

tRNA、tRF、tiRNA 研究における高効率な tRNA cDNA 合成を実現するには？



tRNA は転写後修飾の数が最も多く、化学的にも最も多様な修飾を受けます。これらの修飾は、tRNA-cDNA 合成効率に深刻な影響を及ぼします。最も一般的な修飾の一つであるメチル化は、転写伸長を阻害する主要な障害であり、結果として cDNA 変換と qPCR の効率低下につながります。

Arraystar 社では優れた RNA 脱メチル化酵素を用いることで、RNA 上のメチル化を除去し、tRNA 検出の精度を新たなレベルに引き上げる高効率システム **rtStar™ tRNA-optimized First-Strand cDNA Synthesis Kit (Cat# AS-FS-004)**を開発しました。

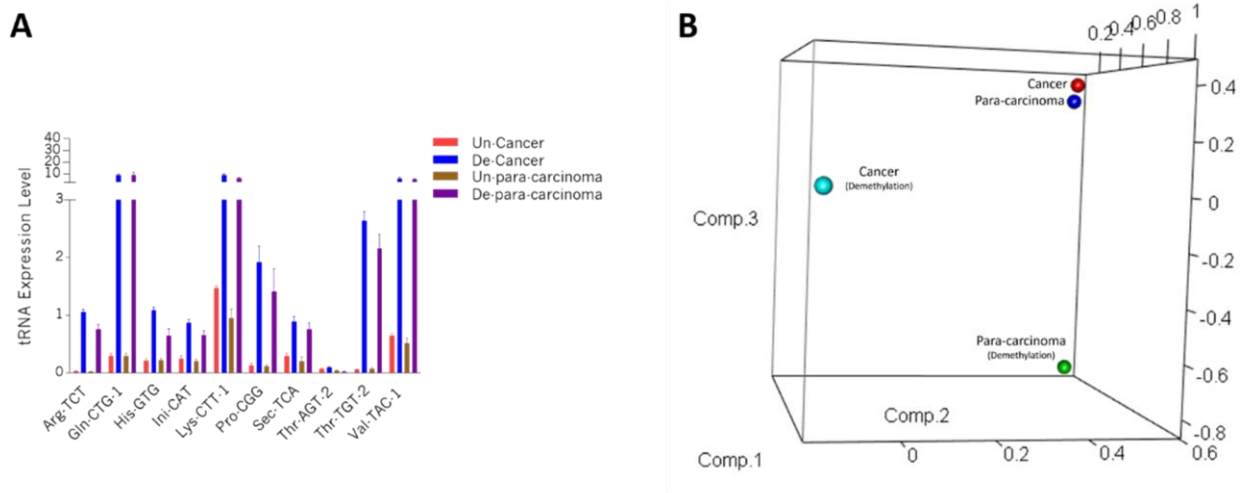


図 1. tRNA 脱メチル化処理は PCR アッセイ性能を劇的に向上させた。

左図：RNA 脱メチル化処理の有無による膵臓癌 3 例と、対応する癌周辺組織 3 例の RNA サンプルにおける tRNA レベル。エラーバーは標準誤差（SEM）を示す（n=3）。De：脱メチル化処理、Un：脱メチル化処理なし。

右図：膵臓癌組織および癌周辺組織の tRNA プロファイルに対する主成分分析（PCA）。癌（脱メチル化処理）と癌周辺（脱メチル化処理）のサンプルは明確に分離されているのに対し、脱メチル化処理を施していない癌サンプルと癌周辺サンプルは区別がつかない。