

イルミナ社NGS装置用のオールマイティなRNA-seqライブラリー調製キット

SMART-Seq® Stranded Kit

さまざまなサンプル、要望に対応可能な唯一無二のRNA-seq用ライブラリー調製キットです

- ✓ pgオーダーのRNA OK
- ✓ シングルセル解析OK
- ✓ 分解RNA OK
- ✓ ノンコーディングRNA OK
- ✓ FFPE / LCM由来RNA OK
- ✓ 方向性情報解析 OK

製品リスト

製品名	容量	製品コード	価格(税別)
SMART-Seq® Stranded Kit	12回	634442	¥188,000
	48回	634443	¥658,000
	96回	634444	¥870,000



基本仕様: スタートサンプルは、total RNAでも細胞ダイレクトでもOK!

スタートサンプル	サンプル量	アプリケーション	NGS解析プラットフォーム	対象生物種	逆転写プライマー
total RNA	10 pg~10 ng	全トランスクリプトーム解析 (分解RNAを含む)	Illumina	ヒト、マウス、ラット	改変型ランダムプライマー
細胞ダイレクト	1~1,000個				

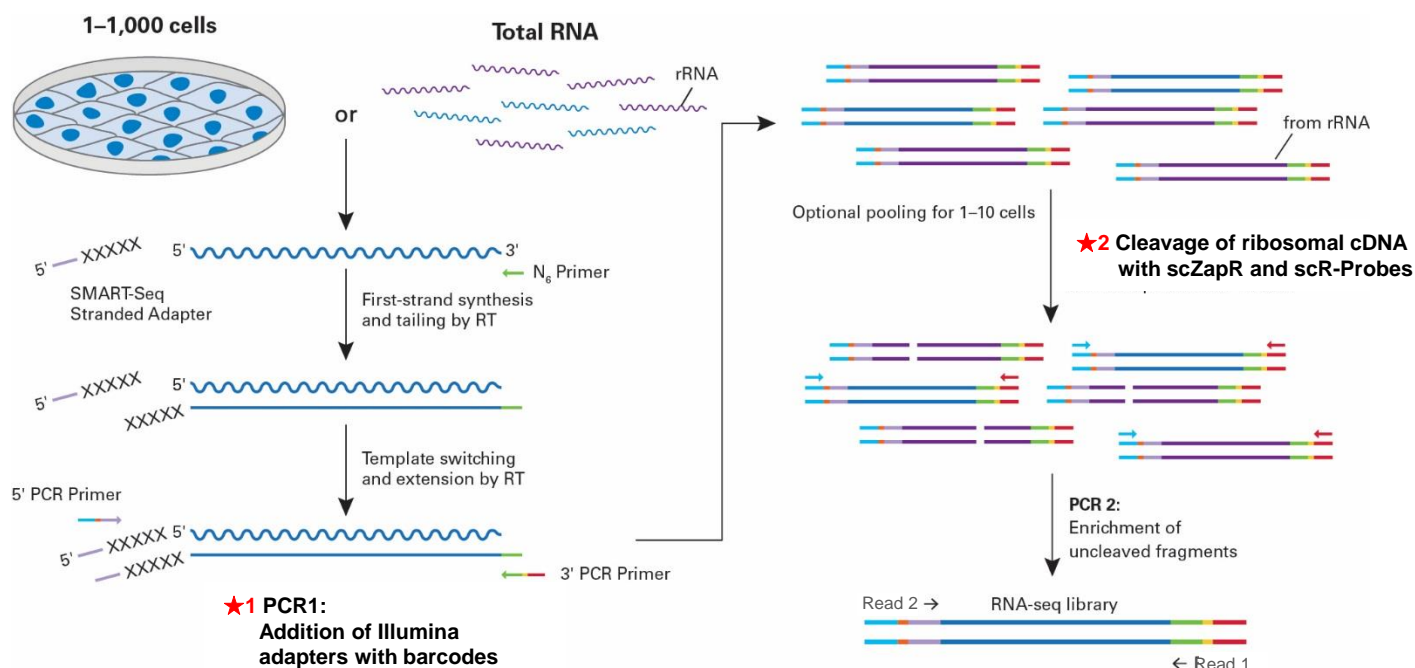
操作フロー: ライゲーションに依らないアダプター付加 & フローに組み込まれたリボソーム除去がポイント!

ポイント★1

PCRによるアダプター付加で、フローの迅速化を実現

ポイント★2

独自技術のscZapR & scR-Probesにより、リボソームRNA由来のcDNAを操作フロー中で除去。
したがって、total RNAのリボソームRNA除去処理は必要なし!
(これが微量RNAに対応できる秘密でもあります)



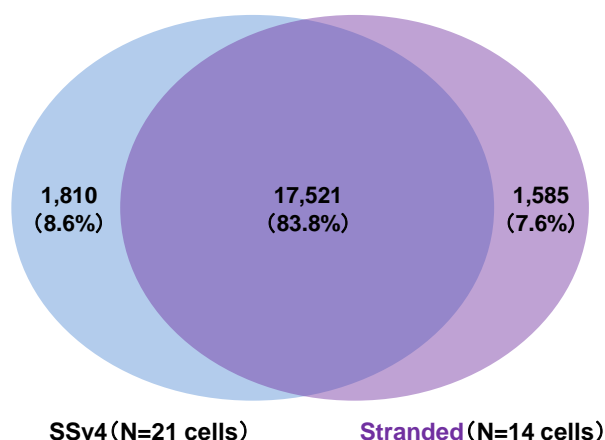
■ Input細胞数を1~1,000個に振った場合の再現性の比較

Sequencing alignment metrics for A375 total RNA and cells							
Input	total RNA	1,000 cells	500 cells	100 cells	10 cells	5 cells	1 cell
Number of reads (pairs)	6,000,000	6,000,000	6,000,000	6,000,000	6,000,000	6,000,000	5,873,974
Number of transcripts >1 FPKM	13,260	13,294	13,583	13,520	12,726	12,602	11,540
Number of transcripts >0.1 FPKM	21,334	21,113	21,365	21,145	20,550	18,888	15,815
Proportion of reads (%) :							
Exonic	34.7	36.4	39.2	42.7	36.7	36.2	37.3
Intronic	29.6	29.3	27.7	28.3	34.0	30.4	21.1
Intergenic	14.2	13.4	12.2	12.9	16.7	16.8	10.1
rRNA	7.0	11.4	11.5	6.3	3.6	4.9	7.1
Mitochondrial	4.1	3.5	3.7	4.9	3.8	4.4	4.6
Overall mapping (%)	89.6	93.9	94.3	95.1	94.9	92.7	80.2
Duplicate rate (%)	37.3	45.2	40.3	46.1	52.5	72.2	78.5
lncRNA mapping :							
Number of mapped reads (%)	7.2	10.4	10.8	9.4	8.7	8.6	7.3
lncRNA transcripts detected	5,395	4,687	4,565	5,439	5,440	4,983	2,802

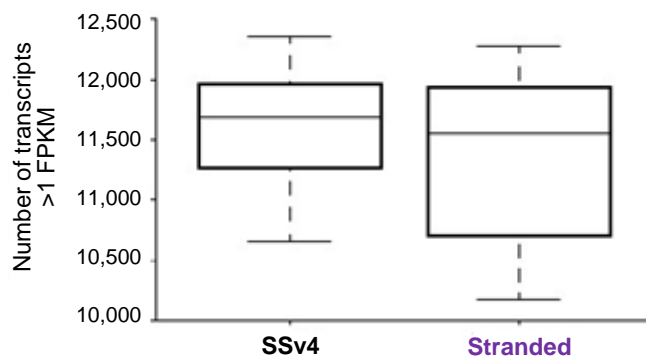
各細胞数のマッピング率の比較において、高い再現性が得られた。コントロールサンプル(1,000細胞から抽出した total RNA)と比較しても、遜色のない値となり、**少ないサンプルからでも安定した結果が得られることが示された。**

■ 本キット(Stranded)とSMART-Seq® v4 Ultra® Low Input RNA Kit for Sequencing(SSv4)の比較

A. 両キットで検出された転写産物(>1 FPKM)のオーバーラップ率



B. 両キットの転写産物数の比較



K562細胞のシングルセル解析を行った。本キット(Stranded)とSSv4を比較したとき、転写産物のオーバーラップ率は高く(図A)、転写産物数もほぼ同じレベルであった(図B)。**SSv4とほぼ同等の結果が得られることが示された。**

主な解析対象がmRNAの場合、得られる転写産物数が多いことやノンコーディングRNA由来の不要なリードが出ないことから、Oligo dTプライマーで逆転写を行うSMART-Seq® v4 Ultra® Low Input RNA Kit for Sequencingの使用をお勧めします。

・本チラシで紹介した製品はすべて研究用として販売しております。ヒト、動物への医療、臨床診断用には使用しないようご注意ください。また、食品、化粧品、家庭用品等として使用しないでください。・タカラバイオの承認を得ずに製品の再販・譲渡、再販・譲渡のための改変、商用製品の製造に使用することは禁止されています。
 ・本チラシに記載された社名および製品名は、特に記載がなくても各社の商標または登録商標です。・ライセンス情報については弊社ウェブサイトにてご確認ください。
 ・本チラシ記載の価格は2018年9月1日現在の希望小売価格です。価格に消費税は含まれておりません。

2018年8月作成G

タカラバイオ株式会社

東京支店 TEL 03-3271-8553 FAX 03-3271-7282
 関西支店 TEL 077-565-6969 FAX 077-565-6995
 テクニカルサポートライン
 TEL 077-565-6999 FAX 077-565-6995
 ウェブサイト <http://www.takara-bio.co.jp>
 Facebook <http://www.facebook.com/takarabio.jp>

取扱店