

即使只有250 pg总RNA

也可进行非编码RNA、链特异性测序

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

Illumina®平台测序文库制备

250 pg总RNA起始, 可进行编码/非编码RNA解析

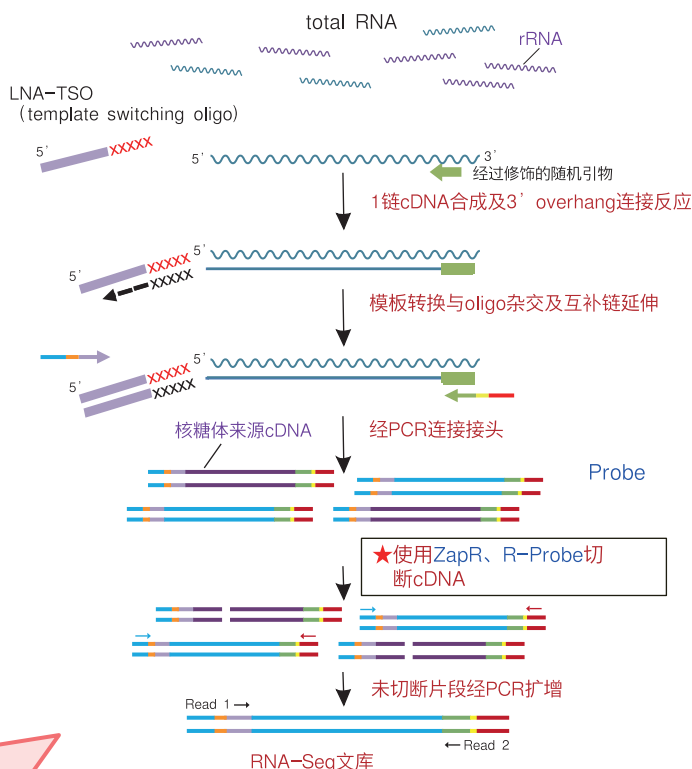
保留链来源信息

品质不好的LCM、FFPE来源的样品也可以解析

不需要核糖体RNA去除这一前处理操作

适用广泛的通用型测序文库制备试剂

■ 操作流程(简便、快速, 仅需5小时)



使用Clontech特有技术【ZapR&R-Probe】将起始于核糖体RNA的cDNA在操作过程中切断, 实现不需要核糖体RNA前处理操作, 即可进行微量总RNA起始的解析。

■ 特点

应用	Input RNA量	逆转录引物	解析平台
<ul style="list-style-type: none"> RNA-Seq 转录组测序 	total RNA 250 pg~10 ng	经过修饰的N6	Illumina®测序平台

■ 产品列表

※ 本kit用于人、小鼠、大鼠。

制品名称	包装量	Code No.
SMARTer® Stranded Total RNA-Seq Kit-Pico Input Mammalian	12 Rxns	635005
	48 Rxns	635006
	96 Rxns	635007

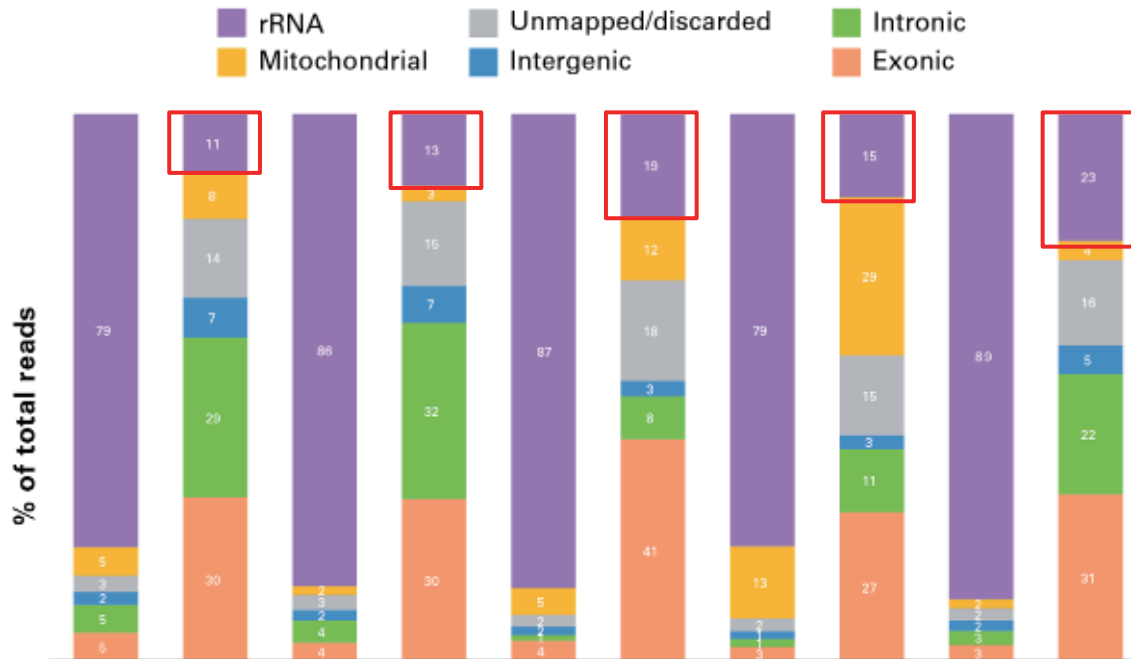
注1: 测序时需向样品中加入Control DNA(PhiX)进行解析。

注2: 依样品不同, 会有核糖体RNA残存较多的情况(参考背面数据)。



■ 人各组织来源reads的分布

显示了以250pg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

(数据来自于Takara Bio USA, Inc.)

■ 相关制品

制品名称	包装量	Code No.
Library Quantification Kit	500 Rxns	638324

- Illumina测序文库定量试剂
- 采用qPCR法可对低浓度的文库定量
- 只准确定量接头连接后的DNA片段
- 含有Primer、Real-time PCR试剂、标准线制备所需试剂的完整kit

· 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本公司网站上确认：<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.

地址：北京市昌平区科学园路22号（中关村生命科学园内）（P.C.102206）

电话：010-80720985, 80720986

传真：010-80720989

E-mail: service@takarabiomed.com.cn

Ver.1 2016年8月印刷 3K