


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が登場

**NEW**  
**SMART-Seq® Stranded Kit**

- ✓ 用意できるRNA量が少ない
- ✓ シングルセル解析がしたい
- ✓ RNAが分解している
- ✓ mRNAだけでなく、ノンコーディングRNAも解析がしたい
- ✓ LCM由来なのでRNAが貴重
- ✓ 方向性情報を持った解析がしたい

これらすべてのサンプル、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

■ 製品リスト: **新発売20%OFFキャンペーン実施中!** (～2018年8月31日ご注文分まで)

製品名	容量	製品コード	価格(税別)	キャンペーン価格(税別)
SMART-Seq® Stranded Kit 	12回	634442	¥188,000	<b>¥150,400</b>
	48回	634443	¥658,000	<b>¥526,400</b>
	96回	634444	¥870,000	<b>¥696,000</b>

■ 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				

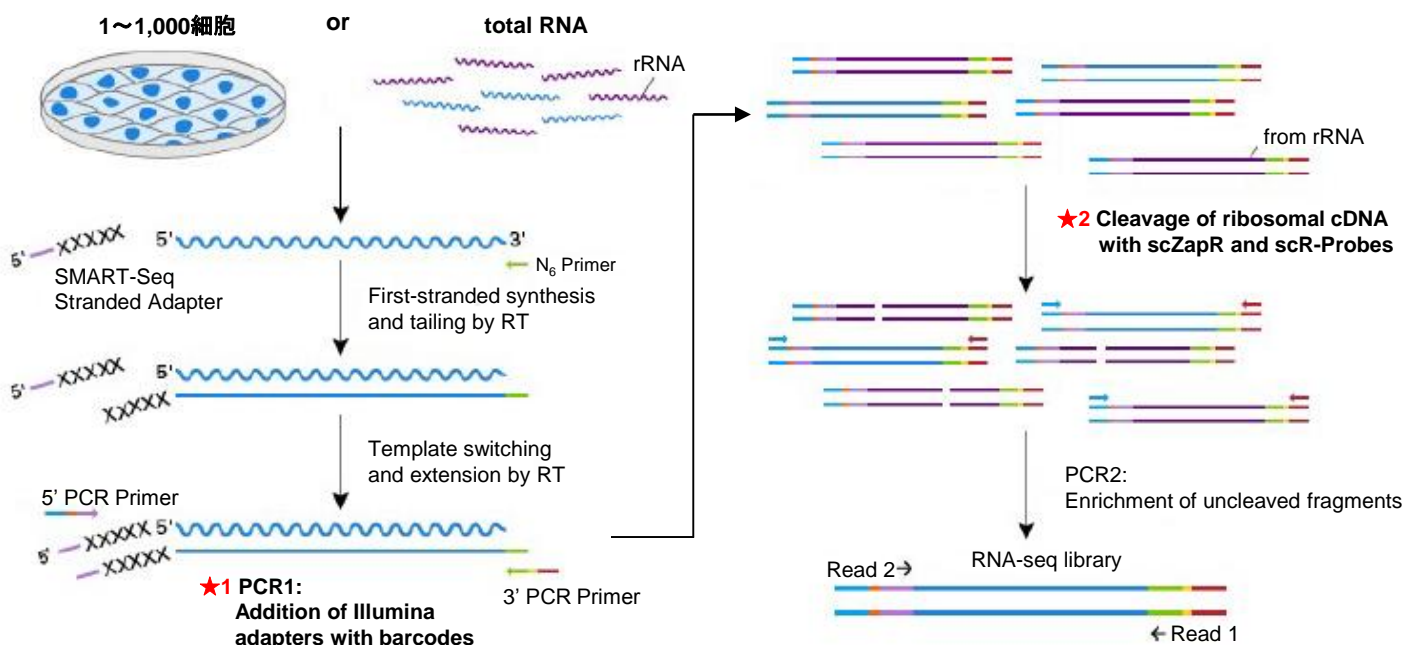
■ 操作フロー: **ライゲーションに依らないアダプター付加 & フローに組み込まれたリボソーム除去がポイント!**

**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)



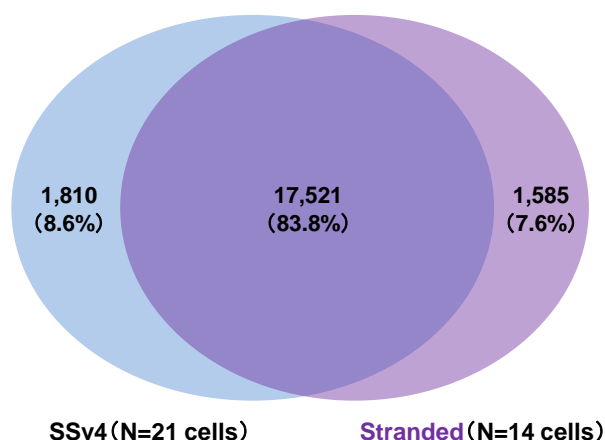
## ■ Input細胞数を1~1,000個に振った場合の再現性の比較

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 (%) :							
<i>Exonic</i>	34.7	36.4	39.2	42.7	36.7	36.2	37.3
<i>Intronic</i>	29.6	29.3	27.7	28.3	34.0	30.4	21.1
<i>Intergenic</i>	14.2	13.4	12.2	12.9	16.7	16.8	10.1
<i>rRNA</i>	7.0	11.4	11.5	6.3	3.6	4.9	7.1
<i>Mitochondrial</i>	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

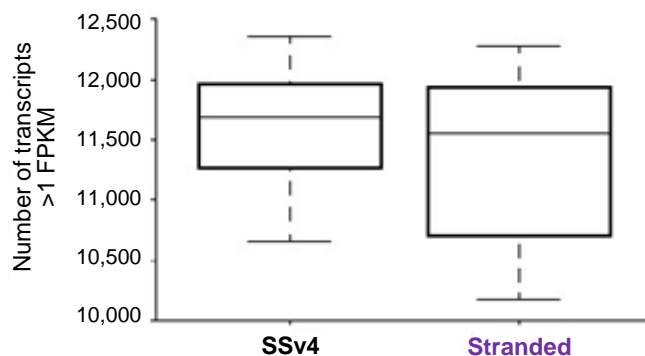
各細胞数のマッピング率の比較において、高い再現性が得られた。コントロールサンプル(1,000細胞から抽出した total RNA)と比較しても、遜色のない値となり、**少ないサンプルからでも安定した結果が得られることが示された。**

## ■ 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7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7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