

# 次世代シーケンス用 miRNAライブラリー調製キット

## RealSeq<sup>®</sup> シリーズ

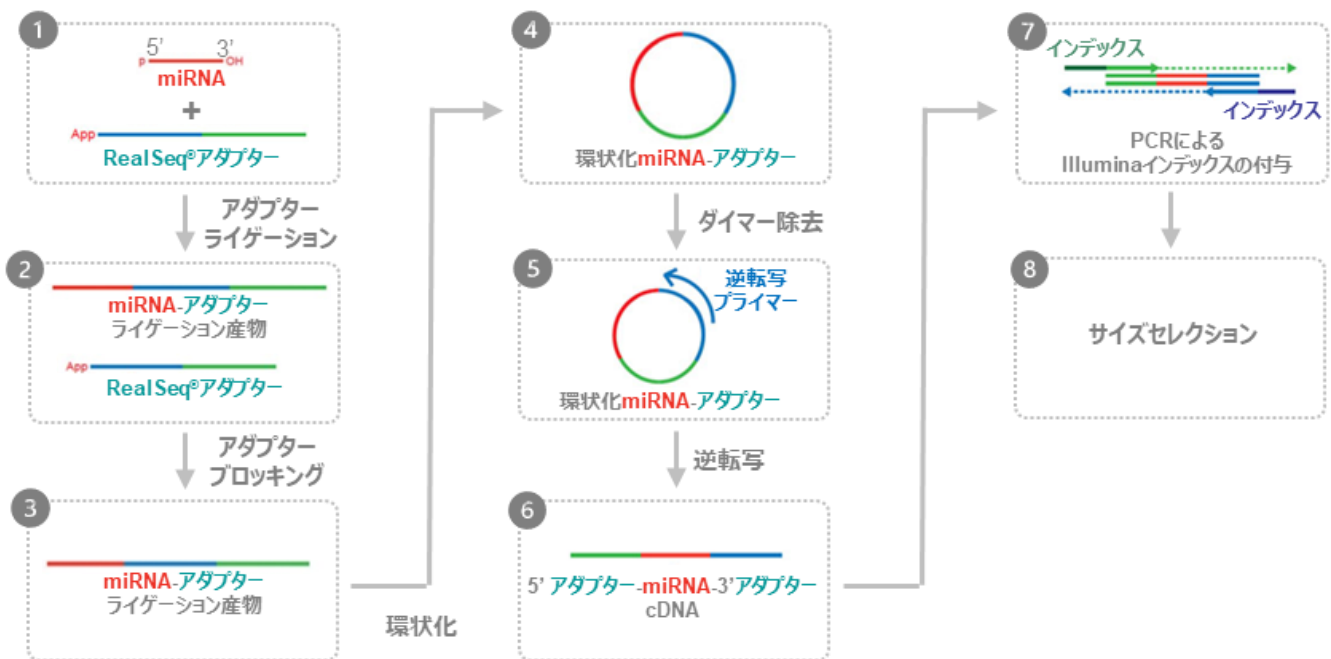
- ▶ ライブラリー調製時のバイアスを大幅に軽減
- ▶ Empty adapter/Adapter dimerを大きく抑制
- ▶ 少量のRNAライブラリーをゲルフリーで調製可能
- ▶ 多種多様なmiRNA、その他のsmall-RNAの検出
- ▶ 堅牢なmiRNAの定量を実現

RealSeq  
BIOSCIENCES



### 独自技術

miRNAライブラリー調製時バイアスを大幅に軽減する単一アダプターとの環状化ライゲーション法



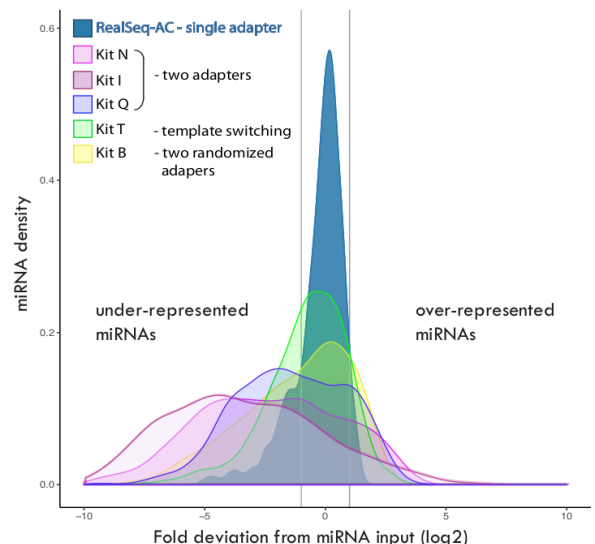
### 他社製ライブラリー調製キットとのバイアス比較

右図は、1pmoleのmiRXPloreユニバーサルリファレンスプール（Miltényi Biotec）を使用し、5つの異なる市販のライブラリー調製キットとのバイアスを比較した結果です。本キットを使用した場合、他のキットよりもバイアスが大幅に低く、71.8%を正確に定量できます。各キットで検出されたmiRNAの総数やRT-qPCRで定量した結果との比較など様々なデータについては、下記参考文献からご確認いただけます。

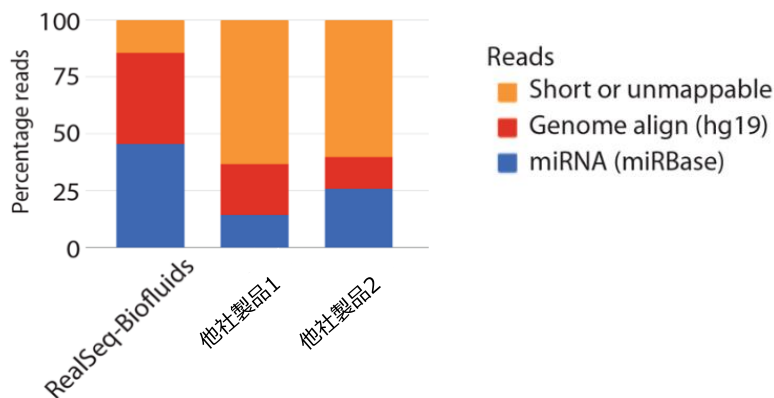
#### 参考文献

Barberán-Soler S, et al. Decreasing miRNA sequencing bias using a single adapter and circularization approach. *Genome Biol.* 2018 Sep 3;19(1):105. doi: 10.1186/s13059-018-1488-z. PMID: 30173660; PMCID: PMC6120088.

本キットと他社製品を用いたバイアスに関する文献を含め多数の文献が公開されています。関連文献は弊社HPに掲載されています。



総リード数に対してmiRNAおよびその他の低分子RNA割合の大幅な増加を実現

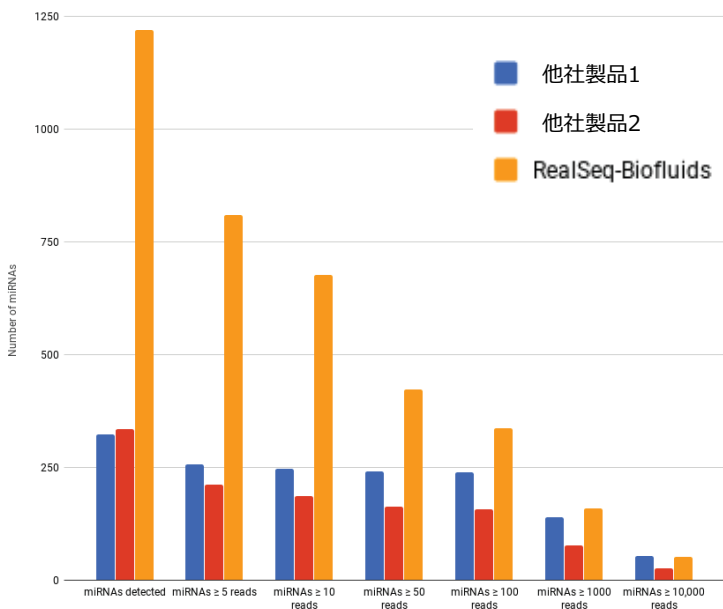


3つの異なるライブラリー調製キットを使用した血漿miRNAのプロファイリングの結果

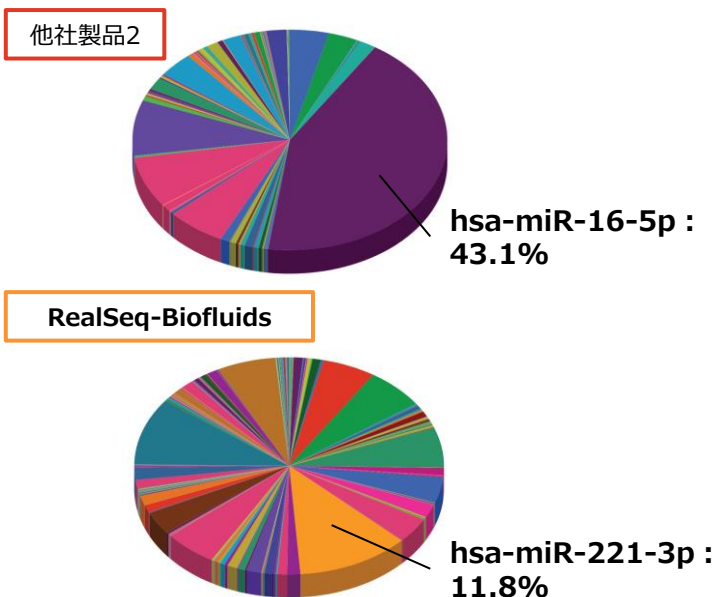
共通の血漿サンプルを使用して、3つの異なるライブラリー調製キットでシーケン斯拉イブラリーを準備しました。すべてのヒトmiRNAを含むデータベース(miRBase)を使用してアラインされ、アラインされないリードは、さらにヒトゲノムデータベース(hg19)にアラインしました。

- はるかに多い数のmiRNAの同定を可能とし、他社キットと比較して特にコピー数の少ないmiRNAでは顕著
- サンプルを支配するmiRNAの割合から他社キットよりバイアスの影響が少ない解析を実現

各ライブラリー調製キットを使用して異なるカバレッジで検出されたmiRNAの数



他社製品2とRealSeq-Biofluidsを使用して検出された各miRNAの割合



健康なドナーからの200µlの血漿サンプルを使用して、3つの異なるライブラリー調製キットでシーケン斯拉イブラリーを準備しました。シーケンシングカバレッジを正規化するために、リードは1,000万リードにサブサンプリングされました。参照データベースとしてmiRBase 21が使用されています。

製品ラインアップ

| 製品名   | 反応数   | 品番        |
|---|-------|-----------|
| ▶ 細胞、組織由来サンプル用<br>RealSeq®-AC miRNA Library Kit                         | 12反応分 | 500-00012 |
|   | 48反応分 | 500-00048 |
| ▶ 血漿などの液体生検由来サンプル用<br>RealSeq®-Biofluids Plasma/Serum miRNA Library Kit | 12反応分 | 600-00012 |
|   | 48反応分 | 600-00048 |
| ▶ ライブラリーへのデュアルインデックスの組み込みが可能<br>RealSeq®-Dual miRNA Library Kit         | 12反応分 | 700-00012 |
|   | 48反応分 | 700-00048 |