

Технологии транскриптомного анализа

ДИА•М
сервисная лаборатория

LEXOGEN
Enabling complete transcriptome sequencing

Надежно и доступно!

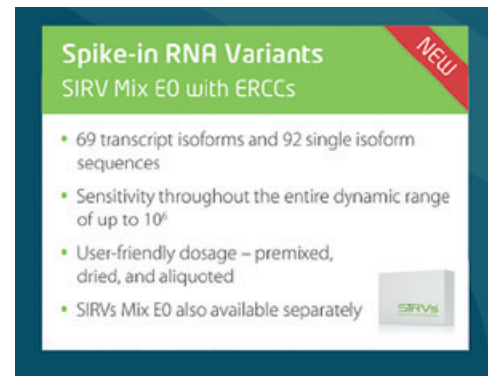
Lexogen предлагает продукцию для различных методов анализа РНК: наборы для полнотранскриптомного секвенирования, построения экспрессионного профиля, амплификации полноразмерных кДНК, выделения РНК, обогащения фракции мРНК и удаления фракции рибосомальной РНК, а также ПО для обработки результатов секвенирования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

Подготовка библиотек при построении экспрессионного профиля и анализа 3'-нетранслируемых областей QuantSeq 3' mRNA-Seq REV

от 25 евро за обр.

Анализ 3'-нетранслируемых областей и исследование альтернативного полиаденилирования.

- Достаточно 10 нг суммарной РНК (в т.ч. из гистологических препаратов, фиксированных в формалине);
- 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

от 30 евро за обр.

Многофункциональный набор для таргетного секвенирования и молекулярного бар-кодирования.

- Идентификация известных и неизвестных гибридных транскриптов; возможность применения пользовательских праймеров, специфичных к интересующим генам, для синтеза первой и/или второй цепи кДНК;
- выгодная и гибкая альтернатива готовым панелям для секвенирования.

Подготовка библиотек при построении экспрессионного профиля с помощью NGS QuantSeq 3' mRNA-Seq FWD

от 25 евро за обр.

Набор для анализа экспрессии генов на уровне всего генома.

- Выгодная альтернатива микрочипам и стандартным наборам для секвенирования РНК;
- высокая воспроизводимость и чувствительность позволяют определять транскрипты 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**;
- выгодное секвенирование методом одиночных прочтений до 384 образцов на одной дорожке.
- техподдержка на всех этапах эксперимента – от подготовки библиотек до анализа полученных данных.

Подготовка библиотек для секвенирования коротких РНК Small RNA-Seq Library Prep

от 57 евро за обр.

- Удобный протокол, в котором РНК не нужно очищать с помощью электрофореза в геле;
- готовые для секвенирования библиотеки всего за 5 часов;
- широкий диапазон количества исходного материала – от 50 пг до 1 мг РНК;
- оптимизирован для образцов с низким содержанием РНК, таких, как плазма или сыворотка;
- в набор включены 96 уникальных баркодов.

000 «Диаэм»

www.dia-m.ru

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

Новосибирск
пр. Акад.
Лаврентьева, 6/1
тел./факс:
(383) 328-0048
nsk@dia-m.ru

Казань
ул. Парижской
Коммуны, д. 6
тел./факс:
(843) 210-2080
kazan@dia-m.ru

С.-Петербург
ул. Профессора
Попова, 23
тел./факс:
(812) 372-6040
spb@dia-m.ru

Ростов-на-Дону
пер. Семашко, 114
тел./факс:
(863) 250-0006
rnd@dia-m.ru

Пермь
Представитель
в УФО
тел./факс:
(342) 202-2239
perm@dia-m.ru

Воронеж
Представитель
тел./факс:
(473) 232-4412
voronezh@dia-m.ru

Армения
Представитель
тел.
094-01-01-73
armenia@dia-m.ru

1246 евро
за 3 реакции

Контрольные синтетические РНК SIRV Mix EO with ERCCs

- 69 изоформ транскриптов семи генов и 92 последовательности с одной изоформой;
- детекция РНК в широком динамическом диапазоне концентраций – до 10^6 ;
- удобная дозировка – транскрипты предварительно смешаны, высушены и разделены на аликвоты.

от 415 евро
за виалу

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

- Spike-in** РНК предназначены для валидации результатов РНК-секвенирования с точностью на уровне изоформы.
- 69 транскриптов для альтернативного сплайсинга, промоторных и полиадениновых областей, перекрывающихся генов и антисенс-транскрипции;
 - количественный анализ дифференциальной экспрессии генов на транскрипционном уровне.

от 38 евро
за обр.

Удаление 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 деградированной РНК или РНК из гистологических препаратов.

- Простая методика без ферментативных реакций;
- полученный образец РНК пригоден для последующей подготовки NGS-библиотек;
- количество стартового материала - от 1 нг суммарной РНК.

от 73 евро
за обр.

Аmplification полноразмерных кДНК TeloPrime Full-Length cDNA Amplification Kit

Набор для получения NGS-библиотек (в т.ч. для PacBio), зондов, RACE (быстрая амплификация концов кДНК) и клонирования.

Для амплификации полноразмерных кДНК или специфичных областей кДНК.

- Исключительная специфичность к 5'-кэп-структурам;
- количество РНК-матрицы – 1 нг–2 мкг.



Набор для выделения РНК SPLIT-RNA Extraction Kit

Набор для выделения высококачественной РНК (суммарной РНК или отдельных фракций длинных и коротких РНК) для дальнейших экспериментов, где качество РНК является важным параметром.

- Не требуется ДНКазная обработка, которая может вызвать деградацию РНК;
- нет загрязнения препарата геномной ДНК.

от 8 евро
за обр.

от 33 евро
за обр.

Подготовка стандартных РНК библиотек для покрытия всей длины мРНК. SENSE mRNA-Seq

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

- Специфичность определения транскриптов с обеих цепей ДНК > 99,9%;
- методика, не требующая фрагментации;
- получение готовой к секвенированию библиотеки занимает не более 5 часов;
- достаточно 1 нг суммарной РНК.

от 273 евро
за обр.

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.

от 28 евро
за обр.

Подготовка стандартных РНК библиотек для покрытия всей длины транскрипта SENSE Total RNA-Seq

- Специфичность определения транскриптов с обеих цепей ДНК > 99,9%;
- достаточно 0,5 нг поли(А)-обогащенной РНК или РНК с удалённой рибосомальной РНК (в т.ч. деградированной или из гистологических препаратов);
- предлагается также в комплекте с набором **RiboCop** (для удаления рибосомальной РНК).

ПО для анализа данных секвенирования РНК Mix2

- точное и быстрое определение концентрации транскриптов;
- воспроизводимые результаты при разных условиях;
- точное определение уровня дифференциальной экспрессии;
- требует небольшого объёма памяти.
- на основе командной строки.