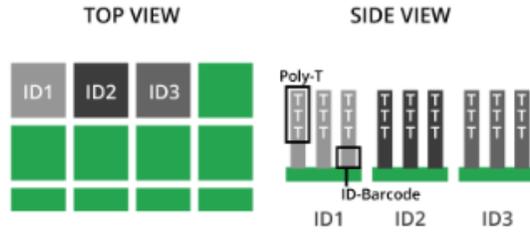


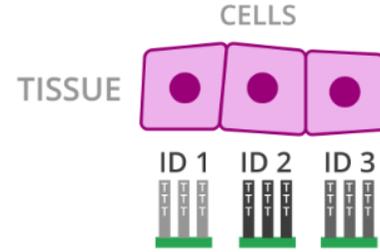
1. Histologia

As moléculas de RNA em cada célula contêm informações sobre quais genes são expressos. A seção de tecido é fotografada para recuperar informações histológicas. Isso permite ver onde uma célula ou um grupo de células está localizado no contexto do tecido.



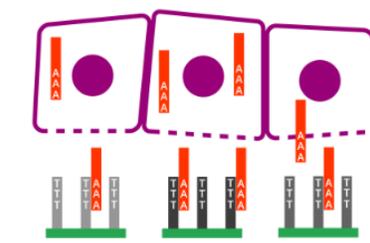
2. Array

Contêm uma variedade de sondas de captura distinguíveis. As caudas Poly-T destas sondas de captura podem ligar as caudas Poly-A das moléculas de RNA. Os arrays são ordenados como um tabuleiro de xadrez onde sondas com o mesmo ID-Barcode estão localizadas no mesmo quadrado. Isso permite a determinação de onde cada sonda de captura e seu RNA vinculado foram originados.



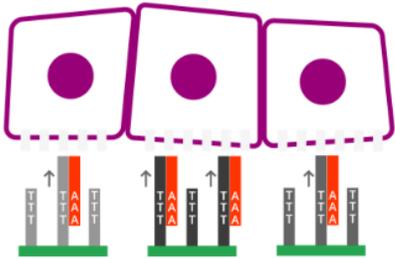
3. Fixação do tecido

O chip contém um quadro visualmente detectável que é gravado junto com a seção de tecido. Isso torna possível sobrepor a imagem do tecido celular e os dados da expressão gênica em uma etapa posterior.



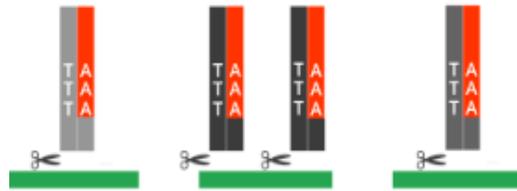
4. Permeabilização

O tecido é permeabilizado com o nosso reagente de permeabilização, criando pequenos orifícios na membrana celular. As moléculas de RNA podem sair das células através delas e se ligam às sondas de captura adjacentes no chip. Assim, a informação da expressão gênica é capturada no chip. As etapas a seguir são necessárias para traduzir as informações armazenadas nas moléculas de RNA capturadas como dados.



5. Síntese de cDNA

A síntese de cDNA é realizada para criar moléculas de DNA de cadeia dupla estáveis. Isso é necessário porque os híbridos de cDNA-RNA são degradados rapidamente. Além disso, é um passo necessário antes da preparação de bibliotecas capazes de sequenciamento.



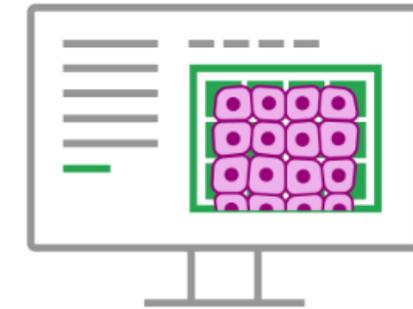
6. Preparo de Bibliotecas

Os híbridos de cDNA-RNA são separados do chip. Depois, a preparação da biblioteca é realizada com estes. Isso significa que as moléculas são modificadas de forma a possibilitar a leitura das informações codificadas usando um instrumento de sequenciamento.



7. Sequenciamento

As bibliotecas criadas são sequenciadas. Desse modo, informações sobre qual gene o RNA capturado estava codificando e onde, no tecido, o RNA veio é extraído. Esses dados são armazenados e analisados na nuvem.



8. Visualização dos Dados

Na última etapa, todas as informações coletadas anteriormente são agrupadas e podem ser acessadas online. Isso significa, na prática, que você pode olhar para uma imagem da sua seção de tecido e selecionar diferentes áreas no tecido. Você pode então determinar quais genes são expressos nessas áreas e em que quantidade. Assim, você pode realizar análises novas e abrangentes em apenas um único experimento.