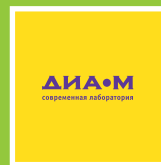


# Технологии транскриптомного анализа

## Надежно и доступно!



**Lexogen** предлагает продукцию для различных методов анализа РНК: наборы для полнотранскриптомного секвенирования, построения экспрессионного профиля, амплификации полноразмерных кДНК, выделения РНК, обогащения фракции мРНК и удаления нецелевых фракций РНК (рибосомальной и пр.), а также ПО для обработки результатов секвенирования РНК. Наборы **Lexogene** отличаются отменным качеством и доступными ценами. Наборы стандартов РНК – уникальны и используются производителями секвенаторов для контроля сиквенса.



### Контрольные синтетические РНК SIRVs-Spike-in RNA Variant Control Mixes

**Spike-in** РНК-пробы предназначены для нормализации гибридуемых РНК, валидации количественных результатов РНК-секвенирования.

- 69 транскриптов для альтернативного сплайсинга, промоторных и полиаденилированных областей, перекрывающихся генов и антисенс-транскрипции
- Количественный анализ экспрессии на транскрипционном уровне

### Подготовка библиотек при построении экспрессионного профиля QuantSeq 3' mRNA-Seq FWD

Набор для полногеномного анализа экспрессии генов.

- Выгодная альтернатива микрочипам и стандартным наборам для секвенирования РНК
- Высокая воспроизводимость и чувствительность к транскриптам с низким уровнем представленности
- Для анализа достаточно 100 пг суммарной РНК (в т.ч. из гистологических препаратов, фиксированных в формалине)
- Бесплатный анализ данных на платформе Bluebee genomics analysis
- Секвенирование методом одиночных прочтений до 384 образцов на одной дорожке

### Построение экспрессионного профиля и анализ 3'-нетранслируемых областей QuantSeq 3' mRNA-Seq REV

Анализ 3'-нетранслируемых областей и исследование альтернативного полиаденилирования.

- Достаточно 10 нг суммарной РНК
- Бесплатный анализ данных на платформе Bluebee genomics analysis
- Выгодное секвенирование до 384 образцов на одной дорожке (методом одиночных или парных прочтений)

### Таргетное секвенирование РНК QuantSeq-Flex V2

Многофункциональный набор для таргетного секвенирования и молекулярного бар-кодирования.

- Идентификация известных и неизвестных химерных транскриптов
- Возможность применения пользовательских праймеров для синтеза первой и/или второй цепи
- Выгодная и гибкая альтернатива готовым панелям для секвенирования

## Приготовление полнотранскриптомных библиотек SENSE mRNA-Seq

Набор включает все необходимые компоненты, в т.ч. для селекции поли-А РНК, очистки и бар-кодирования.

- Специфичность – более 99.9%
- Методика, не требующая фрагментации
- Получение готовой к секвенированию библиотеки занимает не более 5 часов
- Достаточно 1 нг суммарной РНК

## Приготовление полнотранскриптомных библиотек SENSE Total RNA-Seq

- Специфичность > 99.9%
- Достаточно 0,5 нг полиА-обогащенной РНК (в т.ч. деградированной или из гистологических препаратов)
- Предлагается также в комплекте с набором **RiboCop** (для элиминации рибосомальной РНК).

## Элиминация рибосомальной РНК RiboCop rRNA Depletion Kit

Набор позволяет эффективно элиминировать из препарата РНК фракцию рибосомальной РНК; для биологических материалов различных организмов (человек, мышь, крыса), а также для фрагментированной РНК или РНК из гистологических препаратов.

- Простая методика, не требующая ферментативной обработки препарата
- Полученный образец РНК пригоден для получения NGS-библиотек
- Количество стартового препарата РНК – от 1 нг

## Аmplification полноразмерных кДНК TeloPrime Full-Length cDNA Amplification Kit

Набор для получения NGS-библиотек (в т.ч. для PacBio), RACE (быстрая амплификация концов кДНК) и клонирования; даёт возможность амплифицировать полноразмерные специфические кДНК.

- Высокая специфичность к 5'-кэп-структурам
- Количество РНК-матрицы – 1 нг–2 мкг

## Набор для выделения РНК SPLIT-RNA Extraction Kit

Набор обеспечивает получение высококачественной РНК (суммарная РНК, а также главная и минорные фракции РНК) для дальнейших экспериментов.

- Не требуется ДНКазная обработка, нет деградации РНК
- Нет загрязнения препарата геномной ДНК

## Обогащение препарата РНК поли(А)-фракцией Poly (A) RNA Selection - RNA Enrichment Kit

Набор обеспечивает специфическое выделение поли(А) РНК.

- Быстрая процедура на основе магнитных частиц и простое масштабирование протокола выделения
- Полученный препарат РНК пригоден для любых экспериментов, в том числе для секвенирования

## ПО для анализа данных секвенирования РНК Mix2

ПО **Mix2** обеспечивает точное и быстрое определение концентрации транскрипта и воспроизводимые результаты при разных условиях, точное определение уровня дифференциальной экспрессии; требует небольшой объём памяти.

**000 «Диаэм»**

Москва

ул. Магаданская, д. 7, к. 3 ■ тел./факс: (495) 745-0508 ■ sales@dia-m.ru

[www.dia-m.ru](http://www.dia-m.ru)

**С.-Петербург**  
+7 (812) 372-6040  
spb@dia-m.ru

**Новосибирск**  
+7 (383) 328-0048  
nsk@dia-m.ru

**Воронеж**  
+7 (473) 232-4412  
vrn@dia-m.ru

**Йошкар-Ола**  
+7 (927) 880-3676  
nba@dia-m.ru

**Красноярск**  
+7 (923) 303-0152  
krsk@dia-m.ru

**Казань**  
+7 (843) 210-2080  
kazan@dia-m.ru

**Ростов-на-Дону**  
+7 (863) 303-5500  
rnd@dia-m.ru

**Екатеринбург**  
+7 (912) 658-7606  
ekb@dia-m.ru

**Кемерово**  
+7 (923) 158-6753  
kemerovo@dia-m.ru

**Армения**  
+7 (094) 01-0173  
armenia@dia-m.ru

