


극소량, FFPE/LCM, cell-free RNA에서 Illumina 전용 NGS library 제작

SMART-Seq[®] Total RNA Pico Input with UMIs (ZapR[®] Mammalian)


Takara NGS 분석 제품의 결정판


Code	제품명	용량
634354		24회
634355	SMART-Seq [®] Total RNA Pico Input with UMIs (ZapR [®] Mammalian)	96회
634356		384회

※ Unique Dual Index (Code 634756 외) 별도 구매



UMI 적용으로 분석 정확도 보증

RNA 



pg 수준의 샘플도 OK!


250 pg~ 1 µg
or 10~1,000 cells




분석이 어려운 샘플도 OK!

FFPE/LCM, Cell-free RNA (RIN 2~10)





Total RNA로 바로 적용!
(ZapR[®] 기술로 rRNA 유래 cDNA 제거)

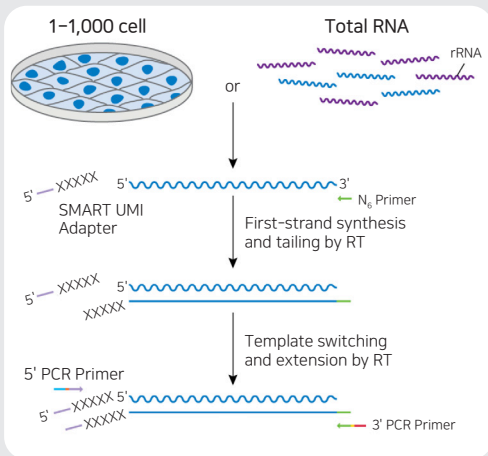


Only mammalian

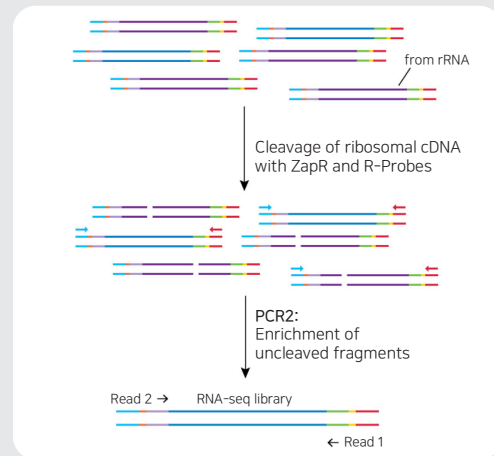
ZapR[®] 기술을 이용하여 미량의 RNA 분석 가능

· Workflow 특징 : 실험 전 rRNA 제거 없이 total RNA 혹은 cell direct 적용 가능 (mammalian 전용)

Point 1 PCR로 adapter 부가, ligation 불필요



Point 2 독자적인 ZapR[®] 기술로 rRNA 유래 cDNA 제거. 실험 전 total RNA의 rRNA 제거가 필요없어 미량 RNA 사용 가능



- 250 pg의 미량의 RNA input에도 높은 rRNA 제거 능력

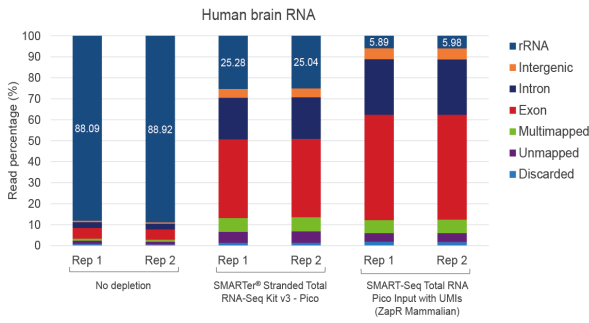


그림 1. 250 pg 미량의 RNA로 제작한 library의 read 분포
 기존 제품 (SMARTer Stranded Total RNA-Seq Kit v3 - Pico) 보다 rRNA 제거 능력이 향상되었다. 각 제품은 250 pg의 human brain RNA를 사용하여 library를 제작하였다. 데이터 분석은 3×10^6 paired-end read로 Takara가 독자적으로 개발한 소프트웨어인 Cogent NGS Analysis Pipeline (CogentAP)을 사용하여 분석하였다.

- 다양한 input 양에서도 높은 rRNA 제거 능력과 재현성

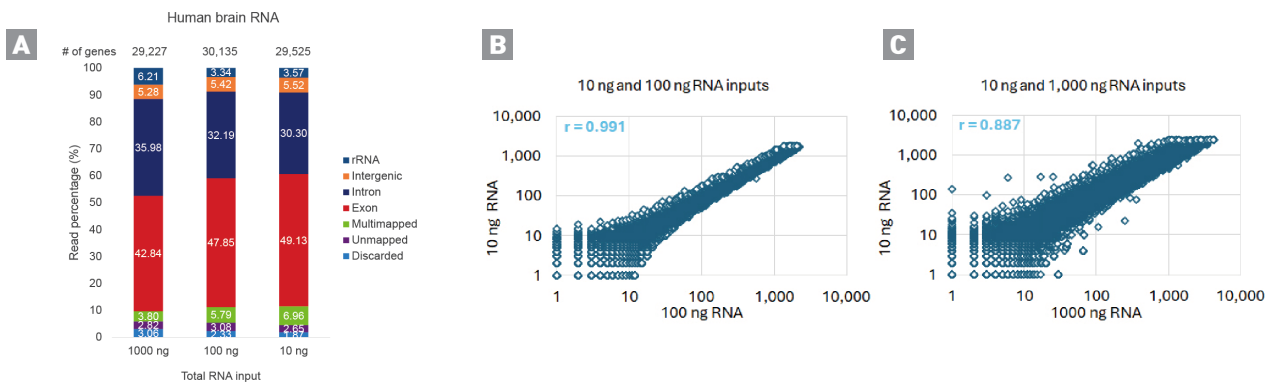


그림 2. 다양한 input에서도 일관된 성능
 Panel A. Human brain RNA 1000 ng, 100 ng, 10 ng input 양에서 모두 rRNA read가 10% 미만으로 매우 일관된 read 분포 결과를 보여주었다. Panels B & C. 다양한 input range에 상관없이 높은 상관관계를 확인하였다. 데이터 분석은 22×10^6 paired-end read로 Takara가 독자적으로 개발한 소프트웨어인 CogentAP를 사용하여 분석하였다.

- FFPE 샘플 유래의 분해된 RNA에서 높은 rRNA 제거 능력과 일관된 데이터

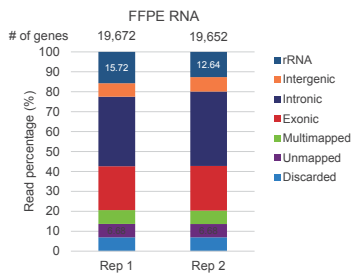


그림 3. FFPE 조직 유래 RNA로 제작한 library의 read 분포
 FFPE 조직 샘플에서 추출된 total RNA (RIN=3, DV200=77%)로부터 rRNA 및 mt rRNA를 효율적으로 제거하였고 유의미한 RNA 데이터를 확보할 수 있었다. 데이터 분석은 3×10^6 paired-end read로 Takara가 독자적으로 개발한 소프트웨어인 CogentAP를 사용하여 분석하였다.

다카라의 end to end 'NGS 분석' solution

어려운 코딩? Cogent™ 무료 소프트웨어로 쉽게 분석 해결!

R 기반 분석 파이프라인으로 빠르게 시각화 가능

