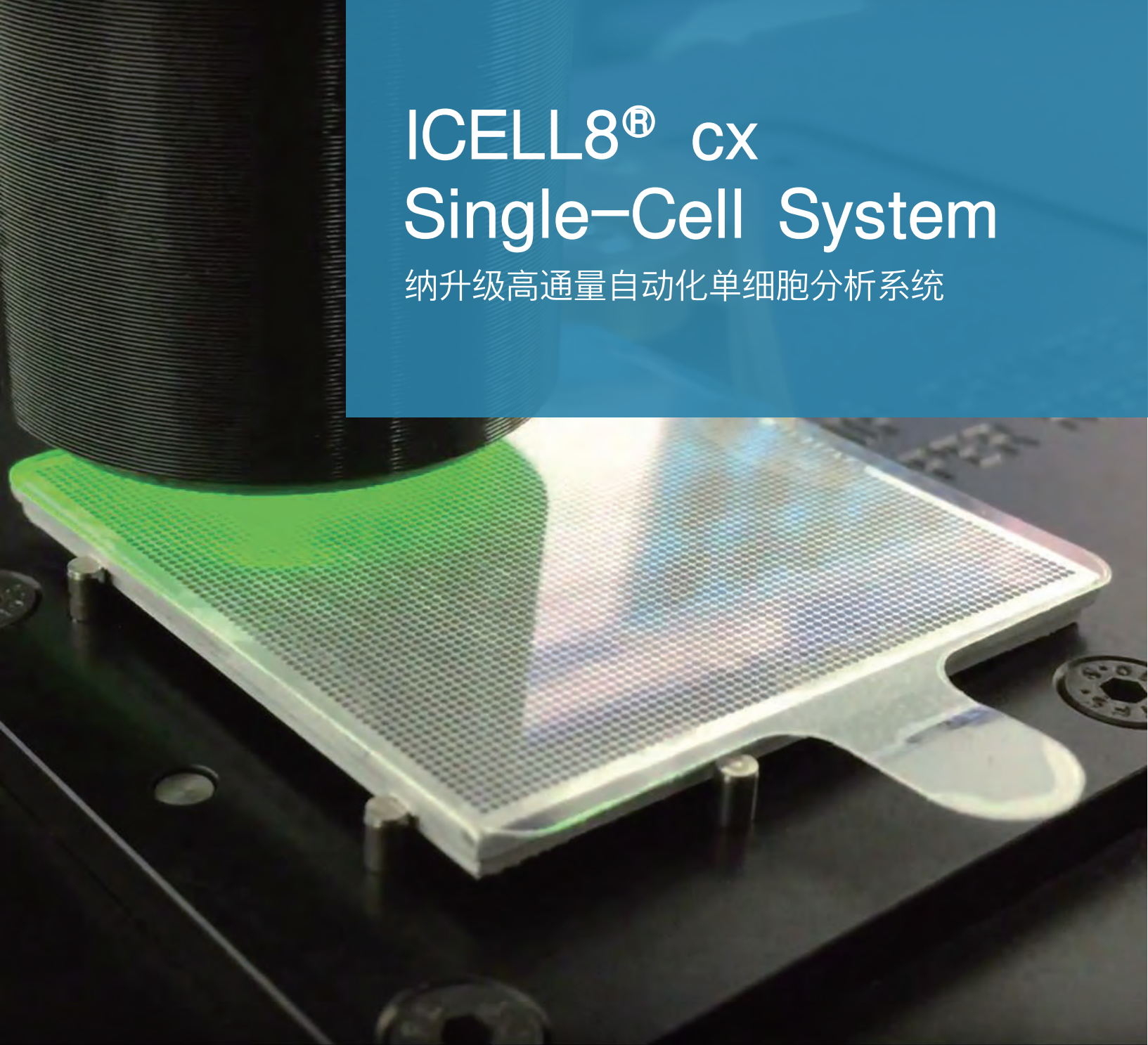


ICELL8[®] cx Single-Cell System

纳升级高通量自动化单细胞分析系统



Clontech **Takara** cellartis

ICELL8® cx Single-Cell System

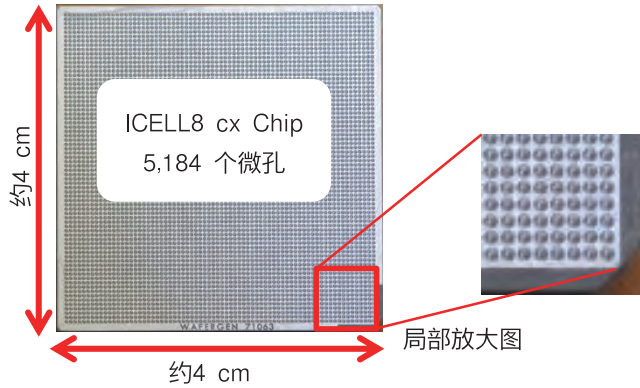
- 将细胞悬液以纳升级别分注到含5,184个微孔的芯片中，单次获得1,200~1,500个单细胞
- 可检测5~100 μm大小的各种细胞类型样本
- 成像系统自动筛选出包含活单细胞的微孔
- 单枚芯片可以同时分析最多8种细胞样品

单细胞NGS系统分析流程示意图 (3'端差异表达分析)



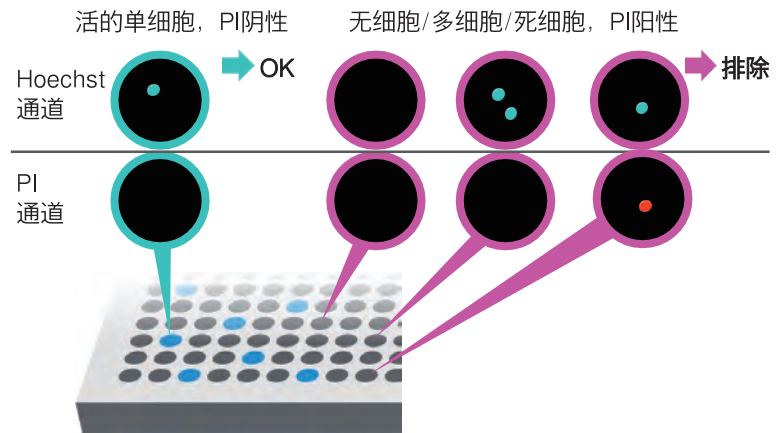
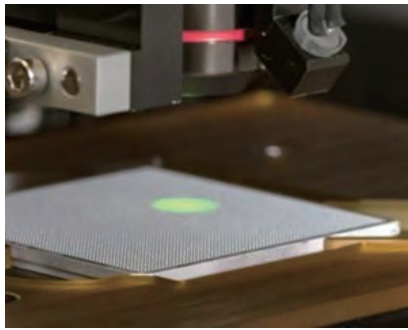
*1: 用于死细胞染色的试剂，详情请参考使用说明书

通过纳升级分注分离单细胞装置



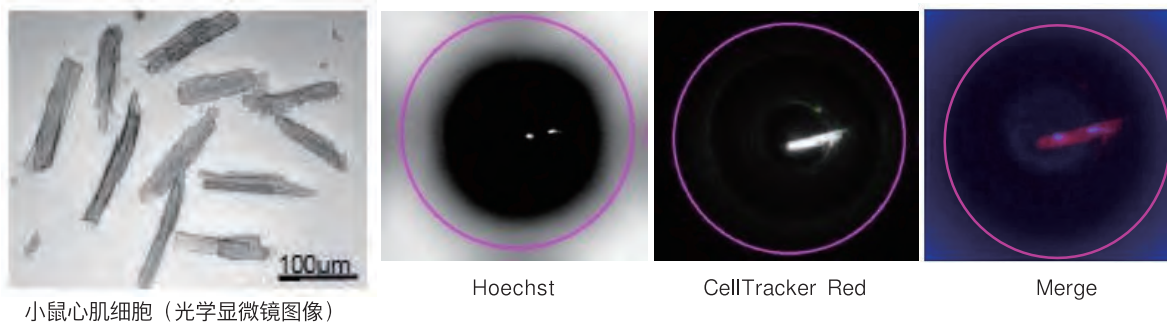
ICELL8 cx系统能够将纳升级细胞悬液准确分注到4 cm见方的5,184微孔芯片中，捕获单细胞。单细胞捕获结果遵循泊松分布原理，单枚芯片可获得1,200~1,500个单细胞。单枚芯片可同时进行最多8种样品的分注。

自动成像识别“活的单细胞”



芯片分注细胞后，通过系统内置显微镜获得5,184个微孔的荧光图像信息。经过细胞核染色剂Hoechst（蓝色荧光）和PI（Propidium Iodide，红色荧光）预染色的细胞，使用CellSelect软件对图像进行分析，并自动筛选记录“活的单细胞”微孔。后续操作中，生化试剂只向选定的微孔分注，可以消除多细胞、死细胞的影响。此外，CellSelect软件支持手动选择模式，可以对感兴趣的细胞进行个性化选择并测序分析。

细胞分选案例——小鼠心肌细胞



ICELL8 cx系统可检测5~100 μm大小的各种细胞类型样本，例如：细胞核、血细胞、心肌细胞。

<案例> 芯片微孔中成熟小鼠心肌细胞（约100 μm）

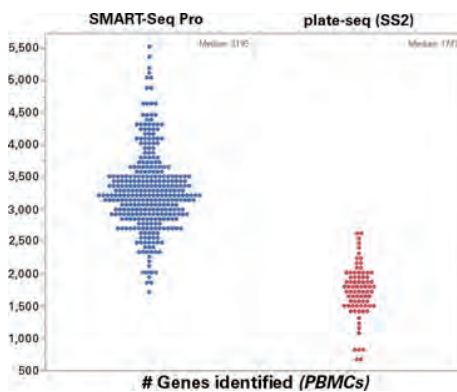
※数据来源： 马克斯·普朗克研究所 Stefan Günther 博士

使用基于SMART技术的专用试剂 适用于各种单细胞RNA-Seq应用

单细胞全长mRNA-Seq分析

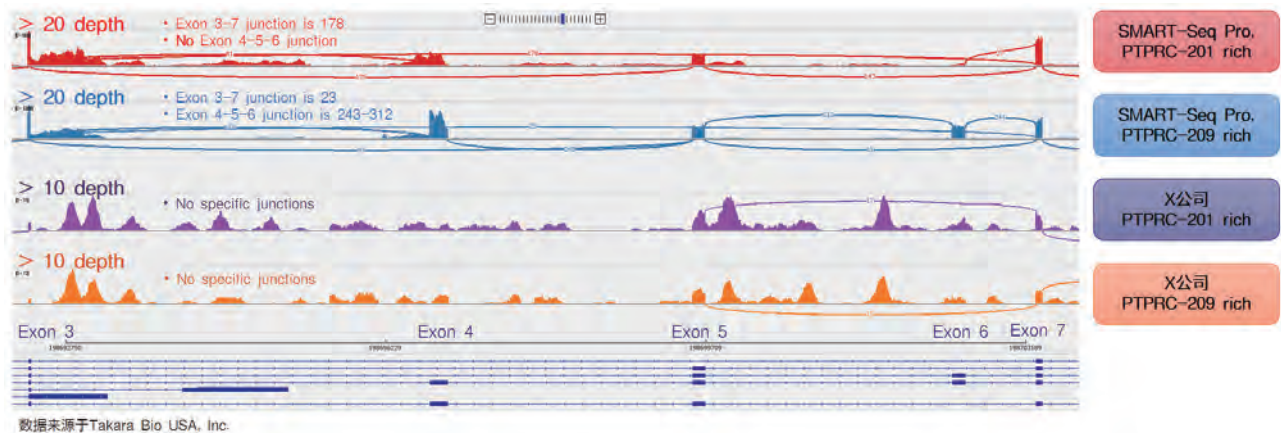
SMART-Seq® Pro Application Kit

- 制备全长cDNA，捕获重要生物标志物，如：SNPs、融合基因、剪切变异
- 自动化高通量方案，快速分析1,200~1,500个细胞的全长mRNA信息
- 与SMART-Seq2方法相比，检测灵敏度更高
- 搭配特别开发的Cogent NGS生信分析工具，帮助完成测序数据分析



使用SMART-Seq® Pro Application Kit和Smart-Seq2 (SS2) 对比PBMC样本中基因检测数

使用SMART-Seq Pro Kit和SS2对人PBMC样品进行单细胞RNA测序，比较两种方法的基因检测数。SS2（红色）方法基因检测中位数为1,747。SMART-Seq Pro Kit（蓝色）基因检测中位数为3,195，并且鉴定到更多基因。



SMART-Seq Pro kit—PTPRC关键剪切变异检测

在ICELL8 cx系统上用SMART-Seq® Pro Application Kit可以识别在X公司检测系统上丢失的异构体表达数据。SMART-Seq Pro不仅可以识别跨外显子3、4、5、6和7的连接读数，还揭示了PTPRC-201和PTPRC-209同种型的不同特征。而X公司末端计数法产生的数据无法识别这些相同外显子区域中的连接（峰值代表来自未对准读数的噪声）。

产品名称	包装量	Code No.	价格
SMART-Seq® Pro Application Kit	2 Chips	640257	询价

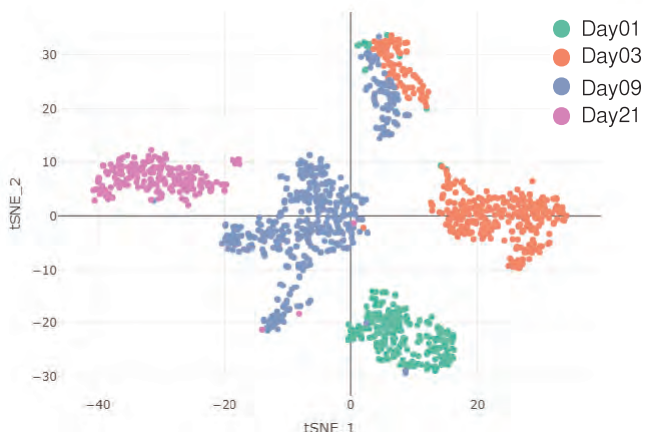
※：本产品的组件也可以单独购买。有关详细信息，请参阅Takara官网的产品页。

3' 端差异表达分析

ICELL8® cx 3' DE Kit

- 对ICELL8 cx系统捕获的1,200~1,500个单细胞构建3' DE文库
- 3' DE专注于mRNA末端分析，减少基因差异表达分析所需reads数，低成本高效率地分析单个细胞的基因差异表达
- 样品灵活性高，一次实验可同时对8个不同样品进行单细胞分析

iPS向心肌细胞分化过程中单细胞基因差异表达分析案例



由tSNE分析可以看出各分化阶段的单细胞存在明显的基因表达差异。部分Day3和Day9细胞群体聚集在一起，说明在相同细胞群体中也存在异质性。

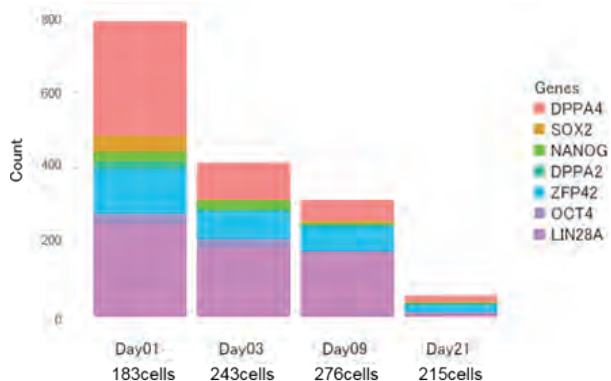
NGS分析结果

单细胞捕获数：约1,000个细胞（4个样本）
 平均reads数：12万reads（每个细胞）
 平均检出基因数：1,200个基因（每个细胞）
 ※最大75万reads，检测出4,500个基因

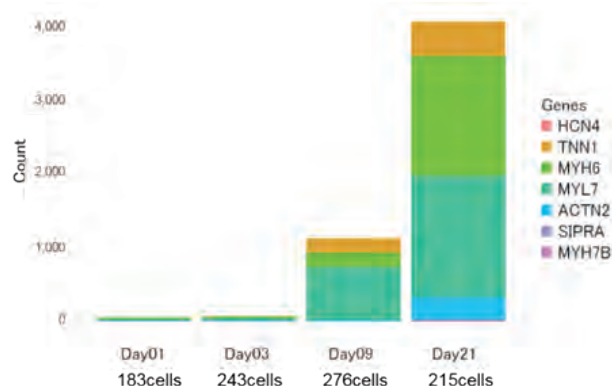
细胞来源

京都大学 ips细胞研究所 未来生命科学发展部 渡边亮教授

iPS细胞特异性基因表达变化



心肌细胞特异性基因表达变化



iPS细胞中特异性基因的表达随着分化进程明显减少，而心肌细胞特异性基因的表达随着分化进程而增加。

产品名称	包装量	Code No.	价格
ICELL8® cx 3' DE Chip	1 Chip	640199	询价
ICELL8® 3' DE Reagent Kit ※1	1 Rxn	640167	
ICELL8® 3' DE for UMI Reagent Kit ※2	1 Rxn	640005	
ICELL8® Collection Kit	1 Pkg	640048	
ICELL8® cx Loading Kit	1 Pkg	640197	

※1: 若数据分析时不使用Unique molecular identifiers (UMI)，可选择该试剂盒。试剂盒包含制备cDNA的反转录酶、PCR酶
 ※2: 若数据分析时使用Unique molecular identifiers (UMI)，可选择该试剂盒。试剂盒不包含制备cDNA的反转录酶、PCR酶，需另行购买

TCR分析

ICELL8® Human TCR a/b Profiling Reagent Kit

- ICELL8 cx系统可分离捕获数百个单个人源T细胞，获得TCR α链和β链V(D)J可变区序列和配对信息
- 结合SMART技术和RACE方法，可以对低频TCR变体进行有效检测
- 一次可同时分析多达8种不同的细胞样本
- 可同时进行5' DE分析和单细胞TCR分析

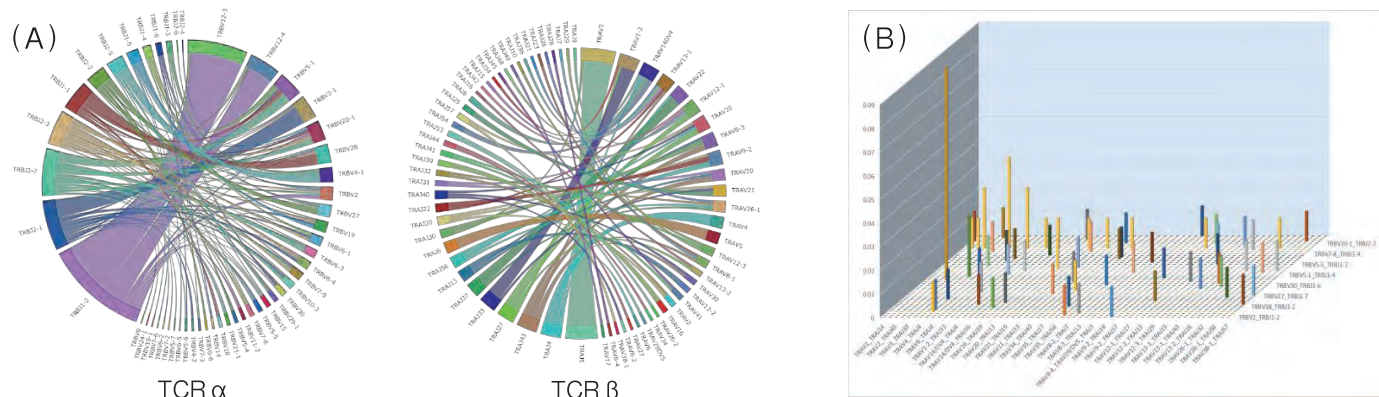
使用预制barcodes的ICELL8® cx TCR芯片及相关试剂，ICELL8 cx系统可对数百个单个T细胞受体α链和β链信息进行合并测序分析。此外，使用Indexing Primer Set可合并多达10个ICELL8 cx TCR芯片产生的cDNA文库，再进行测序分析。通过SMART方法获得全长cDNA，利用基于RACE的TCR基因特异性PCR方式，扩增TCR α链和TCR β链 V (D) J可变区全长序列，实现高灵敏度的TCR测序。

★ 可同时进行单细胞TCR分析和5' DE分析

本品支持同时进行单细胞TCR分析和5'端基因差异表达分析。选取一部分收集的cDNA扩增产物进行5' DE分析文库制备，可以对具有特定克隆型的T细胞进行基因表达分析。

TCR克隆型分析

采用ICELL8 cx系统及配套的TCR试剂盒分析外周血单个核细胞（PBMC）TCR克隆型情况



(A) V-J区分析

对每个细胞，分别对其TCR α链和β链VJ区域进行分析，并进行组合。用弦图表示V区和J区组合的结果，外围弧长表示具有特定VJ区域组合的细胞数量。结果表明，细胞群中的VJ区组合具有多样性。

(B) TCR α / β 对出现频率

从每个细胞获得的TCR α和TCR β VJ区组合信息，通过3D条形图展示其出现的频率。横轴表示TCR α的VJ区组合模式，纵轴表示TCR β的VJ区组合模式。每个TCR α / β 对的出现频率由条形图的高度表示。

在PBMC中，TCR α / β 组合存在多样性。此外，一些特定的TCR α / β 组合出现的频率很大。虽然很难获得TCR α / β 的准确配对信息，但是相较而言，通过单细胞分析获得的配对信息更准确，也可以研究细胞群中TCR的多样性和占有率。

产品名称	包装量	Code No.	价格
ICELL8® cx TCR Chip	1 Chip	640200	询价
ICELL8® Human TCR a/b Profiling – Indexing Primer Set	1 Chip	640179	
	5 Chips	640180	
ICELL8® Human TCR a/b Profiling Reagent Kit	10 Chips	640181	
	Each	640182	
ICELL8® Collection Kit	1 Pkg	640048	
ICELL8® cx Loading Kit	1 Pkg	640197	

ICELL8® cx Single-Cell System



系统构成

- ICCELL8 cx系统主机
- Chip Cycler
- CellSelect Software

规格

ICCELL8 cx系统主机

大小 (长 × 宽 × 高)	107 cm × 56 cm × 56cm
重量	79.4 kg
电源	100-240 VAC, 50/60 Hz

Chip Cycler

大小 (长 × 宽 × 高)	26 cm × 34.5 cm × 26 cm
电源	100-240 VAC, 50/60 Hz

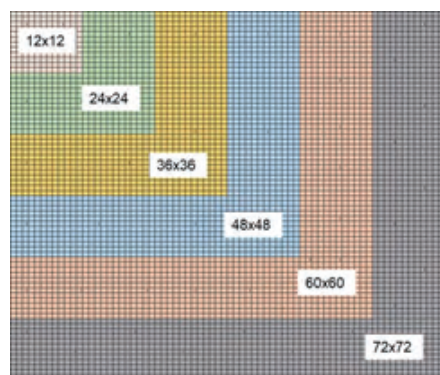
产品名称		包装量	Code No.	价格
仪器	ICELL8® cx Single-Cell System	1 System	640188	询价
耗材	ICELL8® 350v Chip	Each	640019	
	ICELL8® Collection Kit - L	Each	640212	
	ICELL8® Loading kit - B	Each	640206	

更改细胞分配和成像设置，支持自定义应用程序

ICELL8 cx系统自带的CELLSTUDIO软件允许您更改细胞分配和成像设置。因此我们不仅支持使用专用试剂验证过的应用程序（全长转录组分析、3' DE表达分析和TCR分析），还支持创建自定义应用程序，包括表观遗传学方面的单细胞CUT&Tag测序、单细胞ATAC-Seq等。作为一款高通量、自动化的单细胞分选系统，ICELL8 cx系统能提供的不只是分选，还有更多单细胞测序研究的可能性。



咨询帮助



- ICCELL8芯片上的分注模式选择（可从 12x12、24x24、36x36、48x48、60x60 和 72x72 中选择）
- 分注量选择（35 nl、50 nl、100 nl/孔中选择）
- 允许在细胞分注过程中暂停（可高效单细胞化比重较重的细胞，如心肌细胞）
- 提供三种颜色（红色、蓝色和绿色）荧光滤光片

参考文献

心肌

CRISPR-Mediated Activation of Endogenous Gene Expression in the Postnatal Heart

Schoger E, *et al.*

Circulation Research **126**, 6–24 (2020)

Single-cell reconstruction of the adult human heart during heart failure and recovery reveals the cellular landscape underlying cardiac function

Li Wang, *et al.*

Nature Cell Biology **22**, 108–119 (2020)

Single-cell reconstruction of differentiation trajectory reveals a critical role of ETS1 in human cardiac lineage commitment

Hang Ruan, *et al.*

BMC Biology **17**, Article number: 89 (2019)

Mono- and multi-nucleated ventricular cardiomyocytes constitute a transcriptionally homogenous cell population

Yekelchyk M, *et al.*

Basic Research in Cardiology **114**, Article number: 36 (2019)



大脑-神经-视网膜

Mono- and multi-nucleated ventricular cardiomyocytes constitute a transcriptionally homogenous cell population

Yekelchyk M, *et al.*

Basic Research in Cardiology **114**, Article number: 36 (2019)

Modeling glioblastoma invasion using human brain organoids and single-cell transcriptomics

Krieger, T. G. *et al.*

bioRxiv 630202 (2019)

Generation, transcriptome profiling, and functional validation of cone-rich human retinal organoids

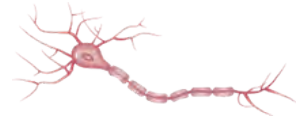
Kim, S. *et al.*

PNAS **116**, 10824–10833 (2019)

Single-nuclei RNA-seq on human retinal tissue provides improved transcriptome profiling

Liang, Q. *et al.*

Nature Communications **10**, Article number: 5743 (2019)



癌症

Pheno-seq – linking 3D phenotypes of clonal tumor spheroids to gene expression

Tirier, S. M. *et al.*

bioRxiv 311472 (2018)

Chemoresistance evolution in triple-negative breast cancer delineated by single-cell sequencing

Kim, C. *et al.*

Cell **173**, 879–893. E13 (2018)



单细胞表观遗传学分析

High-throughput chromatin accessibility profiling at single-cell resolution

Anja Mezger *et al.*

Nature Communications **9**, Article number: 3647 (2018)

CUT&Tag for efficient epigenomic profiling of small samples and single cells

Hatice S. *et al.*

Nature Communications **10**, Article number: 1930 (2019)



- 本宣传页上登载的制品，都是以科研为目的。请不要用于其它方面，如：不要用于人、动物的临床诊断和治疗。也不能用于食品、化妆品及家庭用品等方面。
- 未经本公司许可，严禁产品的转售·转让、以转售·转让为目的的产品更改、以及用于商品的制造。
- 专利许可及注册商标信息请在网站上确认：<http://www.takarabio.com/>。
- 本宣传页上登载的公司名称及制品名称即使没有特殊标注，使用的也是各公司的商标或注册商标。
- 本宣传页仅限于中国大陆地区客户使用，其他地区客户请咨询当地代理商。
- 本宣传页上记载的产品信息是2023年2月1日的信息，最新信息请参考公司官网。

Ver.1 2023年2月制作