

# RNA Sequencing方法の比較

	Stranded mRNA Sequencing	RNA Exome Sequencing	Stranded Total RNA Sequencing
解析対象RNA または領域	poly A RNA	全遺伝子 (21,415) の Coding Exon	poly A RNA non-coding RNA
RNA精製方法	poly A RNA精製	—	rRNA除去 (Ribo-Zero kit使用)
対象領域の濃縮	—	キャプチャ法	—
ライブラリ作製 キット	TruSeq Stranded mRNA Library Prep	TruSeq RNA Exome	TruSeq Stranded Total RNA Library Prep
推奨total RNA量	3 $\mu$ g	500 ng	3 $\mu$ g
FFPE由来RNA対応	—	○	○
推奨リード数	40M~	40M~	100M~
特徴	<ul style="list-style-type: none"> <li>・最もスタンダードな手法。</li> <li>・分解の見られるRNAは適さない。</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>・分解の見られるRNAでも解析可能。</li> <li>・コーディング領域のみを濃縮して解析。</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>・分解の見られるRNAでも解析可能。</li> <li>・polyAを持たないタイプのnon-coding RNAもシーケンス可能。</li> </ul>