

MGIEasy RNA方向性文库制备试剂套装 V2.1

■ 产品亮点

极低的样本起始量	Total RNA起始量可低至10 ng，且在不同起始量下文库均有出色、稳定的数据表现
广泛的样本类型	兼容多种物种样本，包括人、动物、植物、微生物样本，以及轻微降解RNA、FFPE样本
出色的数据质量	转录本覆盖率高，可全面、准确地反应样本中RNA转录情况
优异的覆盖均匀性	高度均匀的覆盖转录本5'端至3'端，优异的3'端覆盖度
精确的链特异性信息	可准确确定转录的DNA模板链信息，发现更多反义转录本，获得更准确的转录本注释信息
简便的操作	操作流程简化，建库时间短，且可适配自动化建库仪
灵活的使用方法	可搭配不同RNA富集方法及不同测序读长，适合于不同的样本类型项目的需求

■ 产品概述

RNA测序是对某一物种或特定细胞在某个特定状态下转录的RNA进行高通量测序，不仅可以检测基因表达水平的变化，还能发现稀有转录本和未知转录本，精确识别可变剪接位点、基因融合、SNP以及等位基因特异表达。

随着对RNA研究的越来越深入，研究者们发现在RNA测序中，区分转录本来自DNA正链还是负链，可为基因的注释和功能分析提供更准确的信息，更准确地统计转录本的数量和确定基因的结构，同时可以发现更多的反义转录本和新的基因。

MGIEasy RNA方向性文库制备试剂套装可将10 ng - 1 µg total RNA制备成适合于MGI高通量测序仪测序的文库,用于链特异性RNA测序，分析确定RNA链在DNA上的来源信息。

产品性能参数

建库周期	~7 小时
手动操作时间	~30 分钟
所需样本量	10 ng - 1 µg total RNA
样本类型	组织、FFPE样本
物种兼容性	人、动物、植物、微生物（如鼠、水稻、拟南芥、酵母及大肠杆菌）
应用方向	RNA-Seq、转录组、total RNA测序、长链非编码RNA
测序平台	BGISEQ-500、MGISEQ-2000、DNBSEQ-G400
推荐的测序读长	SE50/PE100/PE150
推荐的测序数据量	25 M raw reads (SE50) / 8 Gb raw data (PE100/PE150)

性能数据

兼容不同的样本起始量，文库质量高

MGIEasy RNA 方向性文库制备试剂套装兼容 10 ng– 1 μ g total RNA 起始量，在不同起始量下所构建的文库均表现良好、性能稳定，且一致性高。以 Universal Human Reference RNA(UHRR)^{[1][2]} 标准品为测试样本，比较在不同样本起始量下构建的文库，结果显示，不同起始量的文库的基因组比对率均可达到 90% 以上，基因比对率均达到 70% 以上，基因检出数表现一致。

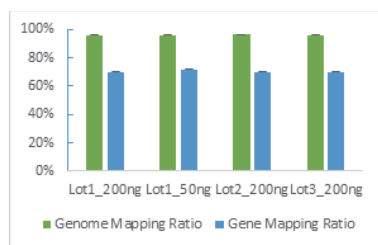


图1a 不同样本起始量下的基因组/基因区比对率

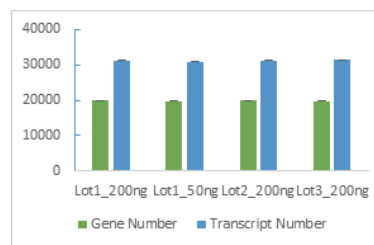


图1b 不同样本起始量下的基因检出数

图1 以UHRR为测试样本，在不同total RNA起始量下，富集得到 (polyA) mRNA后，采用MGIEasy RNA方向性文库制备试剂套装构建文库，在MGISEQ-2000平台采用PE100测序，数据过滤后截取相同的数据量（约8 Gb）进行分析。

文库重复性好

MGIEasy RNA 方向性文库制备试剂套装性能稳定，技术重复性高。以 UHRR 为测试样本，测试本试剂套装所构建的文库的稳定性，结果显示，在 200 ng 起始量下重复建库，文库间表达量检测相关性的 Pearson 系数可达到 0.997 以上，在 50 ng 和 200 ng 起始量下建库，基因表达量检测相关性的 Pearson 系数可达到 0.993 以上。

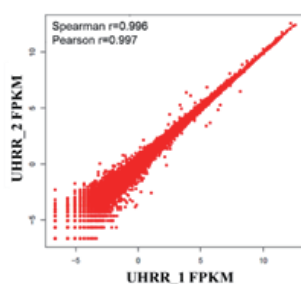


图2a 两次建库重复的基因表达量重复性

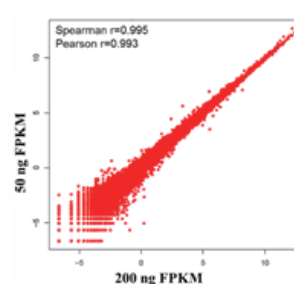


图2b 不同样本起始量的基因表达量重复性

图2 以UHRR为测试样本，富集得到 (polyA) mRNA后，采用MGIEasy RNA方向性文库制备试剂套装构建文库，在MGISEQ-2000平台采用PE100测序，数据过滤后截取相同的数据量（约8 Gb）。

转录本覆盖率高

MGIEasy RNA 方向性文库制备试剂套装构建的文库，对样本中的基因和转录本覆盖全面，可全面、准确、有效地反映样本中 RNA 转录情况。以 UHRR 为测试样本，采用本试剂盒构建文库，将文库测序数据与基因组数据库 (hg19 Human Genome) 和基因数据库 (refMrna.fa) 比对分析，结果显示，各样本的基因检出数可达 20000，且在不同起始量下表现一致 (图 1b)。

转录本覆盖度均匀

MGIEasy RNA 方向性文库制备试剂套装构建的文库,对转录本从 5' 端至 3' 端的具有高度均匀的覆盖度,有助于基因结构分析^[3]。比较本试剂套装与 I 品牌的同类产品在对应的测序平台上的表现,数据显示, MGIEasy RNA 方向性文库制备试剂套装的 3' 端的覆盖度优于 N 平台上 I 品牌建库试剂盒(图 3)。

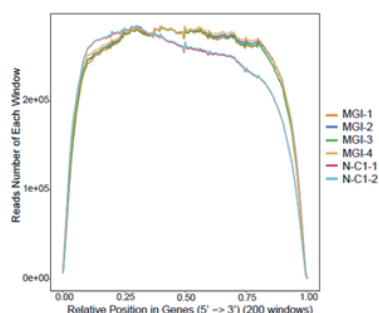


图3 不同平台不同试剂盒的转录本覆盖度

以 UHRR 为测试样本,富集得到 (polyA)mRNA 后, MGI-1/2/3/4 采用 MGIEasy RNA 方向性文库制备试剂套装构建文库,在 MGISEQ-2000 平台采用 PE150 测序, N-C1-1/2 采用 I 品牌的同类产品构建文库,在 N 平台 PE150 测序。数据过滤后截取相同的数据量(约 10Gb)进行分析。

链特异性高, 表达量检测准确

MGIEasy RNA 方向性文库制备试剂套装制备的文库,通过测序分析转录本的来源,即可准确确定其来自 DNA 正链还是负链,为基因注释和功能分析提供更准确的信息。以 UHRR 为测试样本,采用本试剂套装制备文库,结果显示,文库测序数据中正链比例可达 99% 以上,说明准确地定位了转录本的方向性。同时,在基因表达量方面,与采用 MGIEasy RNA 文库制备试剂套装(MGI, 货号 1000006383/1000006384)所构建的文库间相关性可达 0.99 以上,反映了 RNA 表达量检测的精确性。因此,采用本试剂套装制备的文库不仅能检测到转录本的链特异信息,还能准确地进行定量分析。

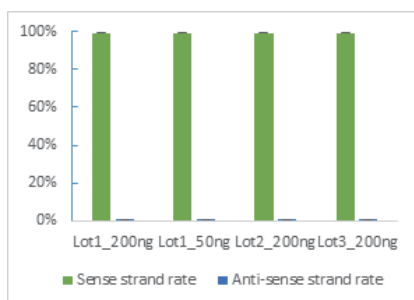


图4a MGIEasy RNA方向性试剂盒正负链比例

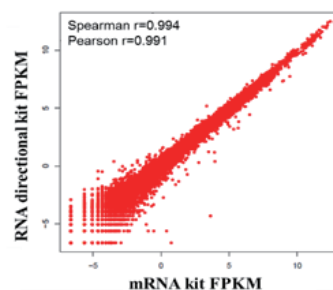


图4b RNA方向性与RNA试剂盒相关性

图 4 以 UHRR 为测试样本,富集得到 (polyA) mRNA 后,采用不同批次的 MGIEasy RNA 方向性文库制备试剂套装和 MGIEasy RNA 文库制备试剂套装(MGI, 货号 1000006383/1000006384)构建文库,在 MGISEQ-2000 平台采用 PE100 测序。数据过滤后截取相同的数据量(约 8Gb)进行分析。

简单易用, 可适配自动化建库仪

MGIEasy RNA 方向性文库制备试剂套装对常规建库流程中较为繁琐耗时的操作步骤进行的优化简化,使得部分关键步骤实现了单管操作,极大缩短建库周期至 7 小时,其中手工操作累积仅需 30 分钟,同时实现了在自动化样本制备仪 MGISP-100 上进行自动化建库。



灵活的使用方法

MGIEasy RNA方向性文库制备试剂套装可与不同的RNA富集方法组合使用，并结合搭配不同测序读长，以满足不同的物种和样本类型的研究需求。

表1 不同样本类型对应的使用方法

样本描述	RNA富集方法	测序读长	应用方向
完整的真核 total RNA	OligodT磁珠富集mRNA	SE50/PE100/PE150	mRNA定量及转录本结构分析
	rRNA去除试剂盒去除rRNA	PE100/PE150	lncRNA及mRNA检测和分析
原核 total RNA	rRNA去除试剂盒去除rRNA	PE100/PE150	RNA定量及转录本结构分析
不完整的FFPE样本及血浆游离RNA等	rRNA去除试剂盒去除rRNA	SE50/PE100	RNA定量及转录本结构分析

■ 总结

MGIEasy RNA方向性文库制备试剂套装操作简便，可快速地从低至10 ng的total RNA样本构建RNA方向性文库，所得文库的测序数据质量好，对转录本覆盖率高、覆盖度均匀性好，基因表达量检测的精确性高，还可准确检测转录本的链特异信息，且在不同样本起始量下均表现稳定。该试剂盒适用范围广，对多种物种、多种样本类型、不同起始量的样本均可适用，还可适配自动化建库仪，可助您更快、更便捷地实现您的研究目标。

订购信息

产品	规格	货号
MGIEasy RNA方向性文库制备试剂套装	16 RXN	1000006385
	96 RXN	1000006386

■ 参考文献

- [1] Zhenqiang Su, *et al.* A comprehensive assessment of RNA-seq accuracy, reproducibility and information content by the Sequencing Quality Control Consortium. *Nature Biotechnology*, 2014, 32: 903-914.
- [2] Charles Wang, *et al.* The concordance between RNA-seq and microarray data depends on chemical treatment and transcript abundance. *Nature Biotechnology*, 2014, 32: 926-932.
- [3] Sheng Li, *et al.* Detecting and correcting systematic variation in large-scale RNA sequencing data. *Nature Biotechnology*, 2014, 32: 888-895.

■ 联系我们

深圳华大智造科技股份有限公司
地址：深圳市盐田区北山工业区综合楼，518083
邮箱：MGI-service@mgi-tech.com
网址：www.mgi-tech.com
电话：4000-688-114
版本：2022年11月版 | MGPD111810100-04



<https://www.linkedin.com/company/mgi-bgi>



https://twitter.com/MGI_BGI



版权声明：

本手册版权属于深圳华大智造科技股份有限公司所有，未经本公司书面许可，任何其他个人或组织不得以任何形式将本手册中的各项内容进行复制、拷贝、编辑或翻译为其他语言。本手册中所有商标或标识均属于深圳华大智造科技股份有限公司及其提供者所有。