High-Input riboPOOL 6 reaction kit (E.coli)



6 reactions
Artikel-Nr.: 27DP-HK006-000504 | Biozym

1.200,00 €*

*zzgl. MwSt. zzgl. Versandkosten

Beschreibung

Kits zur rRNA Depletion für Gesamt-RNA mit einem Input von mehr als 5 µg.

Entfernt unerwünschte ribosomale RNA aus Gesamt-RNA-Proben und ermöglicht so bessere Ergebnisse für Anwendungen wie die direkte RNA-Sequenzierung oder den Nachweis seltener oder schwach exprimierter Transkripte.

High Input: Verarbeiten Sie bis zu 30 µg Gesamt-RNA pro Probe statt der üblichen Höchstmenge von 3 µg.

Kürzerer Arbeitsablauf Statt 10 separate Reaktionen - nur noch eine einzige.

Kosteneinsparung Für die Entfernung großer Mengen an RNA ist dieses Kit die kostengünstigste Option pro Reaktion.

Wann ist eine High Input rRNA-Depletion sinnvoll?

Das „High-Input riboPOOL rRNA Depletion Kit“ (5 µg–30 µg Ausgangsmaterial) wurde für RNA-Sequenzierungs-Workflows entwickelt, die große Mengen an rRNA-abgereicherter RNA erfordern.

Zu den typischen Anwendungen gehören:

- Direkte RNA-Sequenzierung
- Long-Read-Sequenzierung
- Nachweis seltener oder schwach exprimierter RNAs

Nach der Depletion eignet sich die RNA hervorragend für Long-Read-Transkriptomik-Workflows, einschließlich der Plattformen von Oxford Nanopore Technologies und Pacific Biosciences (PacBio). Dadurch lassen sich Transkriptstrukturen und Spleißvarianten mit höherer Präzision charakterisieren.

Telefon: +49 (0) 51 52 / 90 20
Telefax: +49 (0) 51 52 / 20 70
E-Mail: support@biozym.com
Internet: www.biozym.com

Rechtliches
Registergericht: Amtsgericht Hannover
Registernummer: HRB 101682
UST-ID: DE 813739502

Biozym Scientific GmbH
Geschäftsführer
Dr. Sebastian Petri

Da ribosomale RNA effizient entfernt wird, konzentriert sich die Sequenzierungskapazität auf biologisch relevante Transkripte. Folglich werden seltene und in geringer Menge vorkommende RNAs zuverlässiger nachgewiesen und die Gesamtdatenqualität verbessert sich.

Insbesondere für die direkte RNA-Sequenzierung ist eine hohe RNA-Ausgangsmenge unerlässlich. Da bei diesem Ansatz auf eine PCR-Amplifikation verzichtet wird, ist mehr Ausgangsmaterial erforderlich, um eine ausreichende Sequenzierungstiefe zu erzielen. Darüber hinaus ermöglicht dies Anwendungen wie die Analyse von RNA-Modifikationen (Epitranskriptomik).

Wie viel RNA gilt bei der rRNA-Depletion als „High Input“?

Das riboPOOL High Input Kit erweitert siTools bewährte rRNA-Depletion-Technologie auf die Verarbeitung von bis zu 30 µg Gesamt-RNA pro Reaktion. Dies entspricht einer 10-fachen Steigerung im Vergleich zu Standardprotokollen.

Dadurch werden Workflows mit hohem Input kosteneffizienter, während die gleiche zuverlässige Depletionsleistung erhalten bleibt. Gleichzeitig ist das Kit weiterhin vollständig kompatibel mit Sequenzierungsplattformen für kurze und lange Reads. Darüber hinaus unterstützt es die breite Artenabdeckung, die die riboPOOL-Plattform auszeichnet.

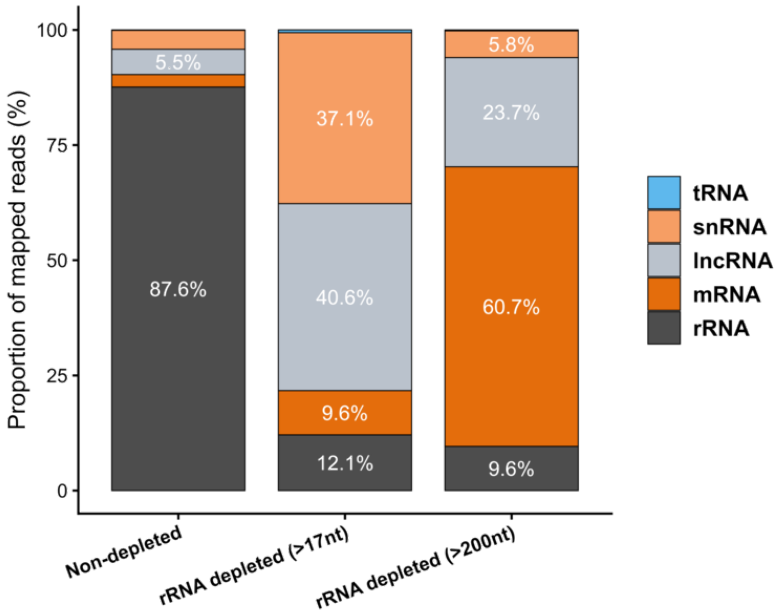


Abbildung 1. Anteil der Sequenzierungs-Reads, die auf rRNA, mRNA, lncRNA, snRNA und tRNA in A549-Zellproben vor (nicht abgereichert) und nach der rRNA-Abreicherung unter Verwendung des „Human High-Input riboPOOL“ zugeordnet wurden. Die Daten wurden durch direkte RNA-Sequenzierung mittels Oxford Nanopore Technologies nach einer In-vitro-Polyadenylierung gewonnen. Bei den depletierten Proben wurden die Analysen entweder an allen enthaltenen Fragmenten >17 nt oder an einer nach Größe selektierten Fraktion (Reads >200 nt) durchgeführt.

Telefon: +49 (0) 51 52 / 90 20
Telefax: +49 (0) 51 52 / 20 70
E-Mail: support@biozym.com
Internet: www.biozym.com

Rechtliches
Registergericht: Amtsgericht Hannover
Registernummer: HRB 101682
UST-ID: DE 813739502

Biozym Scientific GmbH
Geschäftsführer
Dr. Sebastian Petri

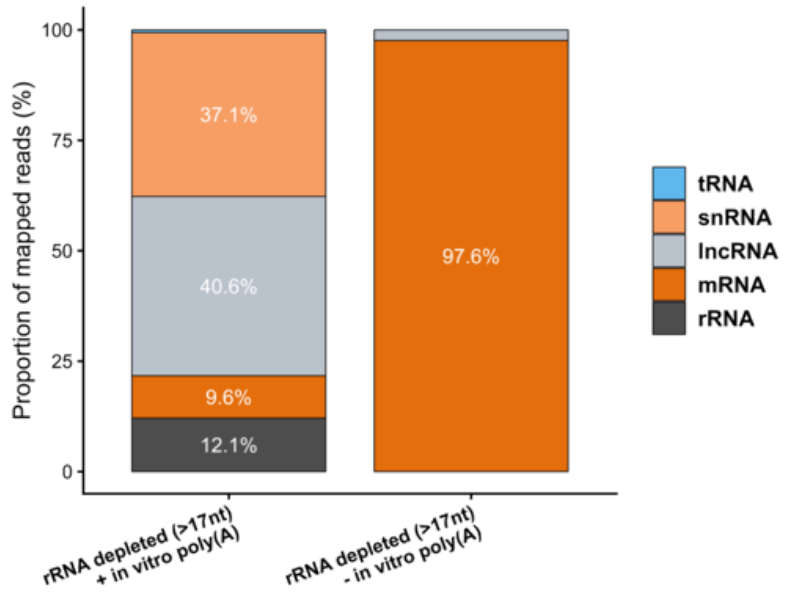


Abbildung 2. Anteil der Sequenzierungs-Reads, die auf verschiedene RNA-Klassen in rRNA-abgereicherten Proben zugeordnet werden können, die mit oder ohne In-vitro-Polyadenylierung aufbereitet wurden. Das Poly(A)-Tailing erhöht den Anteil von lncRNAs und snRNAs in Datensätzen der direkten RNA-Sequenzierung mit Oxford Nanopore.

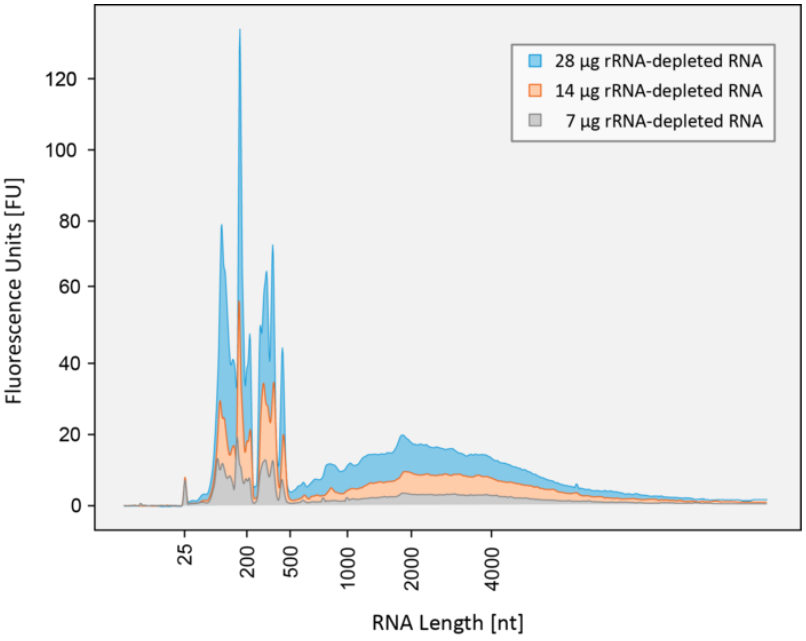


Abbildung 3. Bioanalyzer-Daten nach Ribonukleinsäure-Depletion von 7, 14 und 28 µg der depletierten Gesamt-Input-RNA.

Telefon: +49 (0) 51 52 / 90 20
Telefax: +49 (0) 51 52 / 20 70
E-Mail: support@biozym.com
Internet: www.biozym.com

Rechtliches
Registergericht: Amtsgericht Hannover
Registernummer: HRB 101682
UST-ID: DE 813739502

Biozym Scientific GmbH
Geschäftsführer
Dr. Sebastian Petri

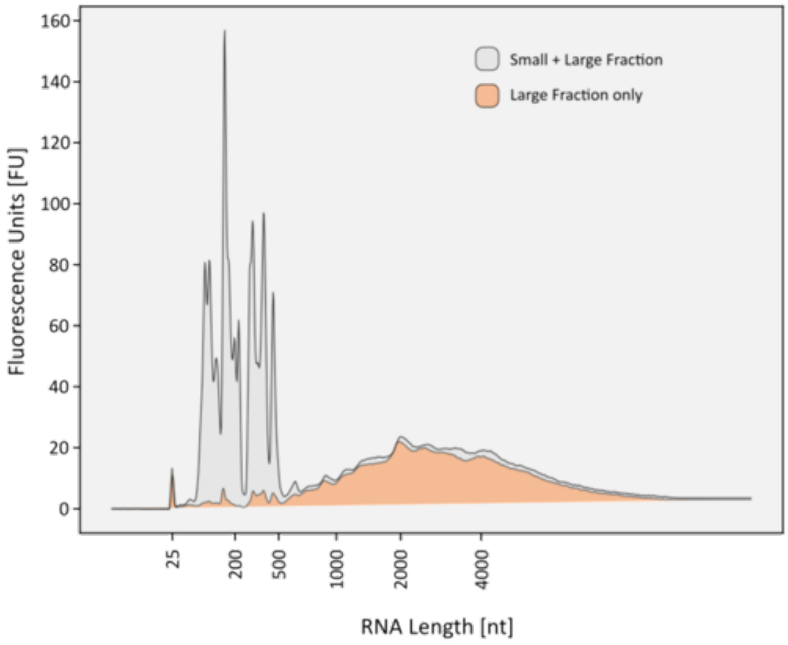


Abbildung 4. Bioanalyzer-Profil von RNA, aus der humane rRNA entfernt wurde, mit bzw. ohne die Fraktion kleiner Nukleotide (<200 Nukleotide). Säulenbasierte Aufreinigung bietet die Möglichkeit, die Fraktion kleiner Nukleotide je nach Bedarf einzubeziehen oder auszuschließen.

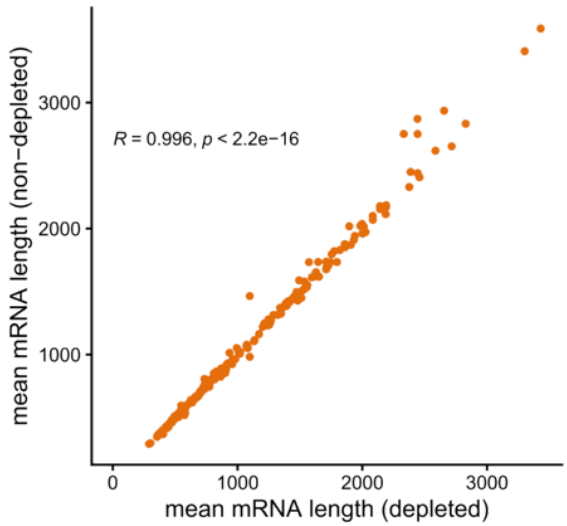


Abbildung 5. Die rRNA-Depletion bewahrt die Representation der Transkriptlängen. Die mittleren mRNA-Längen vor und nach der Depletion zeigten eine nahezu perfekte Korrelation (R = 0,996, p < 2,2 × 10?¹6).

Telefon: +49 (0) 51 52 / 90 20
Telefax: +49 (0) 51 52 / 20 70
E-Mail: support@biozym.com
Internet: www.biozym.com

Rechtliches
Registergericht: Amtsgericht Hannover
Registernummer: HRB 101682
UST-ID: DE 813739502

Biozym Scientific GmbH
Geschäftsführer
Dr. Sebastian Petri

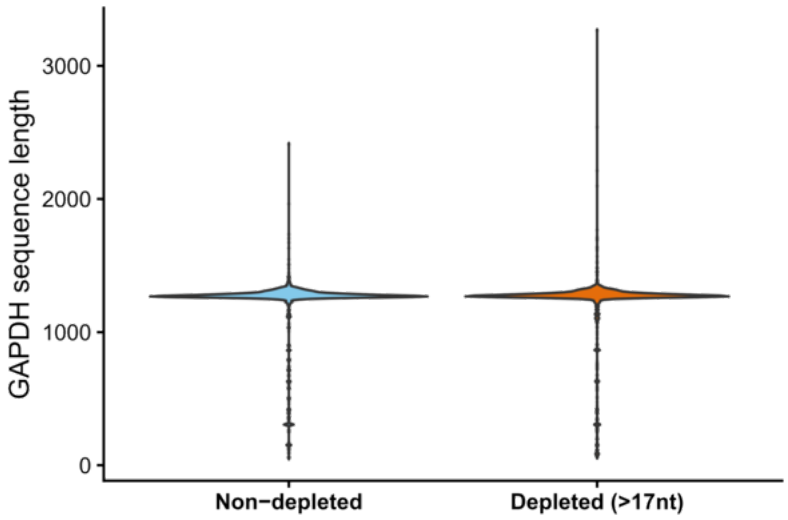


Abbildung 6. GAPDH-Sequenzlänge in Proben von A549-Zellen ohne Depletion und mit rRNA-Depletion. Die Daten wurden durch direkte RNA-Sequenzierung auf Oxford Nanopore ohne in-vitro-Polyadenylierung gewonnen.

FAQs

Derzeit ist für meine Spezies kein riboPOOL-Kit erhältlich. Ist eine individuelle Anpassung möglich?

Ja. Wir bieten individuelle Anpassungen sowohl für Standard, als auch für High-Input-riboPOOLs an.

Ist das neue Kit für degradierte RNA oder für Ribosomen-Profiling geeignet?

Das Kit ist derzeit nur für alle unsere Standard-RNA-Seq-riboPOOLs erhältlich. Es ist für RNA-Proben mit einem RIN-Wert von 7 oder höher geeignet.

Wie viel Gesamt-RNA kann ich in einer Reaktion aufbereiten?

Bis zu 30 µg Gesamt-RNA.

Telefon: +49 (0) 51 52 / 90 20
Telefax: +49 (0) 51 52 / 20 70
E-Mail: support@biozym.com
Internet: www.biozym.com

Rechtliches
Registergericht: Amtsgericht Hannover
Registernummer: HRB 101682
UST-ID: DE 813739502

Biozym Scientific GmbH
Geschäftsführer
Dr. Sebastian Petri