

3' 末端だけ！ 集中的にシーケンス

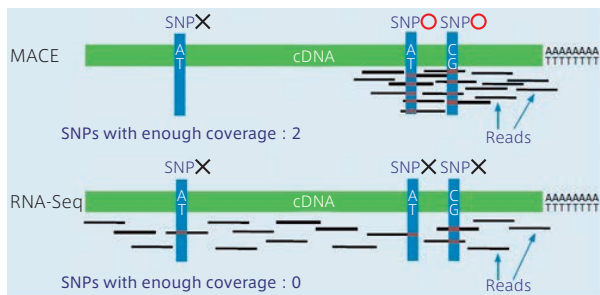
MACE Kit (Massive Analysis of cDNA Ends)

Illumina

mRNA の 3' 末端構造解析に特化した次世代 RNA-Seq ライブラリーの調製キットです。
Illumina 社のプラットフォームに対応しています。

ここがすごい

MACE は mRNA の 3' 末端を特異的にシーケンスする技術です。RNA の分解にも強く、短い RNA や低発現の mRNA も検出可能です。一般的な RNA-Seq では、転写産物のサイズが大きいものほどリード数が多くなり、短いものほど少なくなるためデータの正規化を要し、その方法によって結果が異なってしまう問題があります。MACE は転写産物 1 分子あたり 1 リードのみが読み取られるため、短くコピー数の少ない転写産物も少ないシーケンス (読み) 深度で同定できます。また、転写産物の長さによるデータの正規化が不要です。



RNA-Seq では同定できない SNP も、MACE では SNP の多い 3'-UTR を集中的にシーケンスすることにより同定できる。

アプリケーション

- 対立遺伝子のアレル特異的な発現の同定
- 遺伝子マッピング
- 植物・動物のマーカー選抜による育種への活用
- 3' 末端のポリアデニル化部位の異なるバリエーション (選択的ポリアデニル化) の解析
- SNP 解析
- 低コピー数 RNA の定量

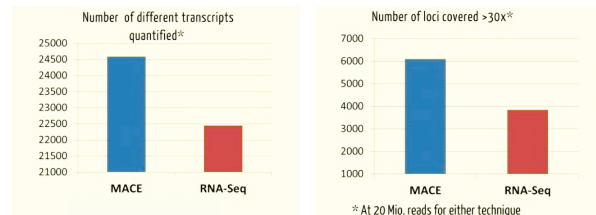
品名	メーカー	商品コード	包装 / 価格 (¥)
MACE Kit			
GXP	16046.1	6 reactions (MiSeq 用)	1 kit / 98,000
GXP	160424.1	24 reactions (HiSeq / NextSeq 用)	1 kit / 330,000
Additional Adapter Set			
GXP	160424.3		1 set / 40,000

HiSeq / NextSeq 用 (#160424.1) を 4 キット使用して 96 MACE 同時解析を行う場合に必要、別売りの追加アダプターセット。

特長

- PCR 増幅前にテンプレート分子をラベリングする TrueQuant 法により、PCR バイアス (不均一な増幅やアーティファクト) を認識し、データセットから排除できます。
- MACE の受託サービスもあります。詳細はお問い合わせ下さい。

■ MACE と一般的な RNA-Seq の比較



左図
同じシーケンス量 (20 M リード) の解析で同定できた異なる転写物の数

右図
左図のうち、30×以上のシーケンス (読み) 深度で配列が得られた遺伝子座の数

試料：ヒト胎盤組織

MACE は転写産物の狭い範囲 (多型が豊富な部分) の読み取りを集中して行うため、読み深度が増え、対立遺伝子をより正確に発見できる。

FRONTIERS

メーカーインタビュー
vol.23

3'mRNA 解析から
新しい研究の提案へ

Web ページ番号

65833

検索

GenXPro 社は フランクフルト大学・パリ大学発のベンチャー企業です。

「モデル生物を使わない、低コストな遺伝子発現解析」を実現するため 2005 年に設立されました。2013 年 (日本では 2017 年) に発売された **MACE Kit** は、世界の研究者から高い評価を受けています。