

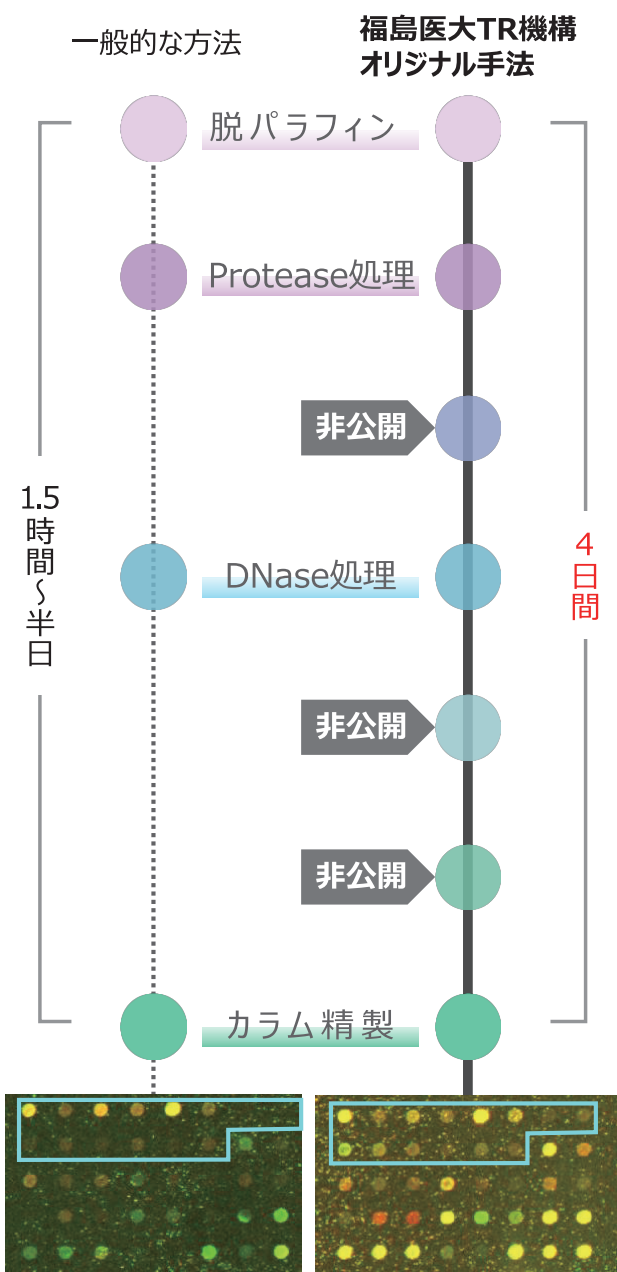


ホルマリン固定パラフィン包埋(FFPE)サンプルtotal RNA抽出 および遺伝子発現解析サポートサービス

💡 研究室に眠っているサンプルをタカラに変えませんか？

- ✓ FFPEサンプルから遺伝子発現解析可能なtotal RNAを抽出します
- ✓ 25年以上前のFFPEサンプルからも解析可能なtotal RNAを抽出した実績があります
- ✓ 93.7%のサンプルで充分量のRNAと発現データを取得した実績があります

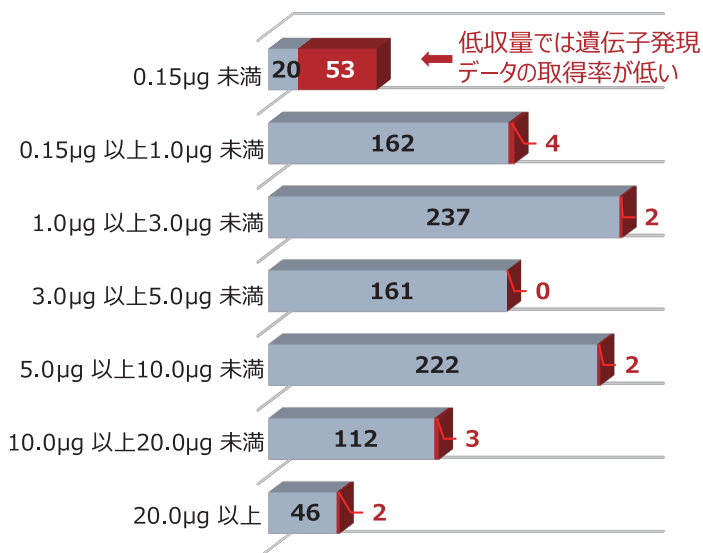
total RNA抽出方法の比較



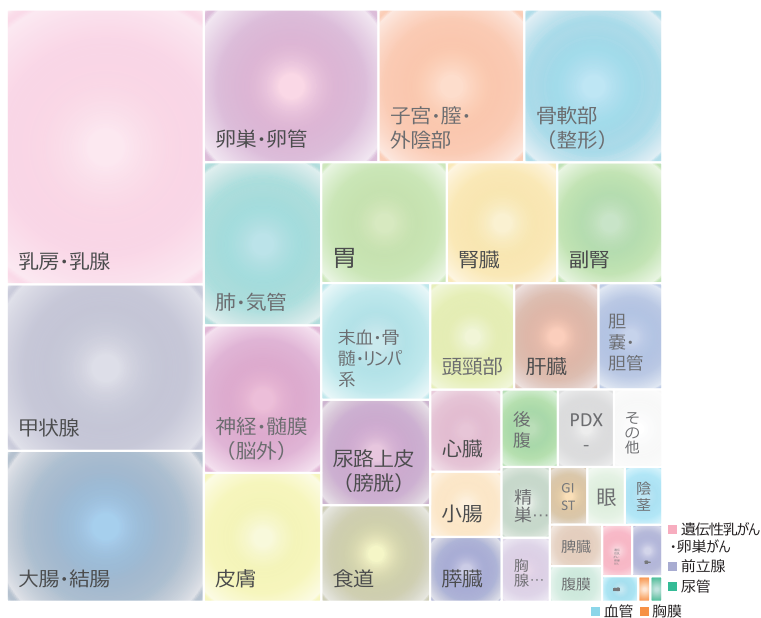
福島医大TR機構オリジナル方法で抽出したtotal RNAを用いた場合、ハウスキーピング遺伝子 (□) のシグナルはほとんど変動せず安定している一方、その他のスポットでは検体由来の発現シグナル (赤色) が増加した。

抽出実績

- 同一条件下(切片の厚さ10 μmを15枚)でのRNA収量 (遺伝子発現データ: ■ 取得可 ■ 取得不可)

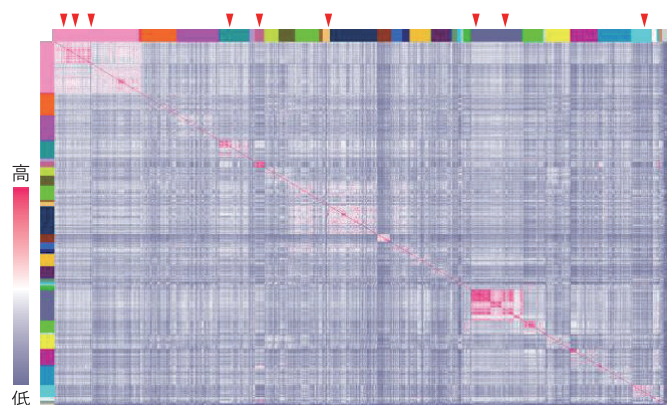


- 遺伝子発現プロファイルを取得したサンプルの組織別構成



● Pearson相関係数による相関行列

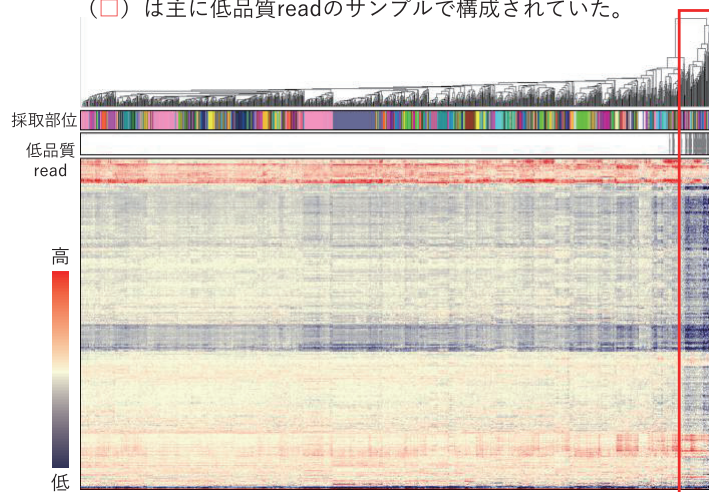
分散上位2,000遺伝子によるサンプル間Pearson相関行列。
相関の高さは発現パターンの類似性とデータ品質を反映する。
同一採取部位のサンプルが高い類似性を示したが、低品質read
のサンプルでは相関が低下した（一部表示；▼）



【採取部位の色分け】
 ■ 乳房・乳腺 ■ 子宮・膈・外陰部 ■ 卵巣・卵管 ■ 遺伝性乳がん+卵巣がん ■ 肺・気管 ■ 胸腺 ■ 胸膜 ■ 頭頸部 ■ 心臓 ■ 食道 ■ 胃 ■ GIST
 ■ 小腸 ■ 大腸・結腸 ■ 肝臓 ■ 胆嚢・胆管 ■ 膵臓 ■ 腎臓 ■ 尿管 ■ 膀胱 ■ 前立腺 ■ 精巣 ■ 陰茎 ■ 腹膜 ■ 後腹膜 ■ 甲状腺 ■ 副腎 ■ 眼科
 ■ 皮膚 ■ 脳・神経 ■ 骨軟部(整形) ■ 末梢血・骨髓・リンパ節 ■ 脾臓 ■ 血管 ■ PDX-由来 □ その他

● 階層的クラスタリング

発現差の大きい3,426遺伝子によるサンプル間の階層的クラスタリング。類似性と群のまとまりを示す。
採取部位ごとのまとまりが確認されたが、離れたクラスター
（□）は主に低品質readのサンプルで構成されていた。



一定以上のtotal RNAが得られたサンプルでは、RNA量の大小にかかわらず約96～100%の安定した発現データを取得しています。一方で、極端に低収量のサンプルでは、cDNAライブラリー濃度が不足し、データ取得率が約27.6%まで低下することがあります。また、シーケンスread品質が低いサンプルでは、Pearson相関係数が低く、階層的クラスタリングでも異常な位置に分類される傾向が見られます。

そのため当機構では、RNA収量とシーケンスread品質の2つをQC指標とし、発現データの再現性と信頼性を満たすサンプルのみを提供しています。

FAQ

よくいただく質問にお答えいたします

Q FFPEブロックの最長保存期間は何年ですか？古くてもtotal RNAは抽出できますか？

A 最長29年間です。25年以上保管したサンプルは3検体とも十分なRNAの収量があり、無事に発現データを取得しています

Q 採取部位によってtotal RNA収量に偏りはありますか？

A 採取部位によっては傾向があります。
特に脳・髄膜、眼、動脈、胆管・胆嚢では他の組織に比べて同体積でも収量が低くなる傾向があります。一方で、肝臓、卵巣、精巣、大腸では収量が多くなる傾向が見られます。

≫≫ ご不明点、ご質問がございましたらお気軽にお問い合わせください。

✉ 連絡先 ☎

一般財団法人 福島医大トランスレーショナルリサーチ機構

✉ メールアドレス
tlo@ftrf.jp

🌐 ウェブサイト
https://ftrf.jp/

