

添加分子标签，进行更可靠的人BCR profiling分析！

# SMARTer® Human BCR IgG IgM H/K/L Profiling Kit

核心专利SMART技术和新引入UMI技术的加持，可以提供更正确和可靠的人BCR分析结果

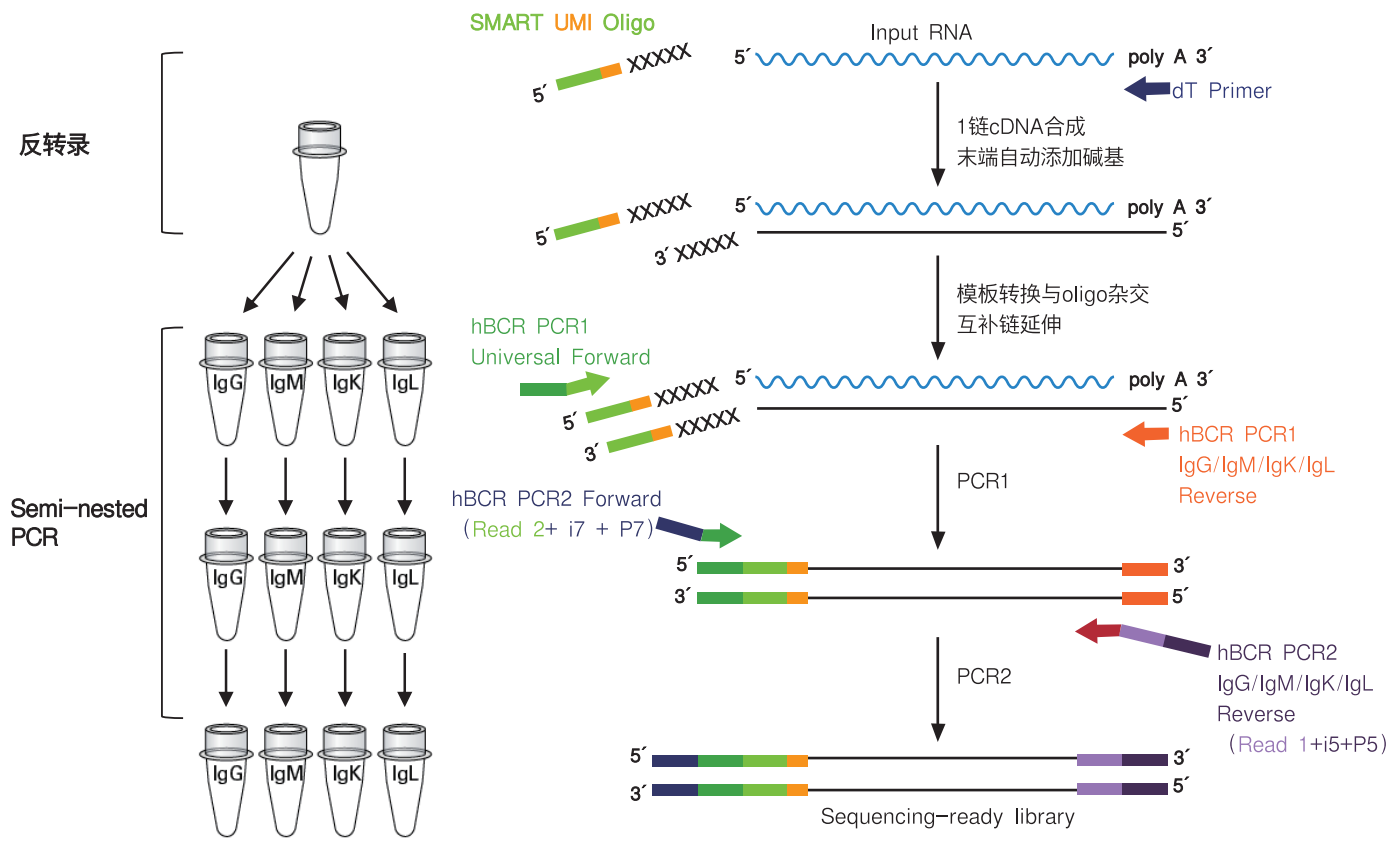


## ■ 特点

- ✓ 支持10 ng–1 μg PBMC来源total RNA或1 ng–100 ng B细胞来源total RNA起始；
- ✓ 可高灵敏度地分析重链(IgG, IgM)和轻链(IgK, IgL)的V(D)J可变区全长序列
- ✓ 通过添加UMI，校正来自PCR错误、重复序列以及序列错误的读取
- ✓ 搭配特别开发的Cogent NGS Immune Profiler Software完成测序数据分析



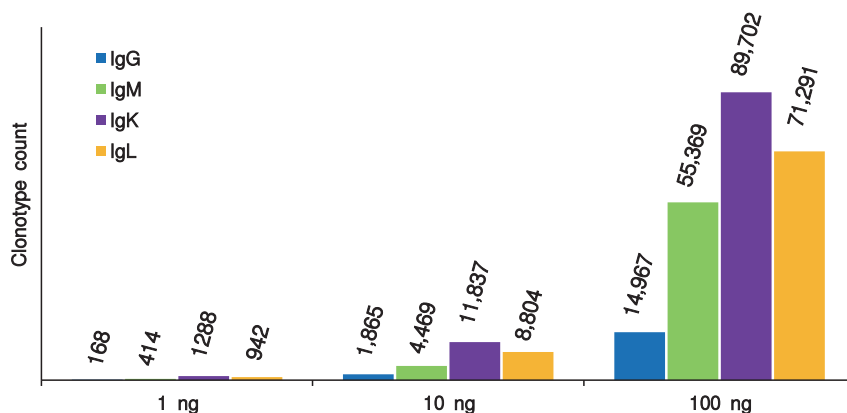
## ■ 流程概要



## ■ 制品列表

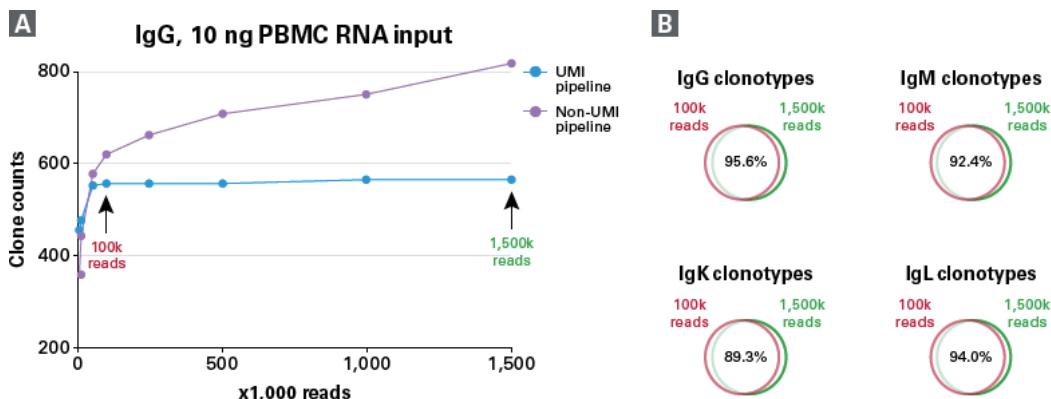
产品名称	包装量	Code No.
SMARTer® Human BCR IgG IgM H/K/L Profiling Kit	12 次	634466
	48 次	634467

■ 从1-100 ng B细胞RNA中鉴定出的克隆型数量



从1 ng, 10 ng和100 ng人CD19 + B细胞总RNA中, 利用本试剂盒构建包含BCR重链 (IgG, IgM) 和轻链 (IgK和IgL) 的文库。为了进行分析, 对于1 ng, 10 ng和100 ng的RNA起始, 分别将文库down-sampling至100,000个, 400,000个和5,000,000个reads, 然后利用Takara Bio Immune Profiler Software处理。随着起始样本量的增加, 检测到的每个克隆型 (IgG, IgM, IGK, IG1) 的数量也在增加。结果显示, 使用该试剂盒构建文库, 即使RNA量少且高度复杂的样品, 也可以获得稳定的数据。

■ 10 ng PBMC RNA文库的测序饱和度评估 (UMI的评估)



以来自单个供体的10 ng PBMC RNA起始, 使用SMARTer Human BCR IgG IgM H/K/L Kit制备BCR分析文库。

Panel A 显示了不同测序深度的IgG克隆型计数。通过down-sampling至1,000K, 500K, 200K, 100K, 50K, 10K和5K reads。使用Takara Bio Immune Profiler Software分析不同测序深度的结果。在没有经过UMI修正误差 (紫线) 的情况下, 克隆型的数量会随着reads的增加而持续增加。但在经过UMI修正误差 (蓝线) 的情况下, 在低测序深度 (100K) 时克隆型的数量即达到饱和状态。

Panel B 维恩图显示了低测序深度 (100K) 和高测序深度 (1,500K) 的文库之间重叠的克隆型。经过UMI修正误差后在低测序深度 (100K) 便可检测出主要的克隆型。

- 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。
- 专利许可信息请在本公司网站上确认: <https://www.takarabiomed.com.cn/>。
- 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。
- 本宣传页仅限于中国大陆地区客户使用, 其他地区客户请咨询当地代理商。
- 本宣传页上记载的产品信息是2021年5月1日的信息, 最新信息请参考公司官网。