

Clontech 『下一代测序』相关制品

Application

推荐产品

起始样品

■ RNA-Seq ■

mRNA表达量分析

- 带polyA的生物
- 可用于单细胞分析

基因表达分析

SMART-Seq® v4 Ultra® Low Input RNA Kit for Sequencing

p.1-2

total RNA 10 pg~10 ng

或

细胞 1~1,000 个

3' Counting

SMART-Seq® v4 3' DE Kit

p.8

总RNA表达分析

- mRNA
- 不含polyA的RNA
- 降解的RNA

人、小鼠、大鼠

SMARTer® Stranded Total RNA-Seq Kit v2 - Pico Input Mammalian

p.3-4

total RNA 250 pg~10 ng

真核或原核生物

SMARTer® Stranded RNA-Seq Kit

p.7

100 pg~100 ng的RNA (polyA纯化的RNA及rRNA去除的total RNA)

非编码 (nc) RNA 分析

small RNA:
真核或原核生物

SMARTer® smRNA -Seq Kit for Illumina®

p.5-6

total RNA 1 ng~2 µg

lncRNA:
人、小鼠、大鼠

SMARTer® Stranded Total RNA-Seq Kit v2 - Pico Input Mammalian

p.3-4

total RNA 250 pg~10 ng

lncRNA:
真核或原核生物

SMARTer® Stranded RNA-Seq Kit

p.7

100 pg~100 ng的RNA (polyA纯化的RNA及rRNA去除的total RNA)

受体库 (TCR) 分析

人

SMARTer® Human TCR a/b Profiling Kit

p.9-10

末梢血来源 total RNA 10 ng~3 µg

或

T细胞 50~10,000 个

小鼠

SMARTer® Mouse TCR a/b Profiling Kit

p.9-10

末梢血来源 total RNA 10~500 ng

或

T细胞 1,000~10,000 个

■ DNA-Seq ■

ChIP-Seq

DNA SMART™ ChIP-Seq Kit

p.11-12

dsDNA 100 pg~10 ng

或

ssDNA 100 pg~10 ng

DNA甲基化测序

EpiXplore™ Meth-Seq DNA Enrichment Kit

p.13

基因组DNA 25 ng~1 µg

高灵敏度的cDNA制备Kit、使用单个细胞即可进行“微量RNA-Seq”

SMART-Seq[®] v4 Ultra[®] Low Input RNA Kit for Sequencing

NGS分析平台: Illumina、Ion Torrent

适用对象: 含polyA的生物

微量RNA

mRNA表达分析

【起始样品】total RNA 10 pg-10 ng 或细胞1-1,000个直接裂解

【反转录引物】3' SMART-Seq CDS Primer IIA(改良型Oligo dT)

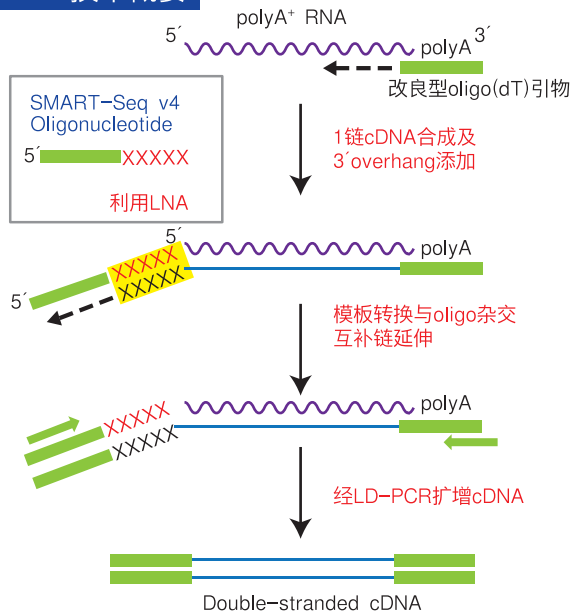
- ✓ 使用单个细胞或者10 pg total RNA的微量样品就可以制备cDNA。
- ✓ 使用高效扩增GC rich的酶「SeqAmp™ DNA Polymerase」能够减少分析序列的偏差。
- ✓ 新导入SMART-Seq2技术、同以往的Kit相比基因检出数量提高30%，同时再现性也有所提高，对于低表达的基因也能够稳定检出。

SMART-Seq2技术是指?

对SMART技术中用到的引物SMART Oligonucleotide引入LNA (Locked Nucleic Acid) 技术。

含LNA的Oligonucleotide在与其互补的DNA或RNA结合时热稳定性提高、表现出很高的亲和性及序列特异性。从而使其对模板的特异性大幅提升，且提高了基因表达分析的灵敏度。

SMART技术概要



<制品列表>

产品名称	包装量	Code No.
SMART-Seq [®] v4 Ultra [®] Low Input RNA Kit for Sequencing	12 次	634888
	24 次	634889
	48 次	634890
	96 次	634891
	192 次	634892
	480 次	634893
	960 次	634894

注: 需另外准备文库制备Kit.

使用Illumina NGS测序仪时, 推荐使用Clontech产品Low Input Library Prep Kit v2 (Code No.634890)

或者使用Illumina 公司产品Nextera XT DNA Sample Prep Kit.

使用Ion Torrent时, 请使用Ion Xpress Plus Fragment Library Kit (Thermo Fisher Scientific公司)

■ 以往Kit(SMARTer® v3)与本Kit(SMART-Seq® v4)测序分析结果的比较

使用Kit	10 pg 小鼠脑total RNA起始			
	SMARTer® v3		SMART-Seq® v4	
Yield (ng)	4.7	6.0	10.6	11.2
Number of reads (millions)	4.0		4.0	
Mapped to rRNA (%)	0.8	0.4	6	6
Mapped to mitochondria (%)	6	5	3	3
Mapped to genome (%)	96	97	96	95
Mapped to exons (%)	73	73	76	76
Mapped to introns (%)	21	21	19	20
Number of transcripts (FPKM>1)	9,729	9,105	12,501	12,591
相关系数	0.92		0.97	

SMART-Seq® v4基因检出数量较SMARTer® v3提高30%，能进行更高灵敏度的分析。

■ 1、100、1,000个细胞起始的分析结果

Input	样品: HeLa细胞					
	1 cell		100 cells		1,000 cells	
Yield (ng)	8.3	6.3	26.9	18.4	20.6	23.3
Number of reads (millions)	2.3 (paired-end)			2.0 (single-end)		
PCR cycles	17		11		8	
Number of transcripts (FPKM>1)	8,040	7,670	10,725	10,560	10,494	10,531
Mapped to rRNA (%)	0.5	0.8	1.1	1.1	1.8	1.8
Mapped to genome (%)	91	91	98	98	98	98

● RNA-Seq ●

制备高灵敏度的Fluidigm C1 System用cDNA文库

SMART-Seq® v4 Ultra® Low Input RNA Kit for the Fluidigm® C1™ System

单细胞

mRNA表达分析

NGS分析平台: Illumina

适用对象: 动物细胞

【起始样品】1个细胞

【反转录引物】3' SMART-Seq CDS Primer IIA(改良型Oligo dT)

- ✓ 可对C1 System分离得到的单个细胞直接进行cDNA合成
- ✓ 4 IFC及10 IFC两种包装
- ✓ 适用于Illumina NGS分析平台，能够得到高品质的RNA-Seq分析数据
- ✓ 使用SeqAmp™ DNA Polymerase进行PCR反应减少偏差

<制品列表>

产品名称		包装量	Code No.
SMART-Seq® v4 Ultra® Low Input RNA Kit for the Fluidigm® C1™ System	4 IFCs	4 chips	635025
	10 IFCs	10 chips	635026

※C1 System的详细介绍请见Fluidigm官网

● RNA-Seq ●

不需要前处理（去除核糖体RNA）
皮克级Total RNA起始，分析包括非编码RNA在内的RNA

SMARTer® Stranded Total RNA-Seq Kit v2 – Pico Input Mammalian

微量RNA

LCM/FFPE/cfRNA

NGS分析平台：Illumina

适用对象：人、小鼠、大鼠

包含长非编码RNA在内的全部RNA的表达分析

【起始样品】total RNA 250 pg~10 ng

【反转录引物】SMART Pico Oligo Mix(改良型 N6 Random)

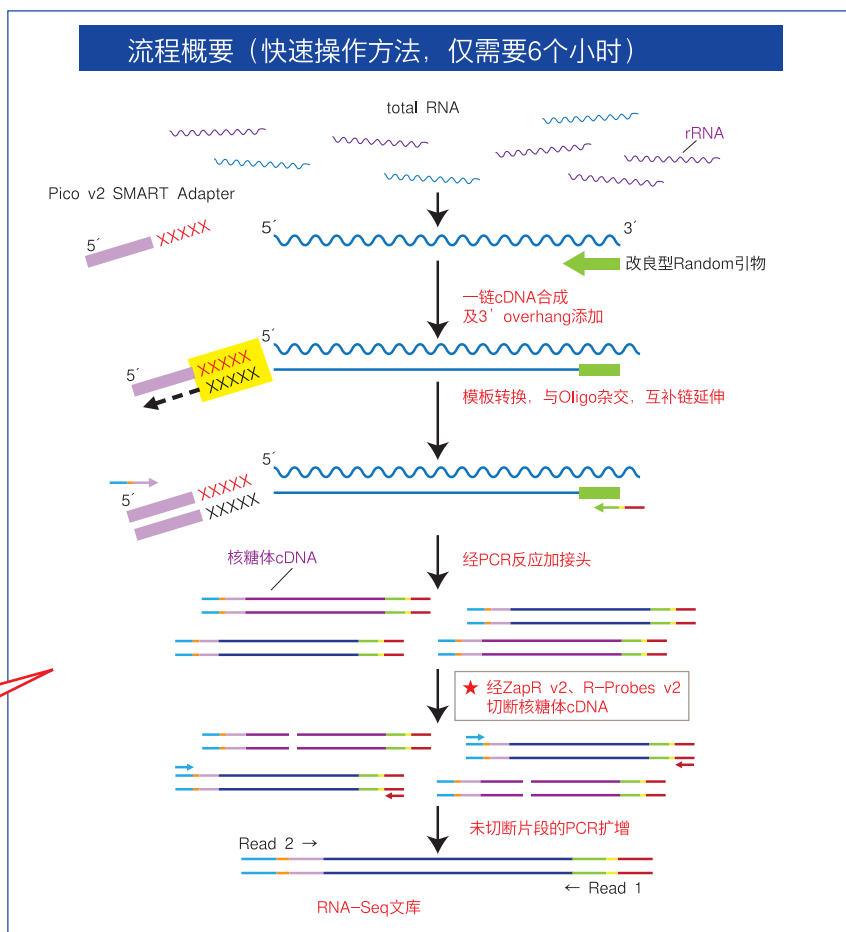
✓ 250 pg微量total RNA起始，能够分析包含编码/长非编码RNA在内的全部转录组

✓ 能制备具有方向性的文库

✓ 能分析质量较差的LCM、FFPE来源的样品及cfRNA

✓ 反转录反应使用随机引物，不需要去除total RNA中的核糖体RNA

使用Clontech★「ZapR v2&R-Probes v2」技术在操作过程中将核糖体RNA来源的cDNA切断。



由于上述反应，使用微量total RNA起始分析时不需要进行核糖体RNA去除的前处理操作。

<制品列表>

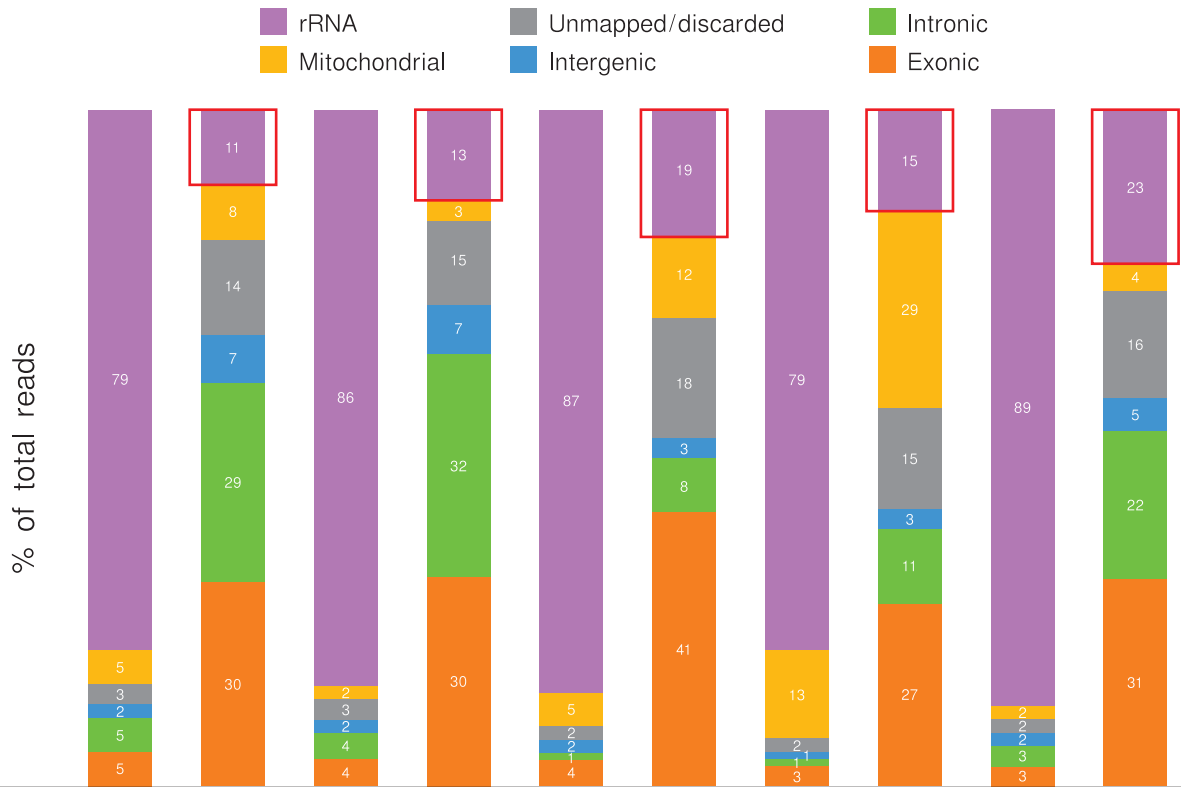
制品名称	包装量	Code No.
SMARTer® Stranded Total RNA-Seq Kit – Pico Input Mammalian	12 次	635005
	48 次	635006
	96 次	635007
SMARTer® Stranded Total RNA-Seq Kit v2 – Pico Input Mammalian	12 次	634411
	48 次	634412
	96 次	634413
	192 次	634414

· 该试剂盒用于人、小鼠、大鼠。
· 依样品不同、会存在核糖体RNA残留较多的情况。



■ 人各组织Read分布

显示了以250 pg总RNA制备的R-Probes+/-文库的reads数分布。经ZapR&R-Probe处理后核糖体RNA来源的reads大幅减少，但依组织不同约有20%的残存。



Tissue type	Brain		Placenta		Skeletal Muscle		Heart		Spleen	
Ribosomal cDNA depletion	(-)	(+)	(-)	(+)	(-)	(+)	(-)	(+)	(-)	(+)
Library yield (ng/ μl)	18.1	5.2	10.2	3.7	11.5	2.4	9.9	3.8	10.6	3.2
Number of transcripts FPKM>1	12,581	15,693	9,079	13,095	6,619	11,879	7,667	14,448	9,900	15,798
Correct strand per biological annotation (%)	97.6	97.6	97.8	97.8	98.5	98.5	98.4	98.4	98.3	98.1

■ 不同样品起始量的分析结果

Kit	Pico v1	Pico v2	Pico v1	Pico v2
RNA样品	人肺脏FFPE total RNA			
Input amount(ng)	1		10	
Library yield(ng/ μl)	0.4	3.2	4.4	21.7
Number of reads(millions)	8.25(paired-end reads)			
Number of transcripts>1 FPKM	8,481	9,916	10,096	9,878
Number of Transcripts>0.1 FPKM	14,347	19,594	20,724	21,325
Mapped to rRNA (%)	15.0	13.3	10.3	9.2
Duplicate rate(%)	79.9	67.2	60.1	34.3

Pico v2与v1相比可以获得更高的文库产量，更低的rRNA比对率。

● RNA-Seq ●

仅使用1ng的total RNA就可以得到准确且再现性较好的small RNA分析结果

SMARTer[®] smRNA-Seq Kit for Illumina[®]

微量RNA

small RNA分析

NGS分析平台: Illumina
适用对象: 真核或原核生物

【起始样品】1 ng-2 μg total RNA (或纯化完的small RNA)

【反转录引物】3' smRNA dT Primer

✓ 可以分析各种small RNA(15-150个碱基)

- miRNA • piRNA • siRNA
- snRNA • snoRNA

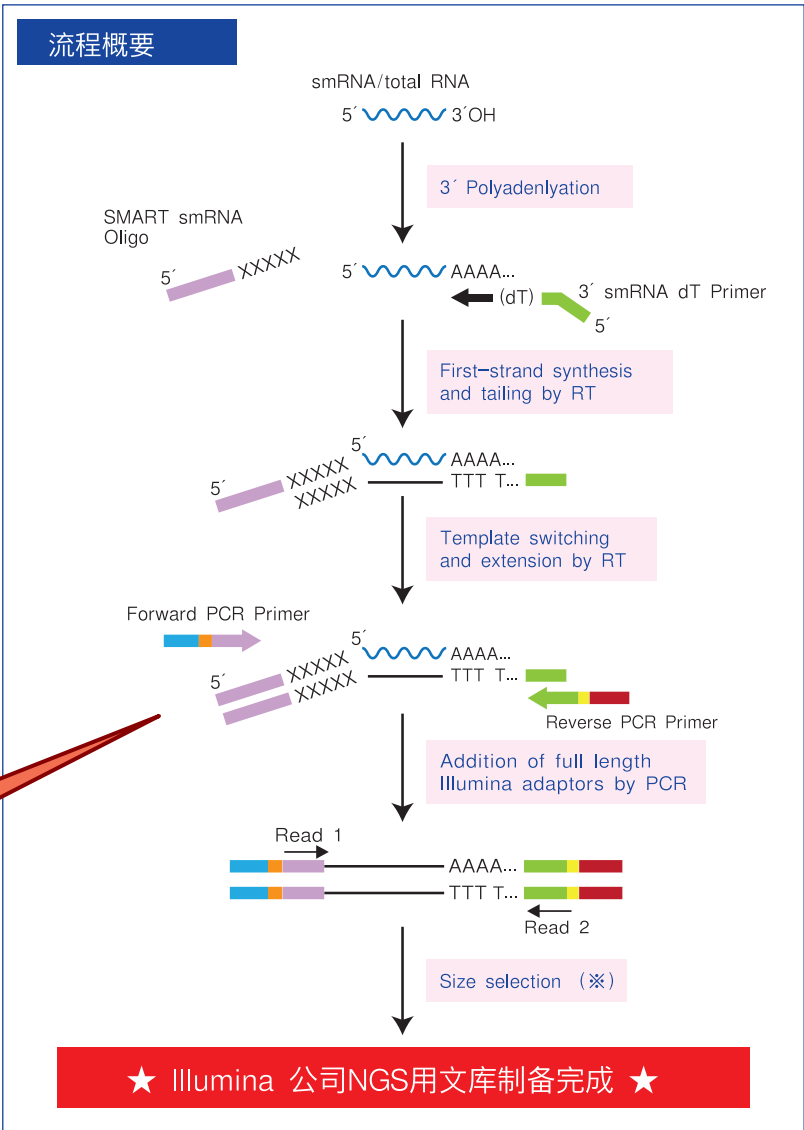
✓ 1ng-2μg Total RNA、或者使用纯化完的small RNA进行文库制备。

✓ 接头添加不使用连接反应，减少偏差。反应时间只需要3小时*1。

※1: 不含Size Selection的时间

Point: 经PCR添加接头

※: Size selection推荐使用BluePippin或AMPure XP Beads



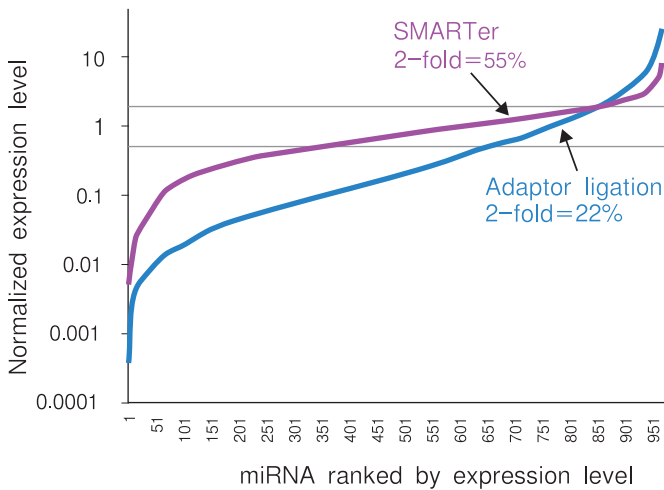
★ Illumina 公司NGS用文库制备完成 ★

<制品列表>

产品名称	包装量	Code No.
SMARTer [®] smRNA-Seq Kit for Illumina [®]	12 次	635029
	48 次	635030
	96 次	635031

- 测序时请在样品中加入Control DNA (PhiX) 后再测序。
- Index种类分别为12、48、96种。

■ small RNA-Seq



取1ng由963种合成的miRNA等摩尔混合制成的miRNA Pool (miRXplore Universal Reference)，使用本试剂盒制备文库（紫），取100ng该pool使用其他公司的同等产品（ligation法）制备文库（蓝），分别测序比较两种文库miRNA的表达量。将表达量全部假设为1进行均一化，以上下2倍的范围作为cutoff值，左图显示了分布在cutoff值范围内的miRNA表达量的比例。

使用本kit时比例为55%，使用其他公司同等产品比例为22%，显示使用本kit可更准确的进行定量。

■ 不同组织来源total RNA起始的small RNA的分析结果

RNA source	Placenta		Brain		Spleen	
smRNA < 200 nt (% of total RNA)	13		5		2	
Input amount	2 µg	1 ng	2 µg	1 ng	2 µg	1 ng
Total number of reads	4,342,213	4,744,519	4,764,574	4,275,787	3,796,263	4,254,142
Proportion of reads trimmed (%)	15.1	24.7	23.2	31.8	38.6	32.2
miRNA						
Proportion of total reads (%)	11.2	10.7	13.8	8.0	8.6	8.3
Number of miRNAs detected	260	263	286	253	198	221
Number of miRNAs in common	247		243		187	
Number of miRNAs in common (%)	89		82		81	
Other smRNA (proportion of total reads, %)						
piRNA	3.5	3.7	8.9	5.1	4.1	3.1
snoRNA	1.0	0.7	0.8	0.5	1.1	1.3
snRNA	2.1	1.1	1.2	0.8	0.7	0.9
Other RNAs (proportion of total reads, %)						
rRNA (5, 5.8, 18 and 28S)	19.2	12.8	12.1	10.1	14.9	13.8

注：Size selection使用BluePippin

通过上述起始量多少的比较，结果显示得到的分析结果相差不大。

● RNA-Seq ●

可用于总RNA表达分析！能制备有方向性的文库。

SMARTer® Stranded RNA-Seq Kit

不含polyA的RNA也可以使用

方向性信息分析

总RNA表达分析

NGS分析平台：Illumina

适用对象：原核或真核生物

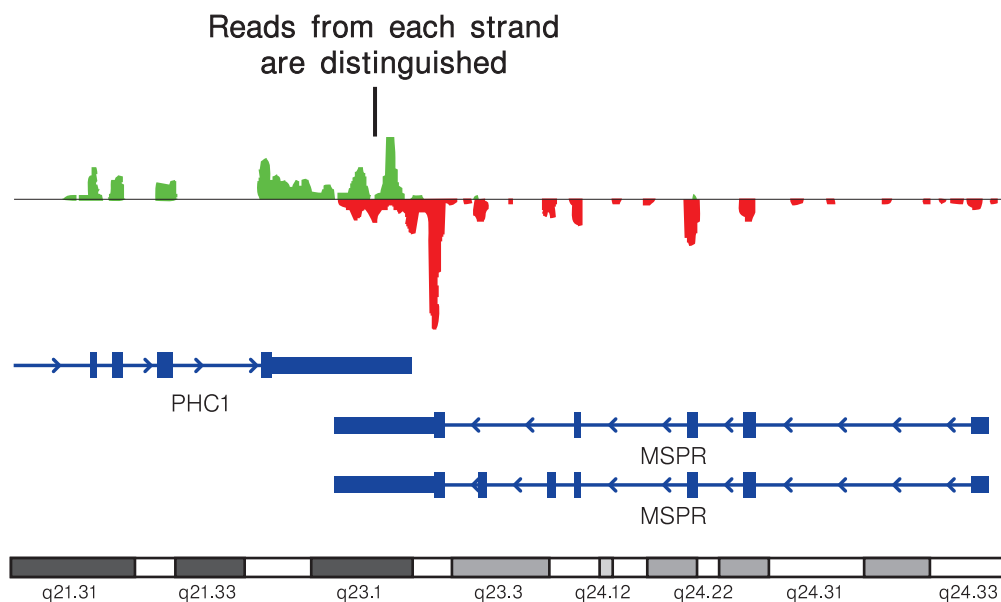
【起始样品】100 pg-100 ng去除rRNA (※) 的RNA

【反转录引物】SMART Stranded N6 Primer(改良型N6 Random)

※哺乳动物来源的total RNA样品中rRNA的去除推荐使用RiboGone-Mammalian。

- ✓ 4小时内能够完成文库制备
- ✓ 准确性达99%且带有原转录组的方向性信息
- ✓ 操作流程中已包含接入Illumina测序用的Index和adaptor
- ✓ PCR酶适用于GC rich、AT rich的样品

■ cDNA文库使用12种index，通过Illumina公司Hiseq测序分析



由于能够准确区分基因组DNA各条链转录得到的Read，因此可以对转录产物进行表达定量或注释。
99%的RNA-Seq Read能够准确的比对到特定的DNA链。

< 制品列表 >

制品名称	包装量	Code No.
SMARTer® Stranded RNA-Seq Kit	12 次	634836
	24 次	634837
	48 次	634838
	96 次	634839

- 测序时请在样品中添加Control DNA(Phix)后再分析。
- Index的种类每个Kit中最多12种。

● RNA-Seq ●

用于高通量基因表达量分析
SMART-Seq® v4 3' DE Kit

微量RNA

高通量

基因表达量分析

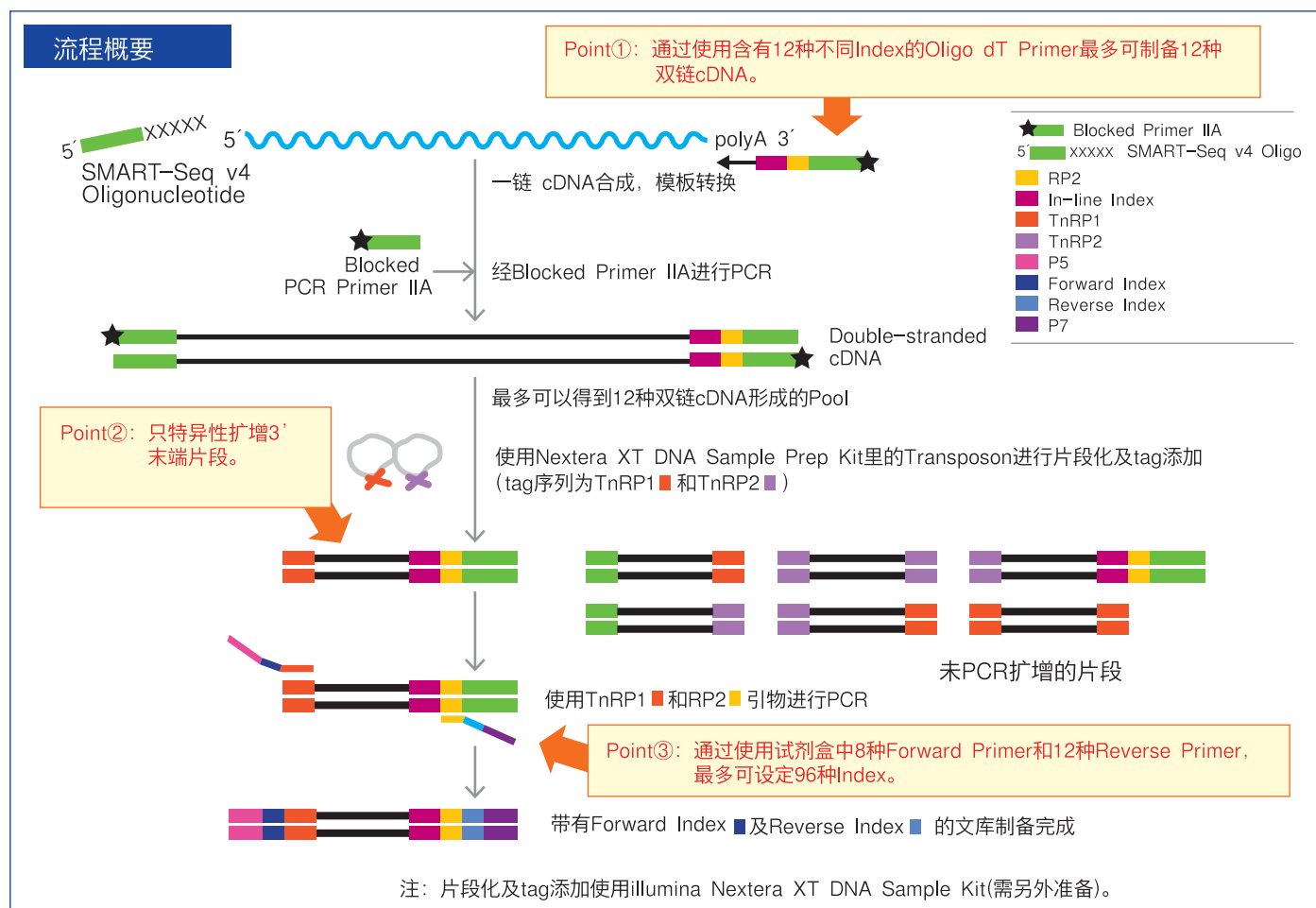
NGS分析平台: Illumina

适用对象: 含polyA的生物

【起始样品】10 pg (单个细胞)-1 ng total RNA

【反转录引物】3' SMART-Seq CDS Primer IIA(Oligo dT In-Line Primers 1-12)

- ✓ 仅分析3'末端的信息, 从而实现低成本的高通量基因表达量分析。
→ 尤其适用于差异表达分析研究。
- ✓ 最多可同时制备12种样品的文库, 减少了操作时间且试剂成本降低。
- ✓ 以SMART-Seq V4 为基础构建的试剂盒, 可以用于单细胞或10 pg total RNA微量样品分析。



<制品列表>

制品名称	包装量	Code No.
SMART-Seq® v4 3' DE Kit	96次	635040
	192次	635041

- 进行MiniSeq及NextSeq测序时, 请在样品中添加Control DNA(Phix)后分析。
- Index数量理论上最大可达1,152 (=12 x 96)。

● RNA-Seq ●

用于TCR α / β V(D)J可变区域全长测序

SMARTer® Human TCR a/b Profiling Kit
SMARTer® Mouse TCR a/b Profiling Kit

末梢血来源total RNA

T细胞

受体分析

NGS分析平台: Illumina(推荐MiSeq)

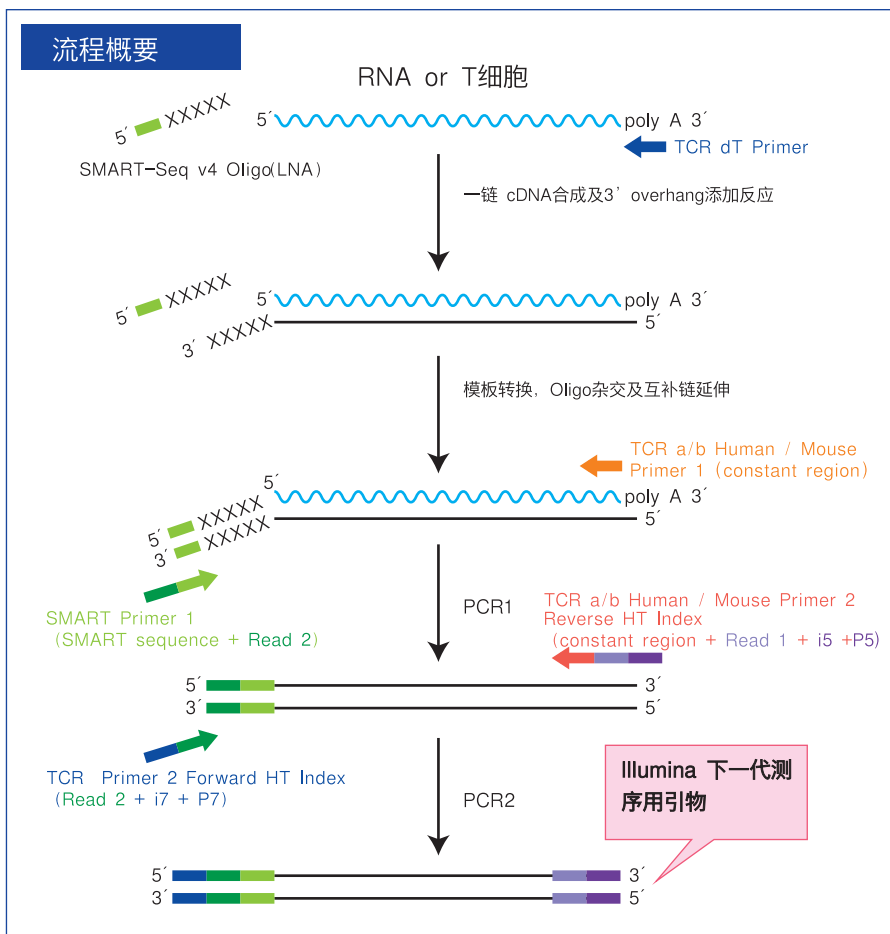
适用对象: 人和小鼠

【起始样品】人: 10 ng-3 μg末梢血来源total RNA或50-10,000个T细胞。

小鼠: 10 ng-500 ng末梢血来源total RNA 或1,000-10,000个T细胞。

【反转录引物】TCR dT Primer

- ✓ 可以对TCR mRNA的全长V(D)J可变区域进行测序。
- ✓ TCR α链、TCR β链可同时或分别制成文库。
- ✓ 不依赖于Multiplex PCR的扩增, 减小偏差。



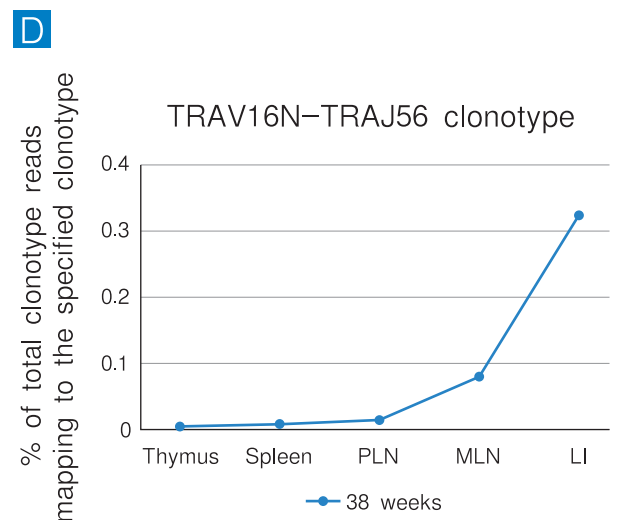
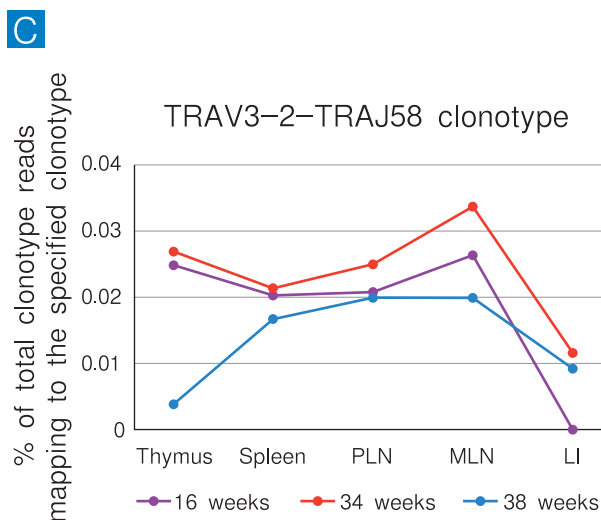
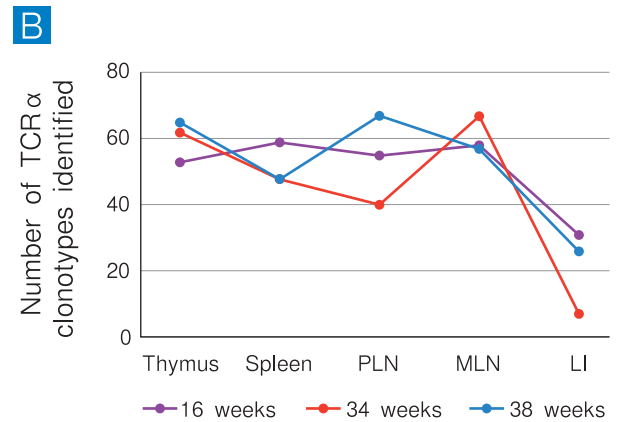
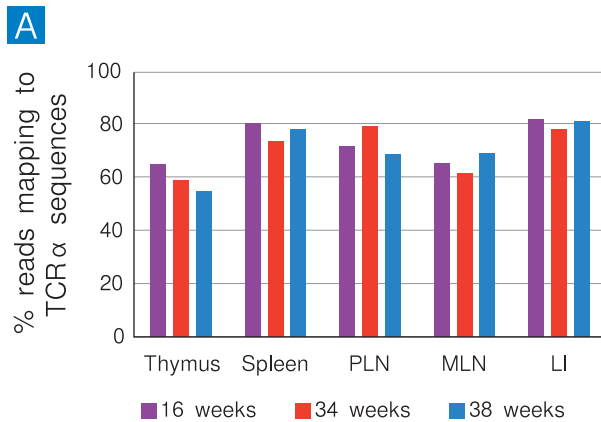
<制品列表>

制品名称	包装量	Code No.
SMARTer® Human TCR a/b Profiling Kit	12 次	635014
	48 次	635015
	96 次	635016
SMARTer® Mouse TCR a/b Profiling Kit	12 次	634402
	48 次	634403
	96 次	634404

NEW

- 测序时请在样品中加入Control DNA(PhiX)后分析。
- Index分别为12、48、96种。

■ 使用SMARTer Mouse TCR a/b Profiling Kit进行转基因小鼠各组织TCR α多样性的评价



【实验概要】

对患有大肠炎的缺陷小鼠Rag-1的各组织进行total RNA提取，使用该试剂盒制备文库然后测序。

分别提取16周、34周和38周小鼠的胸腺（Thymus）、脾脏（Spleen）、末梢淋巴结（Peripheral Lymph Nodes, PLN）、肠间膜淋巴结（Mesenteric Lymph Nodes, MLN）、大肠（Large Intestine, LI）的total RNA后，使用10 ng制备文库。由于本次实验主要想检出TCR α，使用的TCR α与TCR β特异引物的混合比例为2:1，而未使用1:1。测序使用MiSeq(2x300bp),每个样品可以分析400,000 reads，软件使用MiXCR (Bolotin et al. 2015)。

参考文献:

Bolotin, D. A. *et al.* MiXCR: software for comprehensive adaptive immunity profiling. *Nat. Methods* (2015) 12, 380–381.

【结果】

- A** 对于各周龄小鼠的各个组织，测序Reads的60%–80%能够比对到TCR α CDR3区域，显示了很高的 on target率。
- B** 各周龄小鼠的胸腺、脾脏、末梢淋巴结（PLN）、肠间膜淋巴结（MLN）中TCR α克隆型的含量很高，但大肠（LI）的含量很低。考虑可能是大肠中T细胞的含量很低的原因。
- C** TRAV3-2-TRAJ58克隆型的比例，在16周、34周的小鼠胸腺中约占整体的0.025%，38周的小鼠胸腺则为0.005%。而在肠间膜淋巴结中所占比例很高且与周龄无关，在大肠中所占比例很低。对于这种表达量很低的克隆，也能够所有组织中高灵敏度的分析出来。
- D** 针对38周的小鼠，检测发现大肠中TRAV16N-TRAJ56克隆型的比例非常高，显示该克隆型与大肠炎相关。

使用SMARTer Mouse TCR a/b Profiling Kit可以对不同组织进行高灵敏度受体分析。

● DNA-Seq ●

使用100 pg ChIP 样品进行NGS文库制备
DNA SMART™ ChIP-Seq Kit

微量ChIP样品

ChIP-Seq分析

NGS分析平台: Illumina
适用对象: 可进行染色体免疫沉淀的生物

【起始样品】100 pg-10 ng dsDNA或ssDNA

- ✓ 仅使用100 pg的微量ChIP样品也可以制备文库。
- ✓ 操作时间仅需要4小时! 相当于其他公司的一半时间。
- ✓ 不仅可以使⽤双链 DNA制备文库, 也可以使⽤单链 DNA。

流程概要

① ChIP反应得到的dsDNA或者ssDNA
(100 pg-10 ng)



② 热变性成一条链



③ 使用Terminal Deoxynucleotidyl Transferase加T



④ 使用SMARTScribe™ Reverse Transcriptase合成cDNA第二链



⑤ SMART技术进行模板转换



⑥ 使用带有接头的引物进行PCR☆



⑦ 文库制备完成



【★】不需要通过连接反应进行的接头连接, 大幅缩短了操作时间。

<制品列表>

产品名称	包装量	Code No.
DNA SMART™ ChIP-Seq Kit-12	12 次	634865
DNA SMART™ ChIP-Seq Kit-48 A	48 次	634866
DNA SMART™ ChIP-Seq Kit-48 B	48 次	634867

- 测序时, 请在样品中添加Control DNA(PhiX)后测序。
- Index种类依次为12、48种(48A和48B index的种类不同)。

不同DNA量起始的ChIP-Seq分析

使用本试剂盒对ChIP反应得到的不同量的DNA进行文库制备，经下一代测序后得到以下结果，结果显示不论使用多少的DNA量，都可以得到稳定的数据。

ChIP Antibody	H3K4me3					
	4	1	0.5	0.25	0.1	0.05
Input amount (ng)	4	1	0.5	0.25	0.1	0.05
No. of PCR cycles	12	13	14	15	17	18
Library yield (nM)	44.5	19.2	32.2	12.0	24.3	14.3
Total no. reads (millions)	19.94	21.63	21.64	20.28	18.97	24.53
% reads mapped	91.9	91.0	91.0	91.1	90.7	90.2
No. of uniquely mapped reads (millions)	14.52	15.68	15.64	14.74	13.67	17.56
No. of unique reads without duplicates (millions)	13.61	13.93	13.91	10.20	8.53	5.83
% useful reads (uniquely mapped, non-duplicates)	68.2	64.4	64.3	50.3	45.0	23.8
No. of peaks identified	16,738	16,811	16,366	17,277	16,584	19,601

关联制品

仅需要1小时即可完成ChIP反应液中DNA的纯化、浓缩

ChIP Elute Kit

Code No. 634887

包装量 50 次

ChIP Elute Kit是从ChIP反应液中溶出DNA同时分解、除去蛋白质，然后快速且简便的进行DNA纯化、浓缩的试剂盒。对于ChIP反应后的样品使用DNA Elute Resin 和Proteinase K 将DNA溶出且分解、除去蛋白质，然后使用ssDNA Binding Columns 进行纯化、浓缩，得到的产物可直接用于DNA SMART ChIP-Seq Kit进行文库制备。

相比于以往方法需要花费一晚上的时间进行反应，本试剂盒只需要1个小时即可完成，由于整个反应时间短，实验的效率更好。

ChIP Elute Kit和以往方法制备的样品的测序分析结果

Elution / cross-linking reversal method	ChIP Elute	Traditional	ChIP Elute	Traditional
Input amount (ng)	1		0.25	
Library yield (nM)	21.4	16.4	37.3	28.1
Mapped to genome (%)	89.7	90.2	86.4	87.3
Mapped uniquely to genome (%)	71.6	73.2	70.2	71.1
Useful reads (uniquely mapped, non-duplicates; %)	66.0	67.2	58.1	59.0
Non-redundant rate	0.92	0.96	0.83	0.83
No. of peaks identified	37,610	36,924	39,525	37,134

比较以往方法制备的样品和ChIP Elute Kit制备的样品的结果显示两者不相上下。

DNA甲基化NGS文库制备

EpiXplore™ Meth-Seq DNA Enrichment Kit

基因组DNA

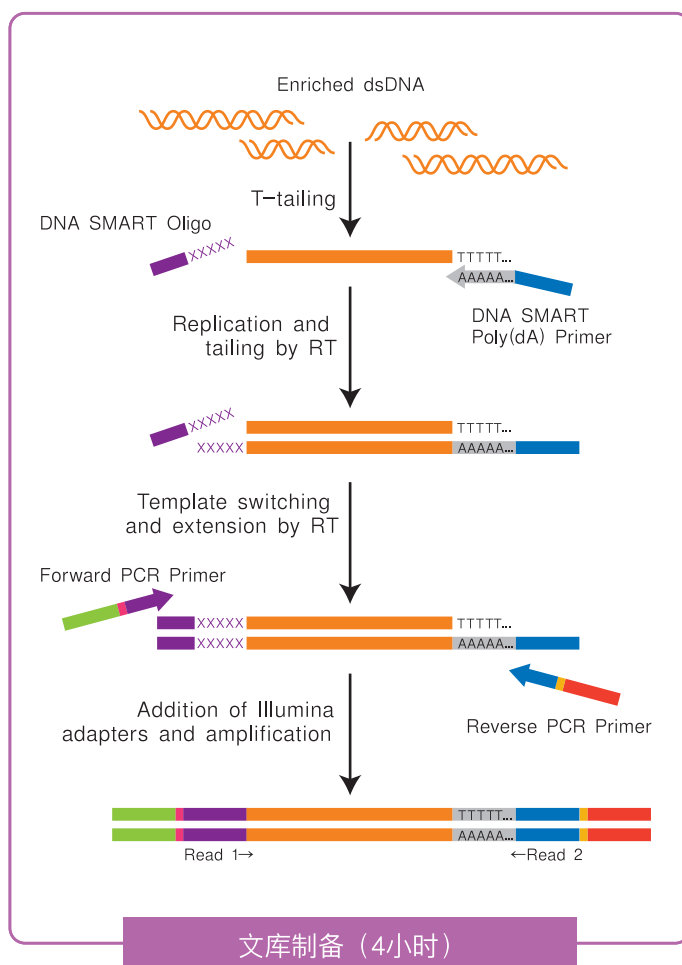
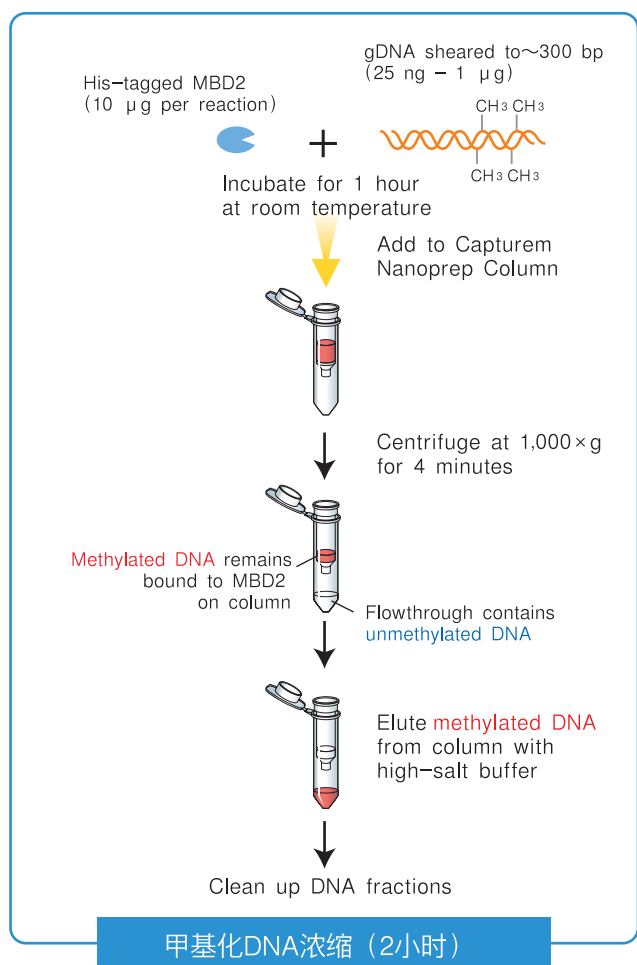
DNA甲基化分析

NGS 分析平台: Illumina
适用对象: 真核或原核生物

【起始样品】25 ng-1 μg基因组 DNA

- ✓ 25 ng-1 μg基因组DNA起始
- ✓ 不需要连接反应即可制备文库 (DNA SMART技术) 相比于其他公司产品时间缩短约一半
- ✓ His tag融合MBD2蛋白和下一代膜 (Capturem™) 可将甲基化DNA快速浓缩

流程概要



<制品列表>

产品名称	包装量	Code No.
EpiXplore™ Meth-Seq DNA Enrichment Kit	12 次	635023

· 测序时请在样品中加入Control DNA(PhiX)后分析。
· Index的种类为12种。

● 关联制品 ●

低成本高性能的文库定量试剂盒 Library Quantification Kit

适用于Illumina NGS 平台

AT/GC 偏差小

- ✓ NextSeq、Miseq、Hiseq、MiniSeq等Illumina公司下一代测序文库定量
- ✓ 使用嵌合法进行Real-Time PCR的方法、简便且灵敏度高
- ✓ 只特异性检出含有接头的DNA
- ✓ 添加了四种已知浓度的标准样品
- ✓ 添加了专用稀释液【EASY Dilution Buffer】能够抑制样品稀释时的偏差

■ 与其他公司同类型试剂盒的比较

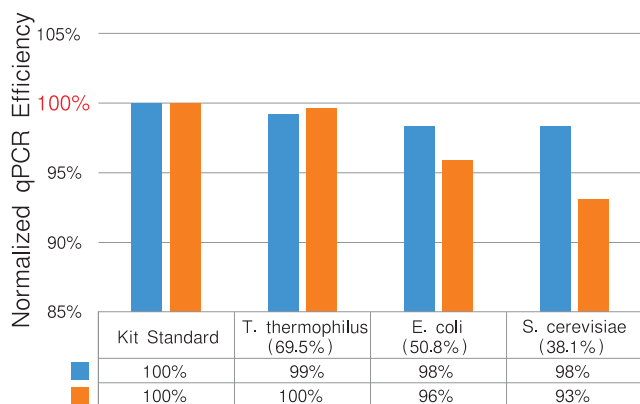
~以不同GC含量及不同长度的DNA为目的序列的qPCR效率分析~

使用Clontech的Library Quantification Kit 包含的Terra qPCR Direct TB Green™ Premix及其他公司同类型试剂盒的嵌合法qPCR试剂，对不同GC含量及不同长度的DNA目的序列进行反应。将各试剂盒中包含的标准品DNA的qPCR效率作为100%、显示了各自的qPCR效率。

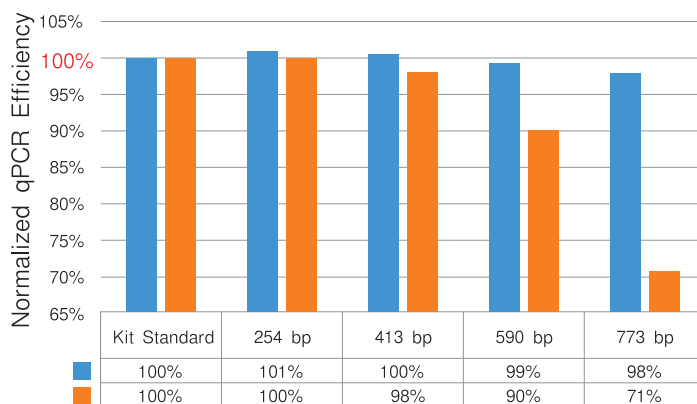
■ Terra qPCR Direct TB Green™ Premix

■ 其他公司嵌合法qPCR类型试剂

不同GC含量 (%) 目的序列的反应效率



不同长度目的片段的反应效率



从图中可以看到，其他公司同类试剂盒的qPCR试剂，随着GC含量的变化或链长变长qPCR效率降低，而Terra qPCR试剂的效率几乎是相同的，显示不同种类的目的序列qPCR的偏差很小。

(数据来自Takara Bio USA ,Inc.)

<制品列表>

产品名称	包装量	Code No.
Library Quantification Kit	500 次	638324
DNA Standards for Library Quantification*	50 次	638325

* Library Quantification Kit中使用制作标准曲线的标准品可单独购买。

● 关联制品 ●

仅10 ng的total RNA也可以去除核糖体RNA

RiboGone™-Mammalian

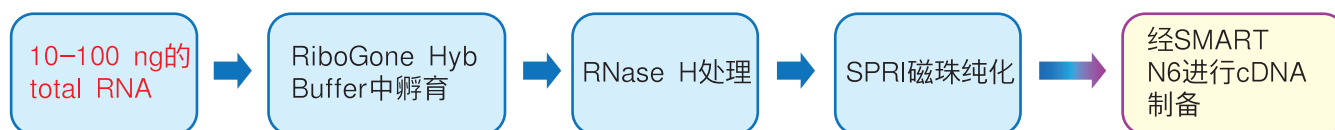
人、小鼠、大鼠

微量total RNA起始的rRNA去除

【起始样品】10-100 ng 微量total RNA

- ✓ 可有效去除微量total RNA (10-100 ng) 起始样品中的rRNA (除去率95%以上)
- ✓ 用于人、小鼠、大鼠total RNA起始的核糖体RNA和线粒体RNA的去除
 - 本试剂盒可去除5S、5.8S、18S、28S的核糖体RNA、12S线粒体RNA
- ✓ FFPE样品等降解的RNA也可以使用
- ✓ 建议搭配使用随机引物进行cDNA制备的试剂盒

■ RiboGone™-Mammalian到cDNA制备的流程



■ RiboGone™-Mammalian除去rRNA的效率

使用本产品分别对10 ng的Human Universal Reference RNA(HURR: Agilent)、Human Brain Reference RNA(HBRR: Ambion)进行rRNA去除, 然后使用SMARTer Stranded RNA-Seq Kit进行文库制备, 测序结果如下表。使用RiboGone-Mammalian能够将微量RNA样品中的rRNA有效去除。

	Human Universal Reference RNA		Human Brain Reference RNA	
No. of reads	6,829,540		7,728,850	
Mapped to rRNA	62,792	(0.9%)	49,844	(0.7%)
Mapped to mitochondrial RNA	318,006	(4.7%)	224,939	(2.9%)
Mapped to RefSeq	4,871,900	(76%)	5,515,264	(75%)
Mapped uniquely to RefSeq	4,435,123	(70%)	4,888,340	(66%)
Exons	2,311,575	(47%)	2,712,444	(49%)
Introns	2,560,325	(53%)	2,802,820	(51%)
Genes identified	14,563		13,839	

<制品列表>

产品名称	包装量	Code No.
RiboGone™-Mammalian	6 次	634846
	24 次	634847

(以上所有图片与数据来源于Takara Bio Inc.)

- 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.clontech.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。

宝日医生物技术(北京)有限公司

Takara Biomedical Technology (Beijing) Co.,Ltd.

技术咨询电话: 4006518761 4006518769

E-mail: service@takarabiomed.com.cn

Ver.2 2018年4月制作