

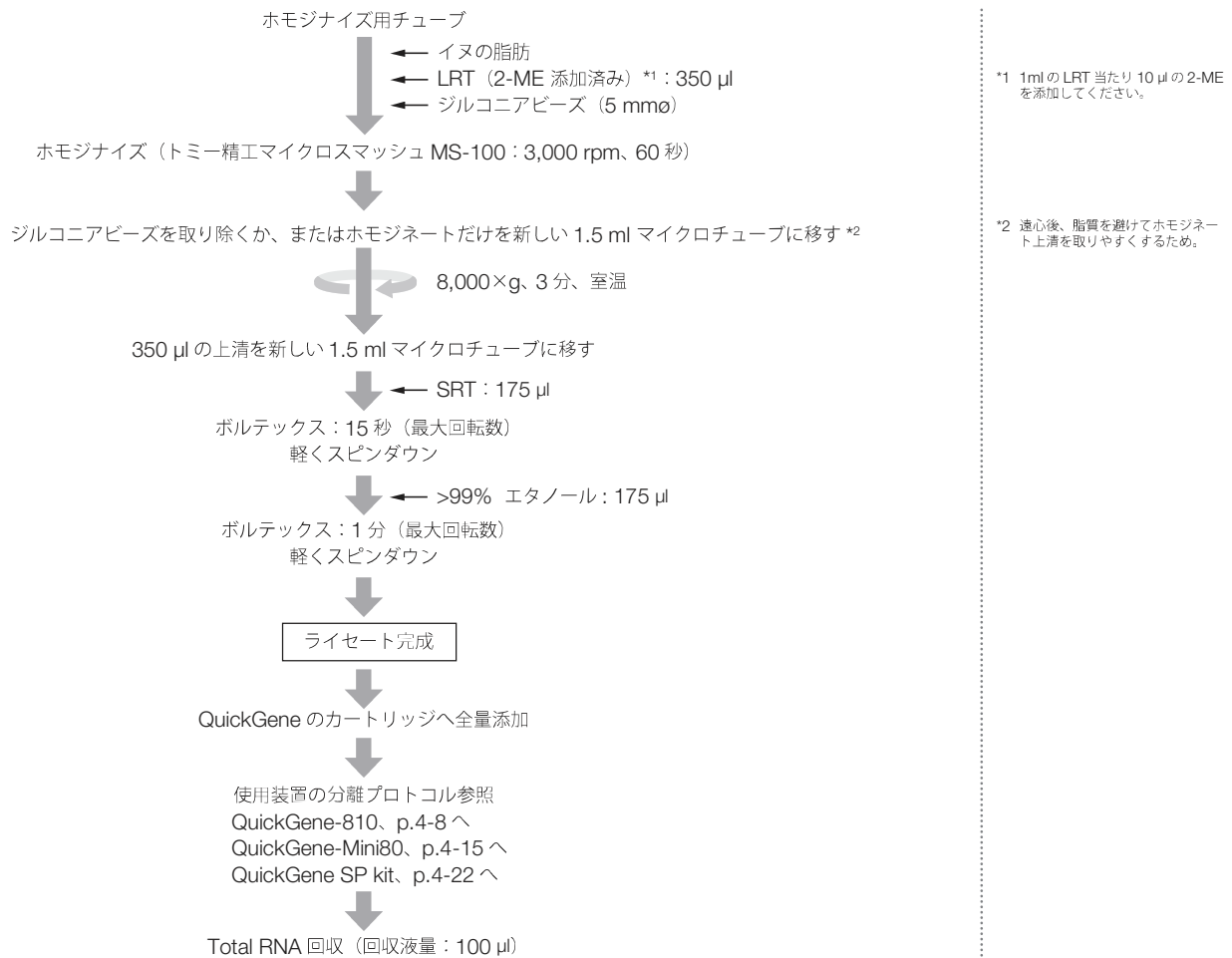
3-XI-ii 章

動物組織からの total RNA分離

RA-b-1

イヌの脂肪組織からの total RNA分離

プロトコル



結果

イヌあるいはネコの脂肪組織から total RNA を分離した。

電気泳動図

データなし

Total RNA の収量

組織の量	QuickGene (µg)	競合 A 社キット (µg)
30 mg	0.5	0.8
100 mg	2.3	-
200 mg	4.6	4.2
400 mg	28.0	-

タンパク質の混入 : A260/280

組織の量	QuickGene (µg)	競合 A 社キット (µg)
30 mg	1.88	1.58
100 mg	2.12	-
200 mg	2.16	2.17
400 mg	2.00	-

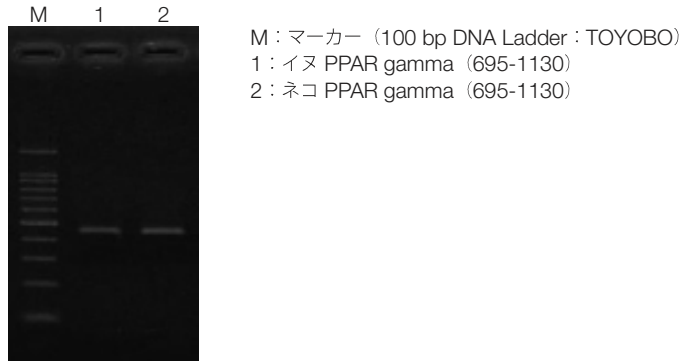
■ カオトロピック塩の混入：A260/230

データなし

■ その他

• RT-PCR

QuickGene システムを用いて、イヌやネコの脂肪組織から分離された total RNA に対して、イヌ PPAR gamma (695-1130) あるいはネコ PPAR gamma (695-1130) に対する RT-PCR 増幅を ReverTra Ace (TOYOBO) を用いて行った。



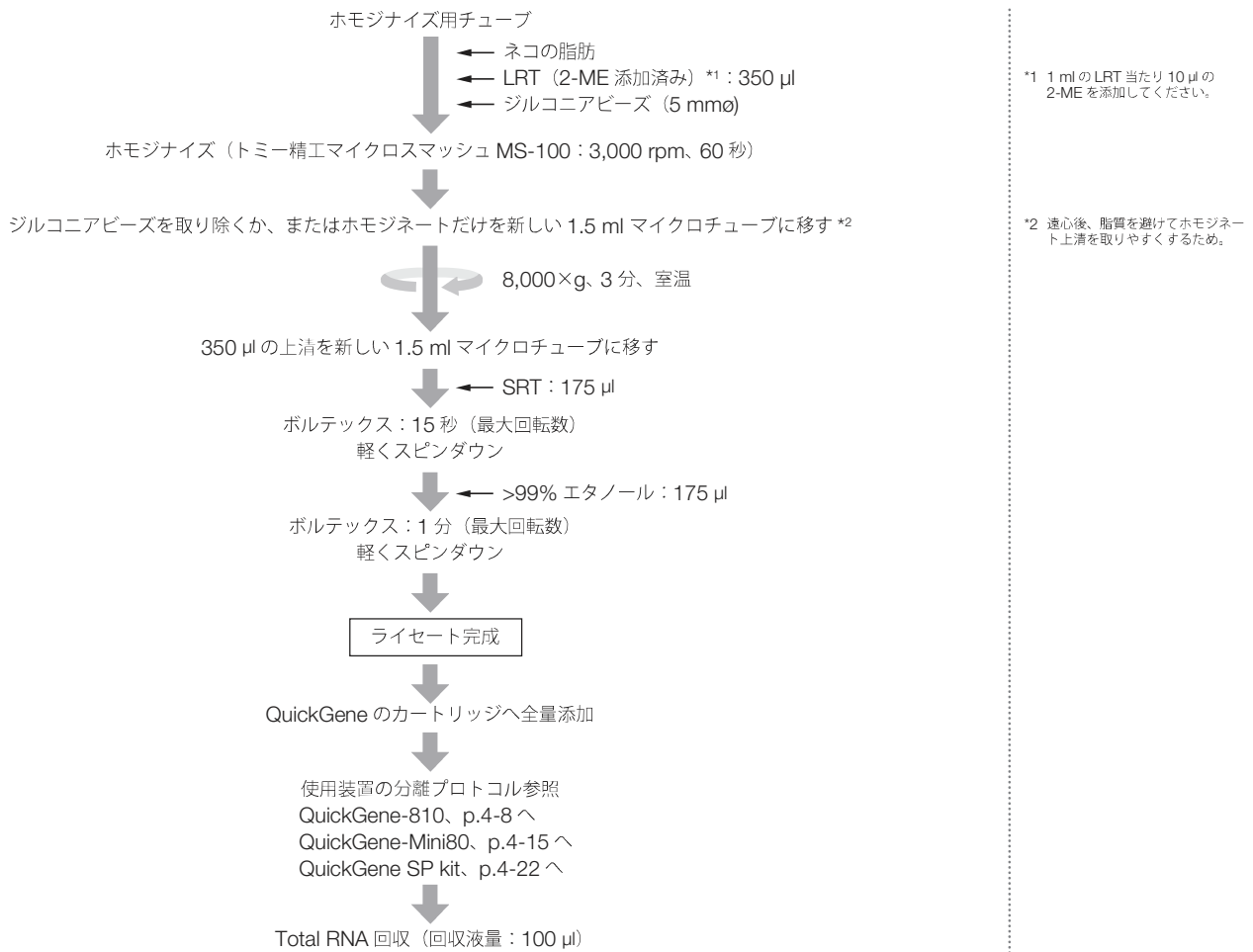
■ 共通プロトコルサンプル

イヌの皮膚、ネコの脂肪組織

RA-b-2

ネコの脂肪組織からの total RNA分離

プロトコル



結果

イヌあるいはネコの脂肪組織から total RNA を分離した。

電気泳動図

データなし

Total RNA の収量

組織の量	QuickGene (µg)	競合 A 社キット (µg)
30 mg	0.5	0.8
100 mg	2.3	-
200 mg	4.6	4.2
400 mg	28.0	-

タンパク質の混入 : A260/280

組織の量	QuickGene (µg)	競合 A 社キット (µg)
30 mg	1.88	1.58
100 mg	2.12	-
200 mg	2.16	2.17
400 mg	2.00	-

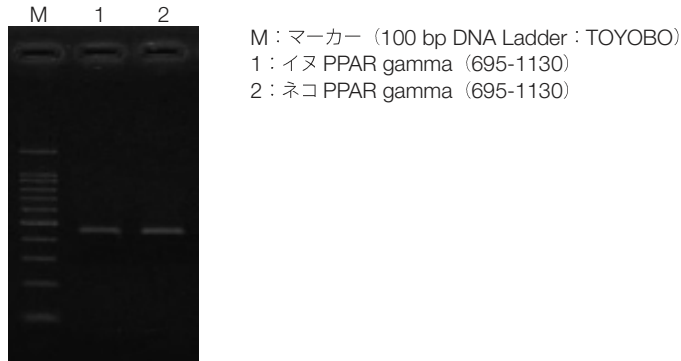
■ カオトロピック塩の混入：A260/230

データなし

■ その他

• RT-PCR

QuickGene システムを用いて、イヌやネコの脂肪組織から分離された total RNA に対して、イヌ PPAR gamma (695-1130) あるいはネコ PPAR gamma (695-1130) に対する RT-PCR 増幅を ReverTra Ace (TOYOBO) を用いて行った。



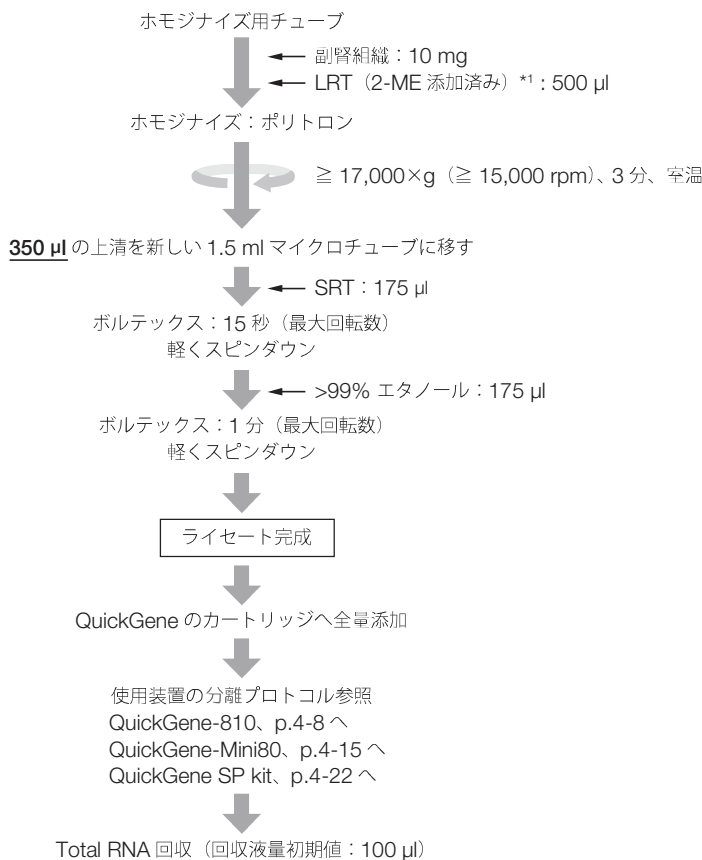
■ 共通プロトコルサンプル

イヌの皮膚、イヌの脂肪組織

RA-b-3

マウスの副腎からの total RNA分離

プロトコル



*1 1 ml の LRT 当たり 10 µl の 2-ME を添加してください。

結果

電気泳動図

データなし

Total RNA の収量

副腎の量	収量 (µg)
約 10 mg	1.0

タンパク質の混入：A260/280

副腎の量	A260/280
約 10 mg	1.5

カオトロピック塩の混入：A260/230

データなし

その他

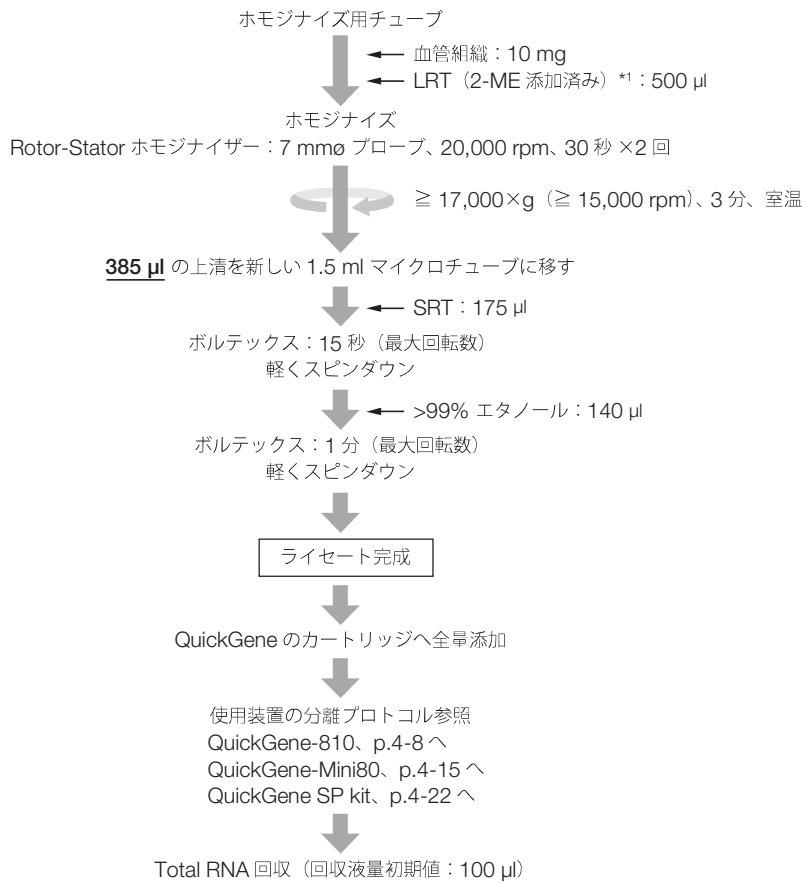
データなし

共通プロトコルサンプル

データなし

ウサギの血管からの total RNA分離

■ プロトコル

*1 1 ml の LRT 当たり 10 μ l の
2-ME を添加してください。

■ 結果

■ 電気泳動図

データなし

■ Total RNA の収量

血管の量	収量 (μ g)
10 mg	1.0

■ タンパク質の混入：A260/280

データなし

■ カオトロピック塩の混入：A260/230

データなし

■ その他

データなし

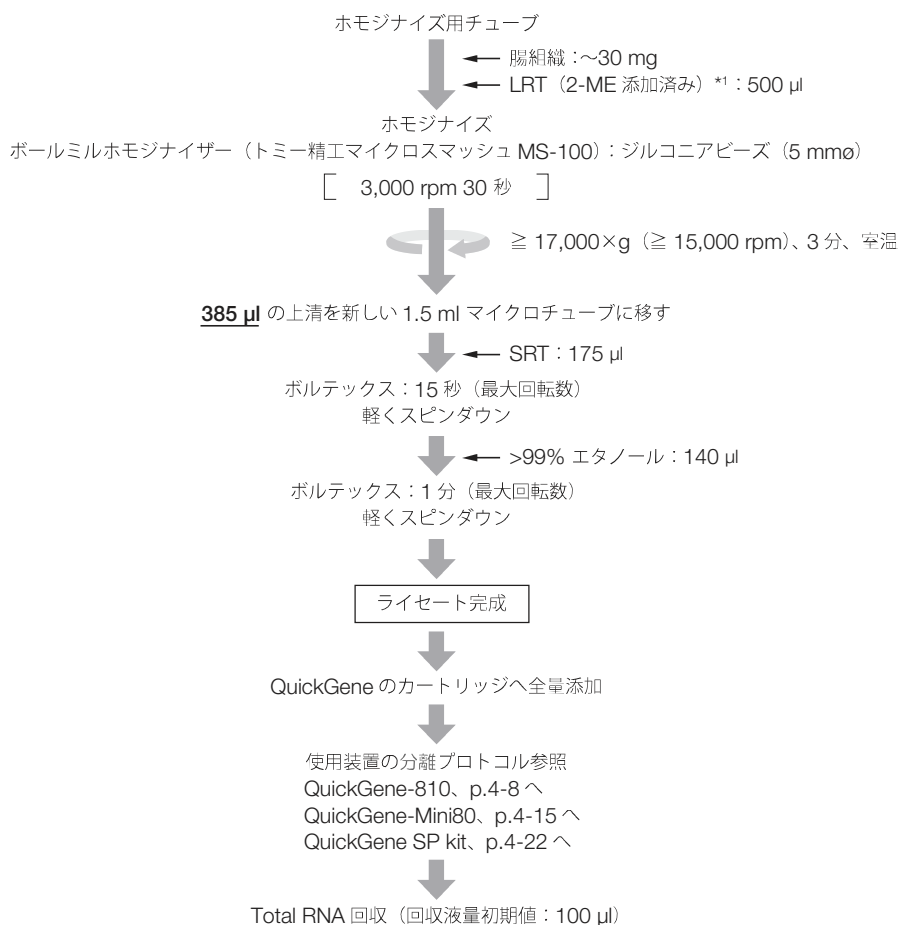
■ 共通プロトコルサンプル

データなし

RA-b-5

ネコの腸からの total RNA分離

プロトコル



*1 1 ml の LRT 当たり 10 µl の 2-ME を添加してください。

結果

電気泳動図
データなし

Total RNA の収量

腸の量	収量 (µg)
30 mg	13.8

タンパク質の混入：A260/280

腸の量	A260/280
30 mg	1.78

カオトロピック塩の混入：A260/230

データなし

その他

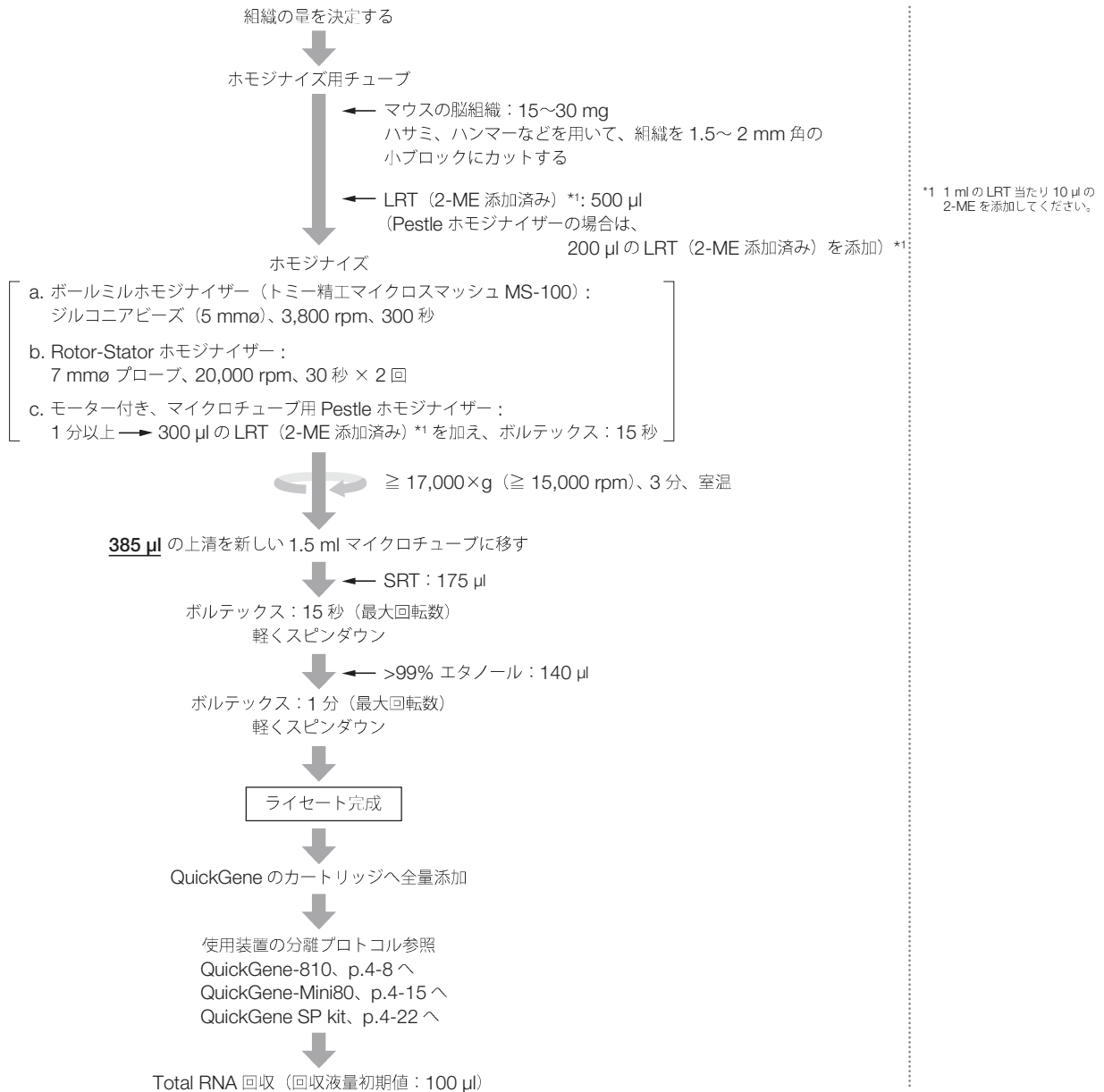
データなし

共通プロトコルサンプル

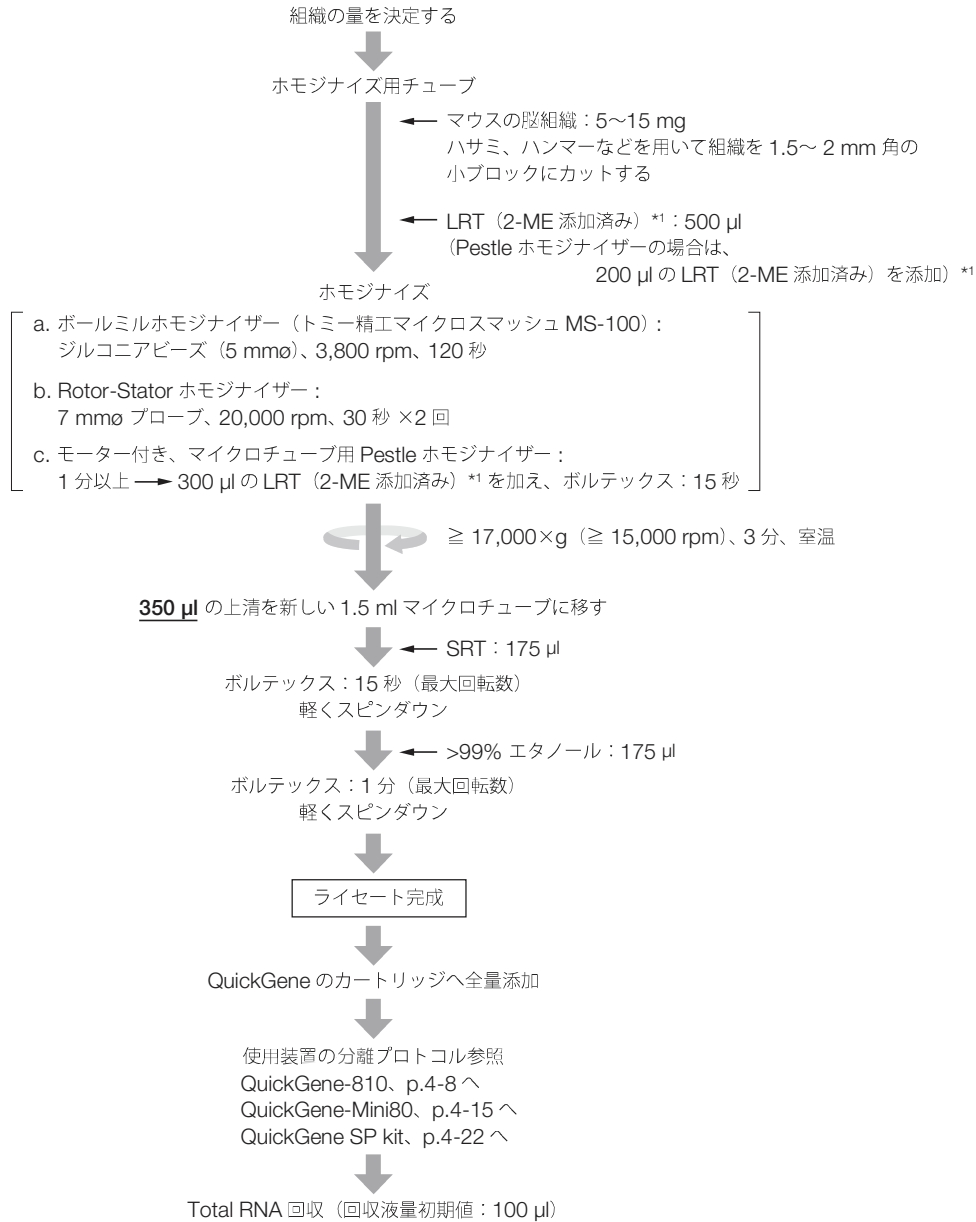
データなし

マウスの脳からの total RNA分離

| プロトコル 1 (15-30 mg)



プロトコル 2 (5-15 mg)

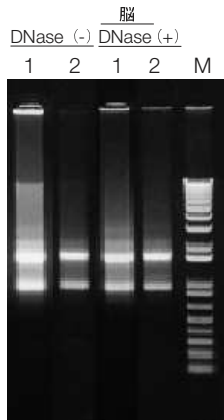


*1 1 ml の LRT 当たり 10 μ l の 2-ME を添加してください。

結果

電気泳動図

QuickGene システム（ボールミルホモジナイザーを用いて）と競合 A 社キット（スピンカラム法を用いて）、マウス脳組織から分離された total RNA で、非変性アガロースゲル電気泳動を行った。



M：マーカー（1 kb PLUS DNA Ladder：Invitrogen）
1：QuickGene（MS-100 を用いて）
2：競合 A 社キット（スピンカラム法）

< 電気泳動条件 >
1% アガロース / 1 × TAE

Total RNA の収量

組織	ボールミルホモジナイザー（MS-100）			Rotor-Stator ホモジナイザー		
	組織量	DNase (+)	DNase (-)	組織量	DNase (+)	DNase (-)
脳	40 mg	21 µg	21 µg	40 mg	20 µg	21 µg

タンパク質の混入：A260/280

組織	組織量	A260/280	
		DNase (+)	DNase (-)
脳	40 mg	2.11	2.17

カオトロピック塩の混入：A260/230

組織	組織量	A260/230	
		DNase (+)	DNase (-)
脳	40 mg	2.11	1.95

その他

• RT-PCR

QuickGene システム（ボールミルホモジナイザーを用いて）と競合 A 社キット（スピンカラム法）を用いて分離された total RNA に対して RT-PCR を行った。

< 室温反応条件 >
テンプレート：マウス脳からの Total RNA（DNase 処理あり）500 ng
酵素：SuperScript II（Invitrogen）

< PCR 条件 >
テンプレート：Total RNA（10 pg/µl）相当量の cDNA
プライマー：G3PDH プライマー
酵素：Takara Taq Hot Start Version（TaKaRa）



< 電気泳動条件 >
1% アガロース / 1 × TAE

M：マーカー（100 bp DNA Ladder：Invitrogen）
1：QuickGene
2：競合 A 社キット（スピンカラム法）

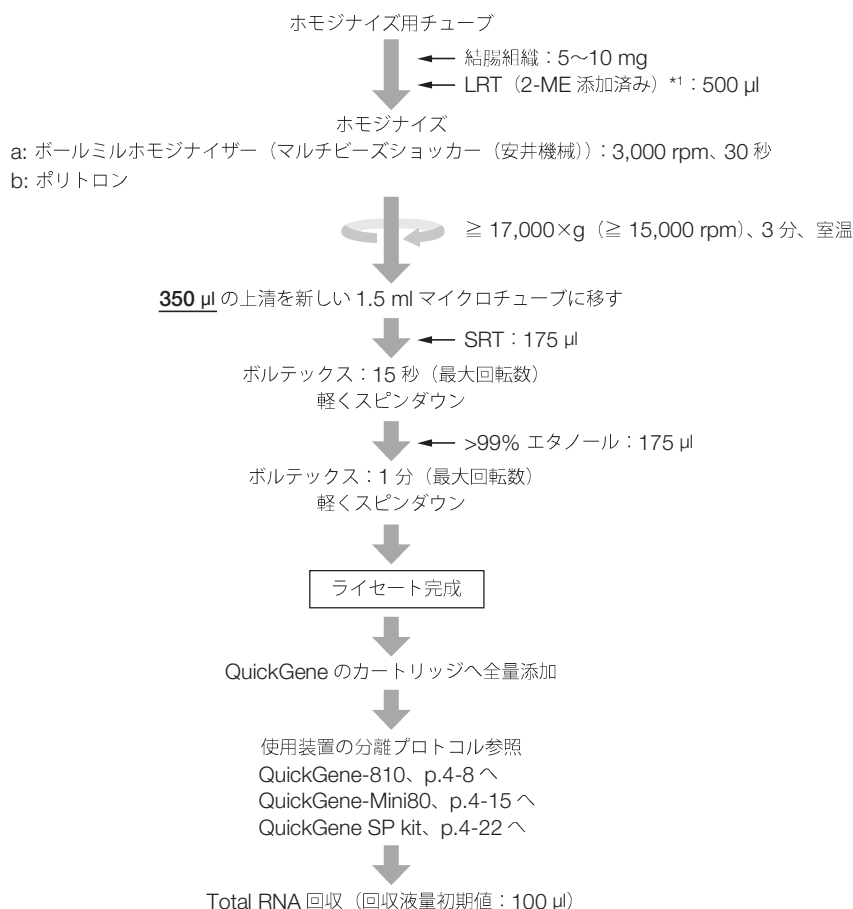
共通プロトコルサンプル

マウス精巣、マウス肝臓、マウス肺、マウス腎臓、マウス脾臓

RA-b-7

マウスの結腸からの total RNA分離

プロトコル



*1 1 ml の LRT 当たり 10 μ l の 2-ME を添加してください。

結果

■ 電気泳動図

データなし

■ Total RNA の収量

結腸の量	収量 (μ g)
a：約 5 mg	約 8.0
b：約 10 mg	3.0

■ タンパク質の混入：A260/280

結腸の量	A260/280
b：約 10 mg	2.7

■ カオトロピック塩の混入：A260/230

データなし

■ その他

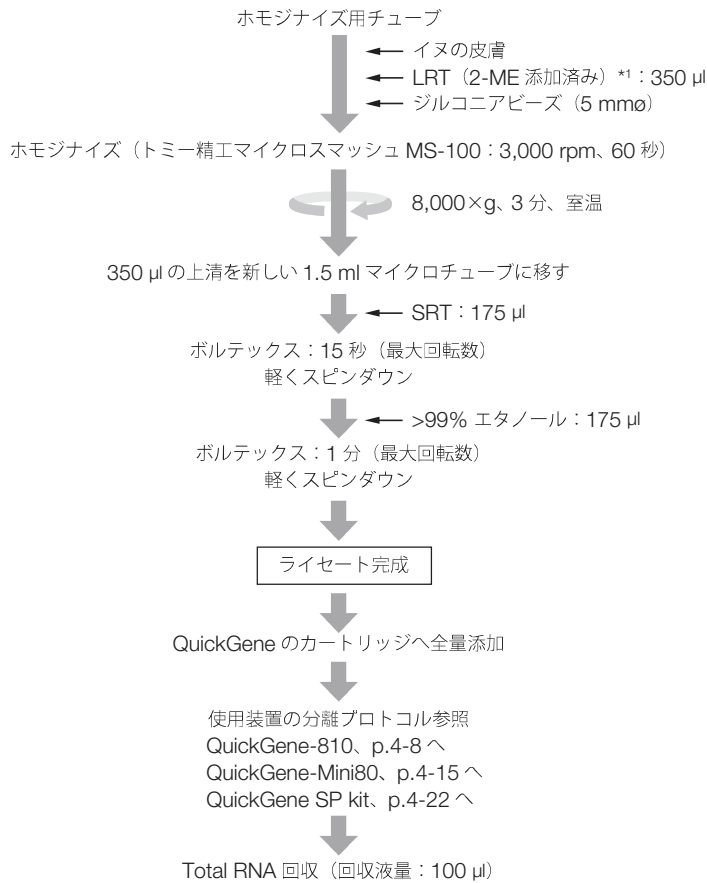
データなし

共通プロトコルサンプル

データなし

イヌの皮膚からの total RNA分離

| プロトコル



*1 1 ml の LRT 当たり 10 μ l の 2-ME を添加してください。

| 結果

■ 電気泳動図

データなし

■ Total RNA の収量

組織の量	収量 (μ g)	
	QuickGene	競合 A 社キット
1 mm ²	検出限界以下	検出限界以下

■ タンパク質の混入 : A260/280

データなし

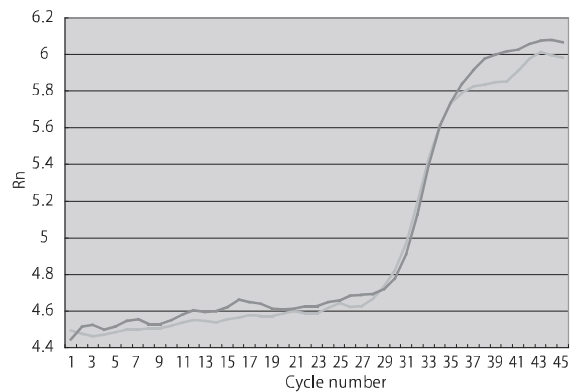
■ カオトロピック塩の混入 : A260/230

データなし

■ その他

● ワンステップ リアルタイム RT-PCR

イヌの皮膚から分離した total RNA で、QuantiTect プローブ RT-PCR キット (QIAGEN) と ABI PRISM7000 Sequence Detection system (Applied Biosystems) を使用してワンステップリアルタイム RT-PCR を行い、GAPDH を増幅した。



Total RNA の収量は、吸光光度計での測定では検出限界以下であったが、ワンステップリアルタイム RT-PCR は非常に良好な結果を示した。

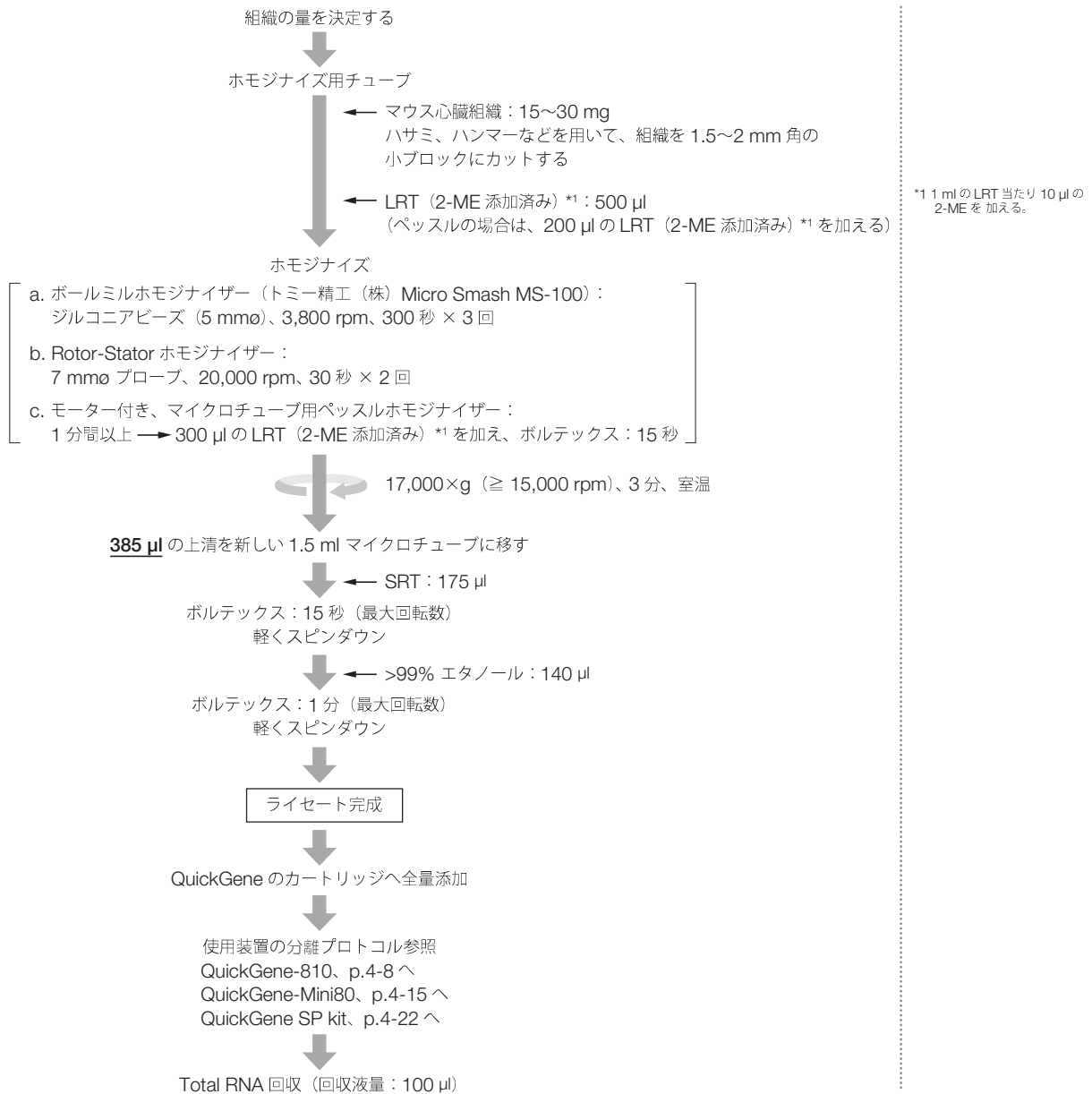
* 両方とも QuickGene システムで分離した total RNA に対するデータである。

■ 共通プロトコルサンプル

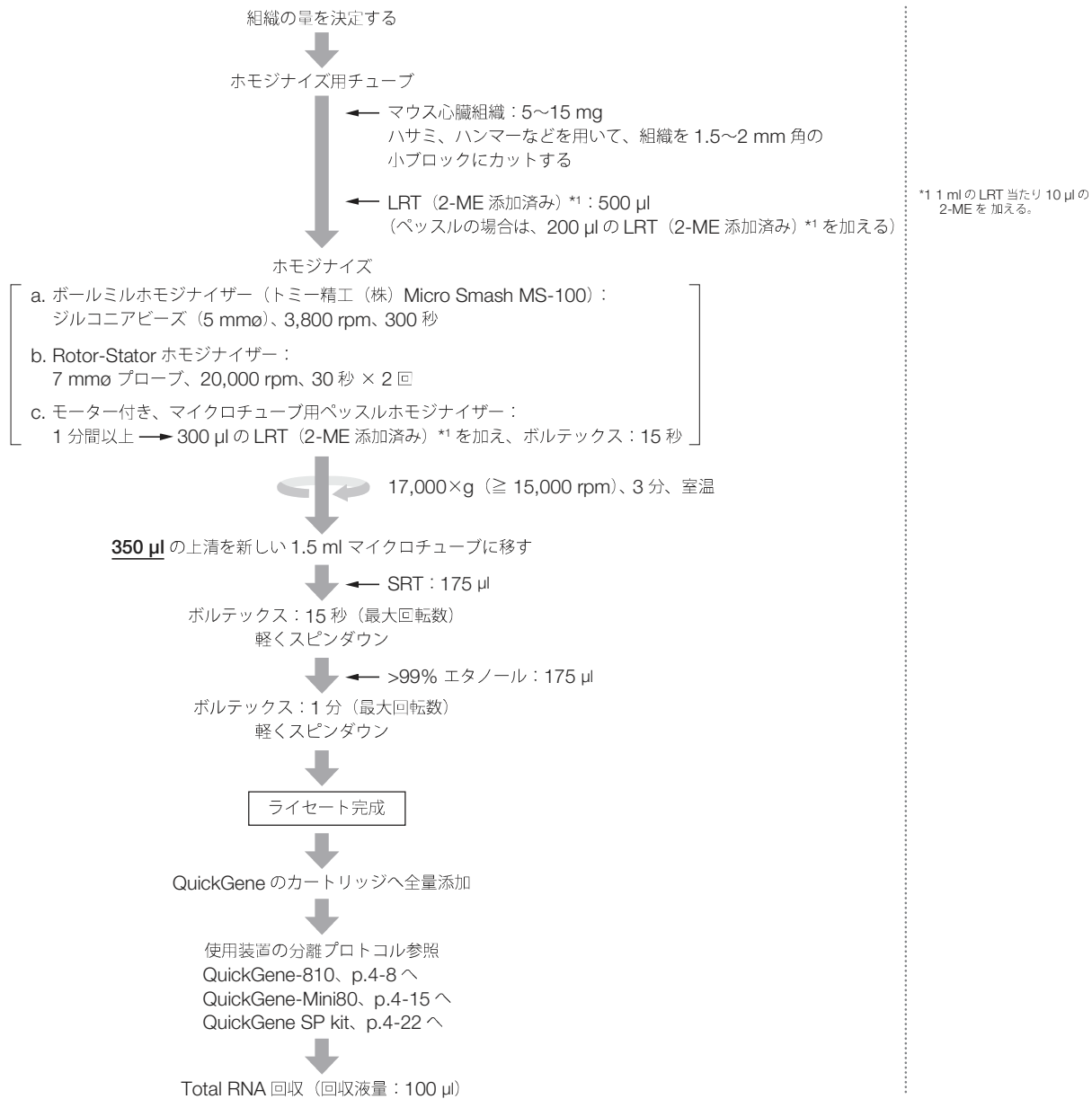
ネコの脂肪組織、イヌの脂肪組織

マウス心臓からの total RNA分離

| プロトコル 1 (15-30 mg)



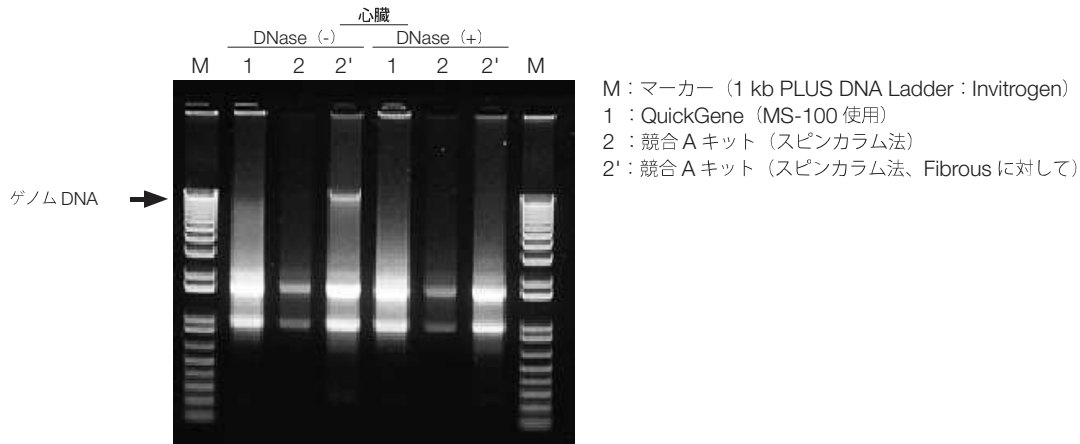
プロトコル 2 (5-15 mg)



結果

電気泳動図

Total RNA で、非変性アガロースゲル電気泳動を行った。
電気泳動条件：1% アガロース / 1 × TAE



心臓に対して、競合 A キット（スピнкаラム法）の場合よりもゲノム DNA 混入の少ない total RNA 分離が QuickGene システムで可能である。

Total RNA の収量

組織	ボールミルホモジナイザー（MS-100）			Rotor-Stator ホモジナイザー		
	組織の量	DNase (+)	DNase (-)	組織の量	DNase (+)	DNase (-)
心臓	30 mg	21 µg	23 µg	5 mg	4 µg	4 µg

タンパク質の混入：A260/280

組織	組織の量	A260/280	
		DNase (+)	DNase (-)
心臓	30 mg	2.37	2.33

（ボールミルホモジナイザー使用）

カオトロピック塩の混入：A260/230

組織	組織の量	A260/230	
		DNase (+)	DNase (-)
心臓	30 mg	2.18	2.16

（ボールミルホモジナイザー使用）

その他

• RT-PCR

Total RNA で、RT-PCR を行った。

< RT 反応条件 >

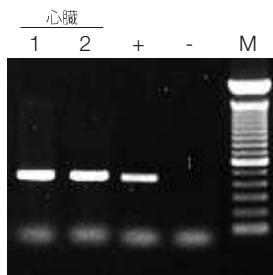
テンプレート：マウス心臓からの total RNA（DNase 処理あり）500 ng
酵素：SuperScript II（Invitrogen）

< PCR 条件 >

テンプレート：Total RNA（10 pg/µl）相当量の cDNA
プライマー：G3PDH プライマー
酵素：Takara Taq Hot Start Version（TaKaRa）

< 電気泳動条件 >

1% アガロース / 1 × TAE



M：マーカー（100 bp DNA Ladder：Invitrogen）

1：QuickGene

2：競合 A キット（スピнкаラム法）

＋：ポジティブコントロール（mLiver RNA：Clontech）

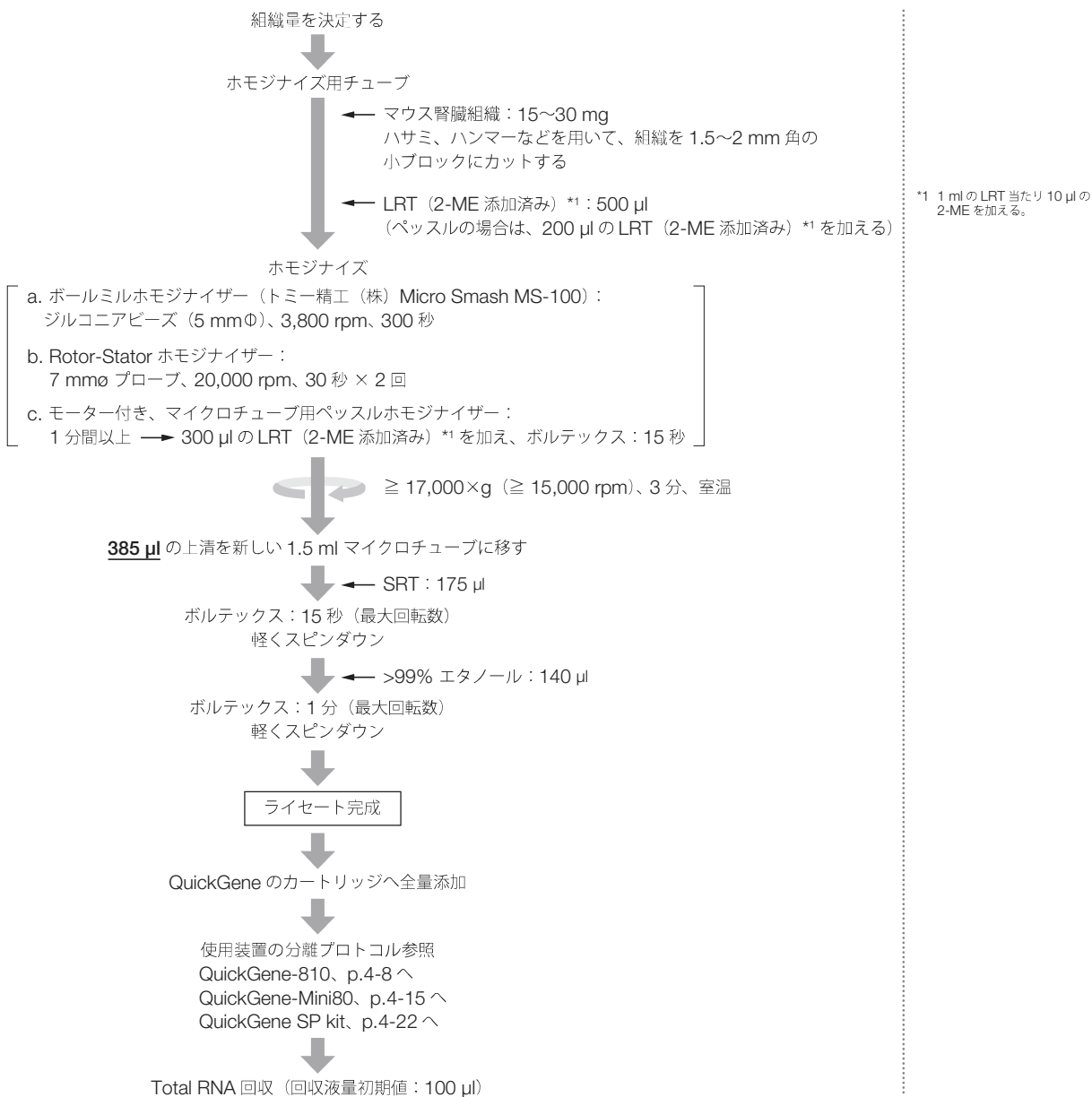
-：ネガティブコントロール（RNase-free water）

共通プロトコルサンプル

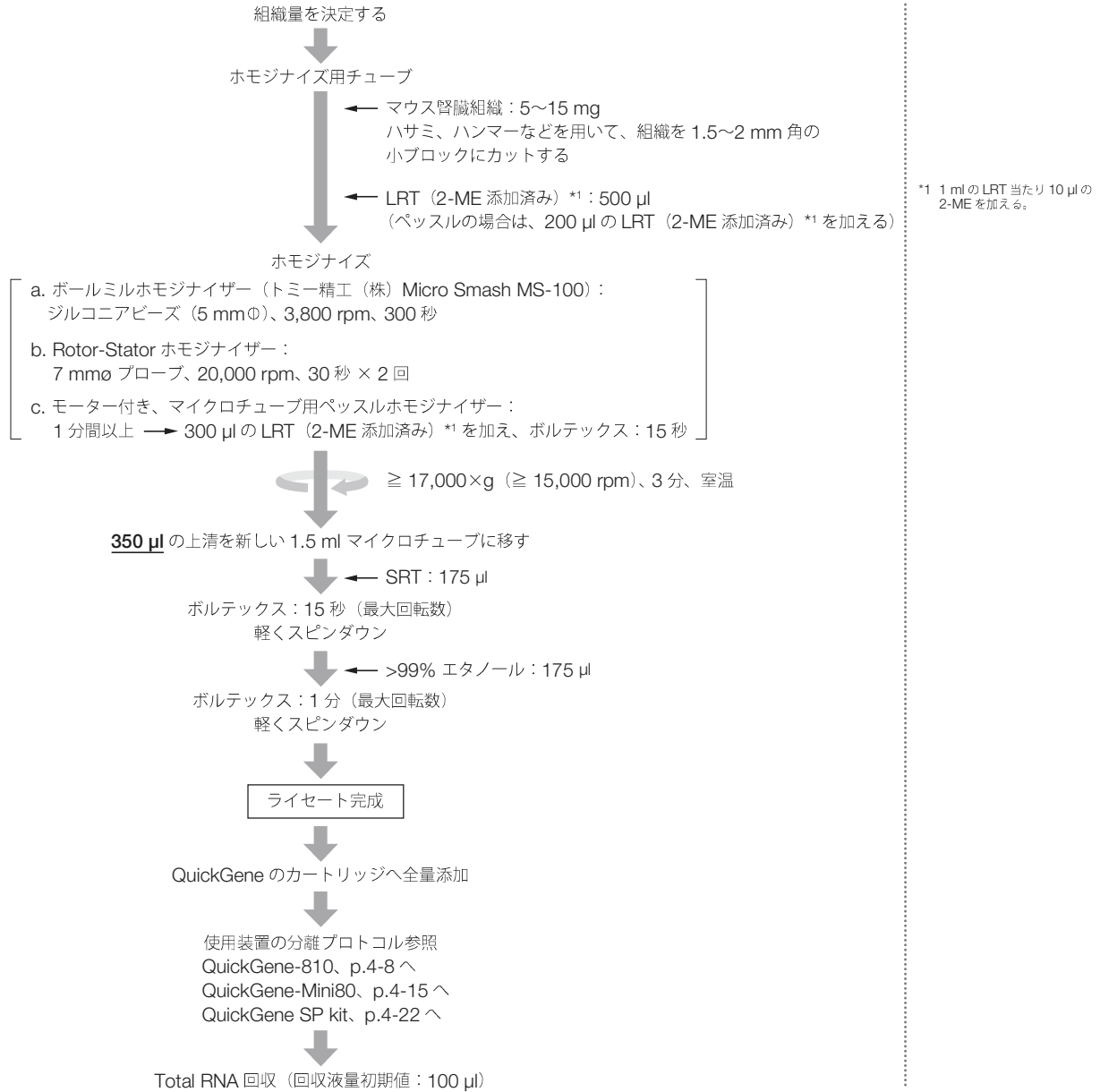
マウス小腸、マウス胃

マウスの腎臓からの total RNA分離

プロトコル 1 (15-30 mg)



プロトコル 2 (5-15 mg)

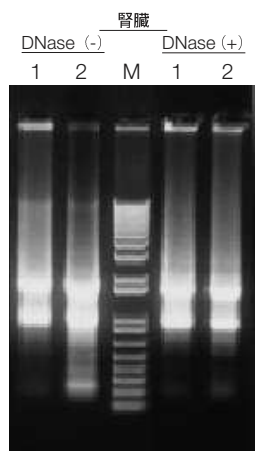


結果

電気泳動図

QuickGene システム（ボールミルホモジナイザー使用）および競合 A キット（スピнкаラム法）を用いてマウス腎臓組織から分離された total RNA で、非変性アガロースゲル電気泳動を行った。

電気泳動条件：1% アガロース / 1 × TAE



M：マーカー（1 kb PLUS DNA Ladder：Invitrogen）
1：QuickGene（MS-100 使用）
2：競合 A キット（スピнкаラム法）

Total RNA の収量

組織	ボールミルホモジナイザー（MS-100）			Rotor-Stator ホモジナイザー		
	組織の量	DNase (+)	DNase (-)	組織の量	DNase (+)	DNase (-)
腎臓	30 mg	55 µg	54 µg	5 mg	16 µg	13 µg

タンパク質の混入：A260/280

組織	組織の量	A260/280	
		DNase (+)	DNase (-)
腎臓	30 mg	2.30	2.17

カオトロピック塩の混入：A260/230

組織	組織の量	A260/230	
		DNase (+)	DNase (-)
腎臓	30 mg	2.21	2.09

その他

• RT-PCR

QuickGene システム（ボールミルホモジナイザー使用）および競合 A キット（スピнкаラム法）を用いて分離した total RNA で RT-PCR を行った。

< RT 反応条件 >

テンプレート：マウス腎臓からの total RNA（DNase 処理あり）500 ng

酵素：SuperScript II（Invitrogen）

< PCR 条件 >

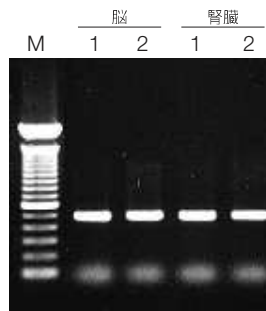
テンプレート：Total RNA（10 pg/µl）相当量の cDNA

プライマー：G3PDH プライマー

酵素：Takara Taq Hot Start Version（TaKaRa）

< 電気泳動条件 >

1% アガロース / 1 × TAE



M：マーカー（100 bp DNA Ladder：Invitrogen）

1：QuickGene

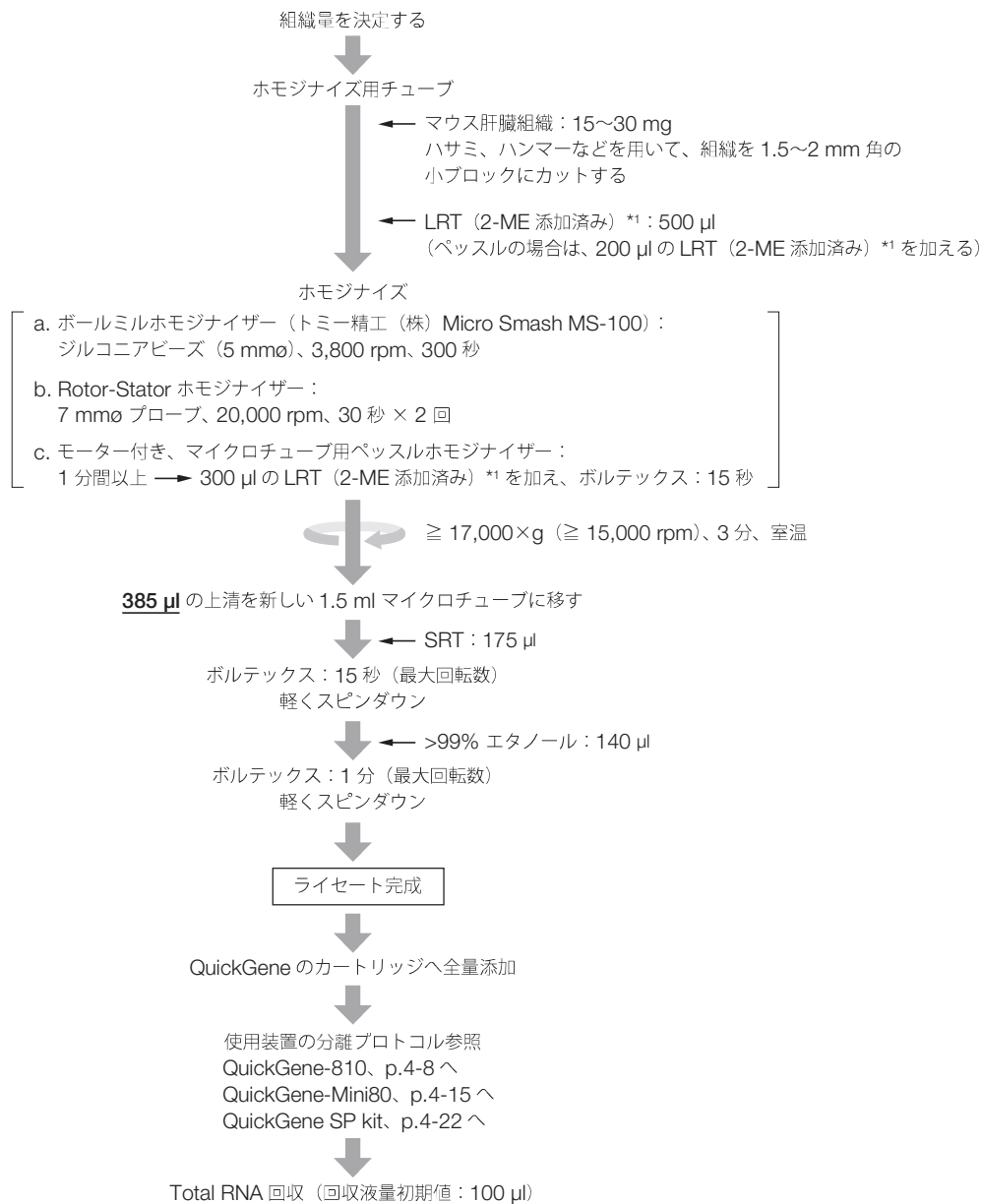
2：競合 A キット（スピнкаラム法）

共通プロトコルサンプル

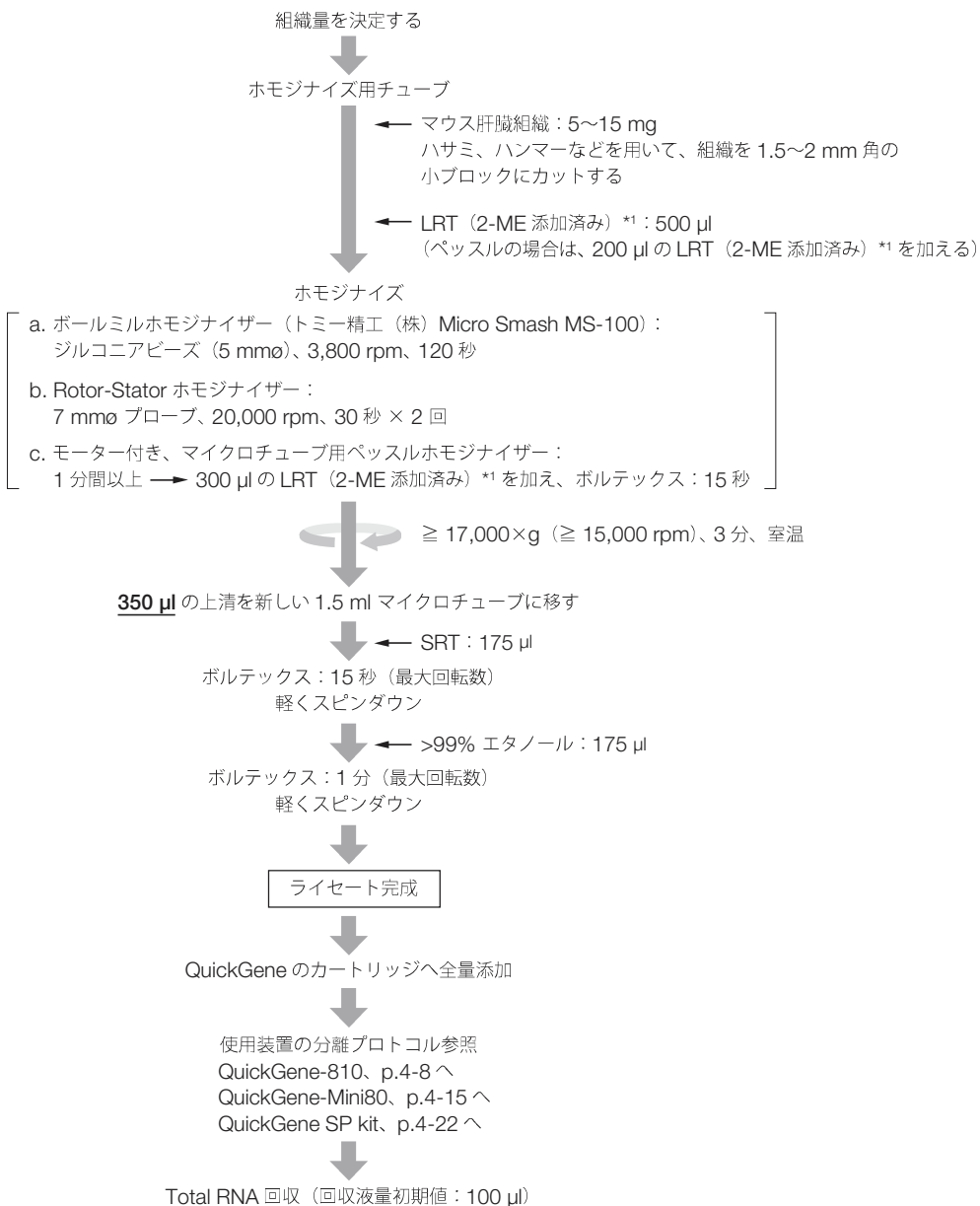
マウス精巣、マウス肝臓、マウス脳、マウス肺、マウス脾臓

マウス肝臓からの total RNA分離

| プロトコル 1 (15-30 mg)

*1 1 ml の LRT 当たり 10 μ l の 2-ME を加える。

プロトコル 2 (5-15 mg)



*1 1 ml の LRT 当たり 10 μ l の 2-ME を加える。

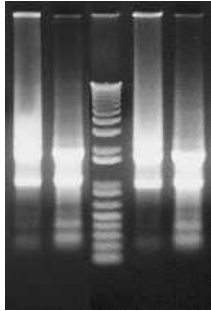
結果

電気泳動図

QuickGene システム（ボールミルホモジナイザー使用）および競合 A キット（スピнкаラム法）を用いてマウスの肝臓組織から分離した total RNA で非変性アガロースゲル電気泳動を行った。

電気泳動条件：1% アガロース / 1 × TAE

肝臓
DNase (-) DNase (+)
1 2 M 1 2



M：マーカー（1 kb PLUS DNA Ladder：Invitrogen）

1：QuickGene（MS-100 使用）

2：競合 A キット（スピнкаラム法）

Total RNA の収量

組織	ボールミルホモジナイザー（MS-100）			Rotor-Stator ホモジナイザー		
	組織の量	DNase (+)	DNase (-)	組織の量	DNase (+)	DNase (-)
肝臓	5 mg	23 µg	25 µg	5 mg	33 µg	27 µg
	30 mg	122 µg	142 µg	15 mg	54 µg	55 µg

タンパク質の混入：A260/280

組織	組織の量	A260/280	
		DNase (+)	DNase (-)
肝臓	5 mg	2.24	2.18
	30 mg	2.21	2.20

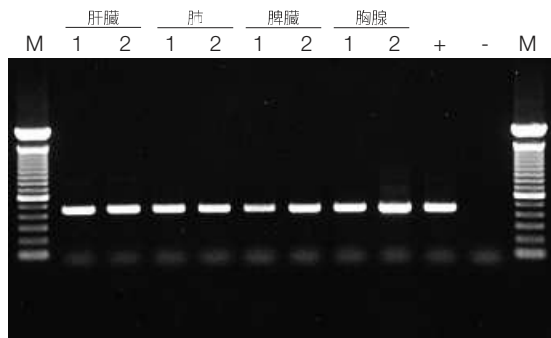
カオトロピック塩の混入：A260/230

組織	組織の量	A260/230	
		DNase (+)	DNase (-)
肝臓	5 mg	2.06	1.99
	30 mg	2.21	2.26

その他

• RT-PCR

QuickGene システム（ボールミルホモジナイザー使用）および競合 A キット（スピнкаラム法）を用いて分離した total RNA で RT-PCR を行った。



< RT 反応条件 >

テンプレート：マウス肝臓からの total RNA（DNase 処理あり）500 ng

酵素：SuperScript II（Invitrogen）

< PCR 条件 >

テンプレート：Total RNA（10 µg/µl）相当量の cDNA

プライマー：G3PDH プライマー

酵素：Takara Taq Hot Start Version（TaKaRa）

< 電気泳動条件 >

1% アガロース / 1 × TAE

M：マーカー（100 bp DNA Ladder：Invitrogen）

1：QuickGene

2：競合 A キット（スピнкаラム法）

+：ポジティブコントロール（mLiver RNA：Clontech）

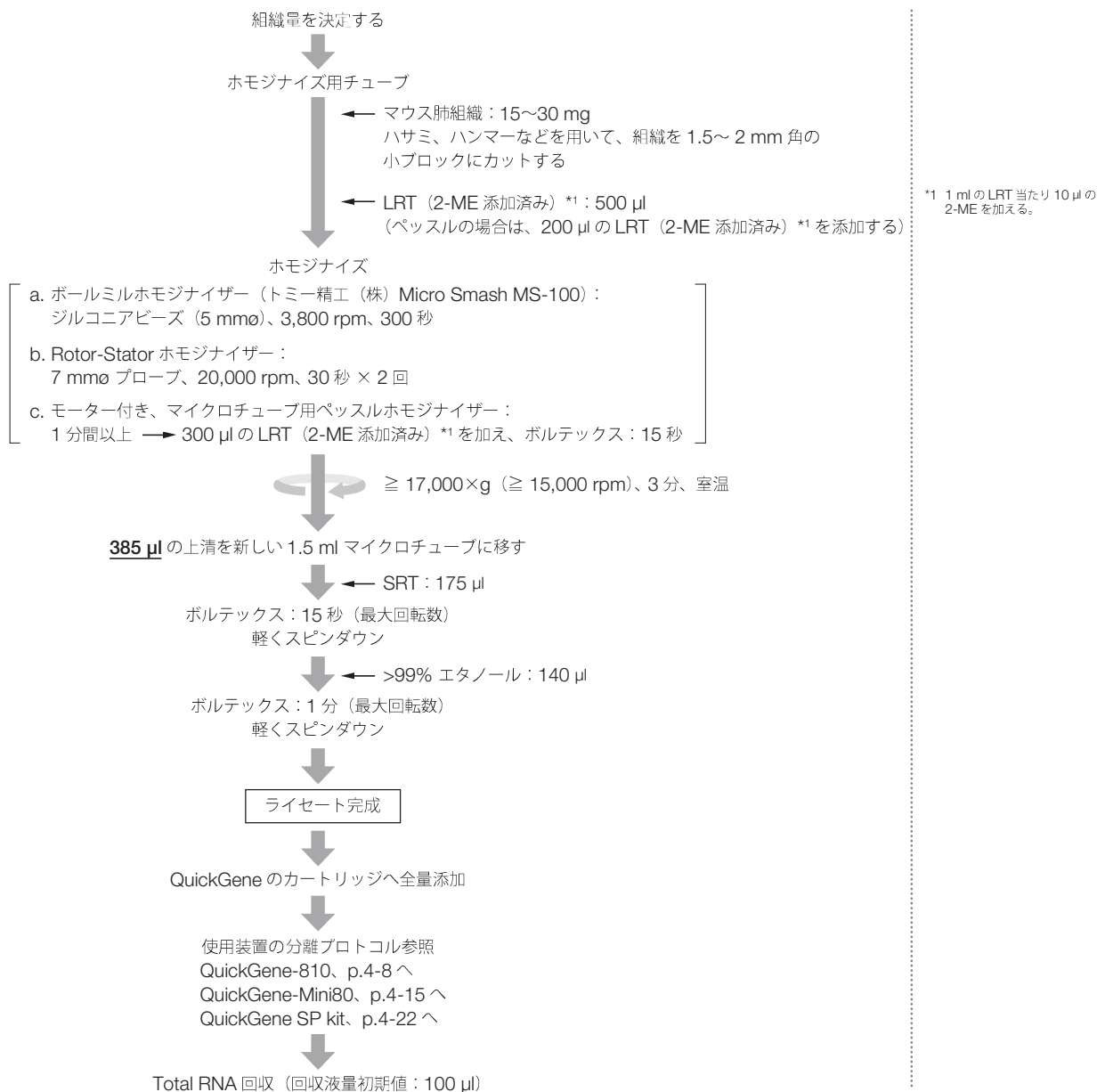
-：ネガティブコントロール（RNase-free water）

共通プロトコルサンプル

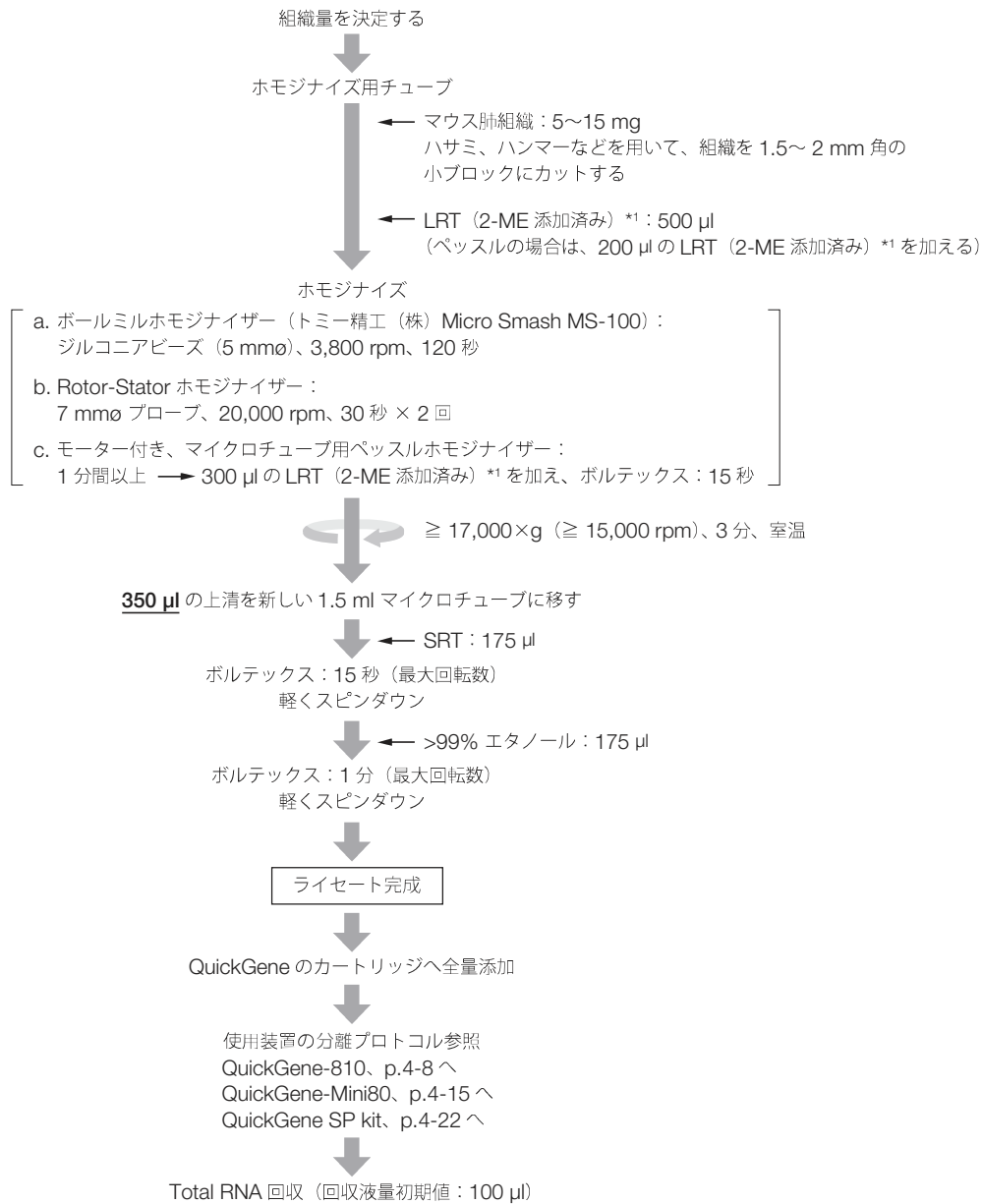
マウス精巣、マウス脳、マウス肺、マウス腎臓、マウス脾臓

マウス肺からの total RNA分離

プロトコル 1 (15-30 mg)



プロトコル 2 (5-15 mg)



*1 1 ml の LRT 当たり 10 μ l の 2-ME を加える。

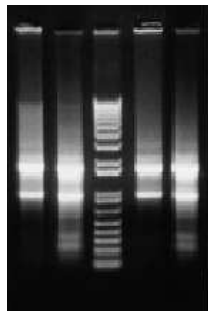
結果

電気泳動図

QuickGene システム（ボールミルホモジナイザー使用）および競合 A キット（スピнкаラム法）を用いてマウスの肺組織から分離した total RNA で非変性アガロースゲル電気泳動を行った。

電気泳動条件：1% アガロース / 1 × TAE

肺
DNase(-) DNase(+)
1 2 M 1 2



M：マーカー（1 kb PLUS DNA Ladder：Invitrogen）

1：QuickGene（MS-100 使用）

2：競合 A キット（スピнкаラム法）

Total RNA の収量

組織	ボールミルホモジナイザー（MS-100）			Rotor-Stator ホモジナイザー		
	組織の量	DNase (+)	DNase (-)	組織の量	DNase (+)	DNase (-)
肺	30 mg	29 µg	28 µg	15 mg	7 µg	7 µg

タンパク質の混入：A260/280

組織	組織の量	A260/280	
		DNase (+)	DNase (-)
肺	30 mg	2.18	2.19

カオトロピック塩の混入：A260/230

組織	組織の量	A260/230	
		DNase (+)	DNase (-)
肺	30 mg	2.16	2.05

その他

• RT-PCR

QuickGene システム（ボールミルホモジナイザー使用）および競合 A キット（スピнкаラム法）を用いて分離した total RNA で RT-PCR を行った。

< RT 反応条件 >

テンプレート：マウス肺からの total RNA（DNase 処理あり）500 ng

酵素：SuperScript II（Invitrogen）

< PCR 条件 >

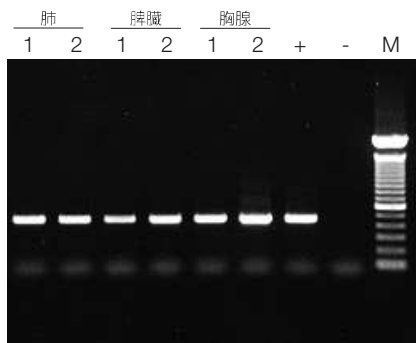
テンプレート：Total RNA（10 pg/µl）相当量の cDNA

プライマー：G3PDH プライマー

酵素：Takara Taq Hot Start Version（TaKaRa）

< 電気泳動条件 >

1% アガロース / 1 × TAE



M：マーカー（100 bp DNA Ladder：Invitrogen）

1：QuickGene

2：競合 A キット（スピнкаラム法）

+：ポジティブコントロール（mLiver RNA：Clontech）

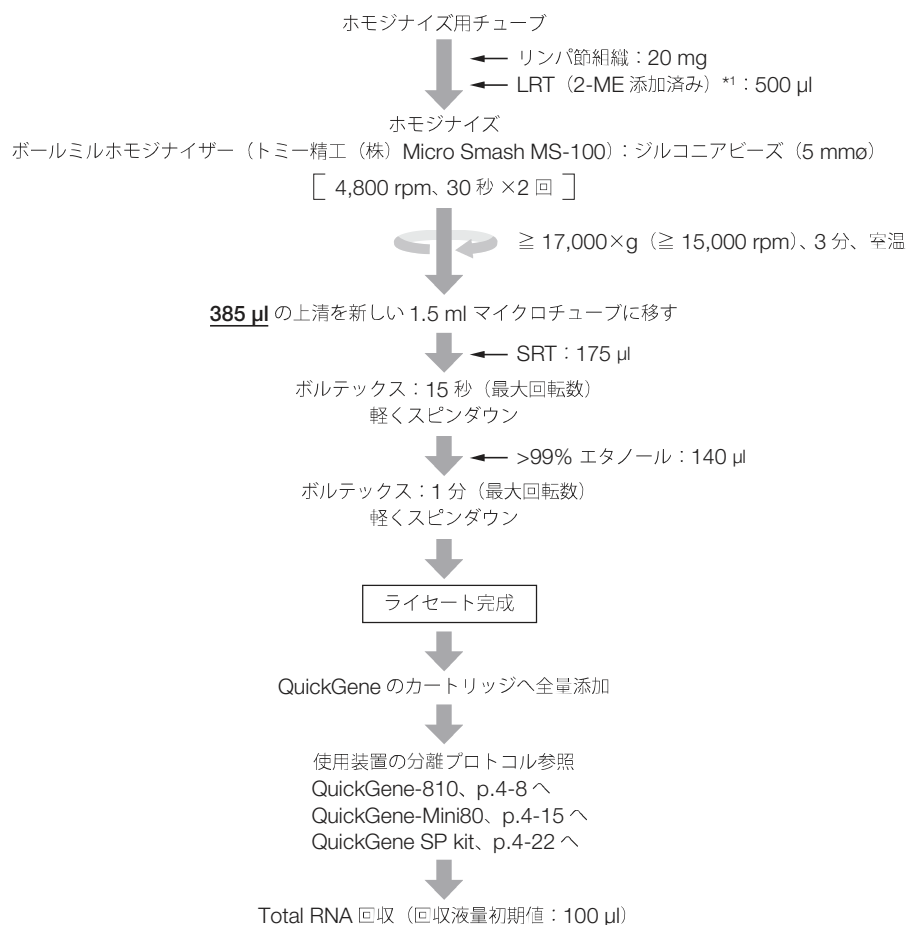
-：ネガティブコントロール（RNase-フリー水）

共通プロトコルサンプル

マウス精巣、マウス肝臓、マウス脳、マウス腎臓、マウス脾臓

マウスリンパ節からの total RNA分離

| プロトコル

*1 1 ml の LRT 当たり 10 μ l の
2-ME を加える。

| 結果

■ 電気泳動図

データなし

■ Total RNA の収量

リンパ節の量	収量 (μ g)
20 mg	6.8

■ タンパク質の混入：A260/280

リンパ節の量	A260/280
20 mg	2.0

■ カオトロピック塩の混入：A260/230

データなし

■ その他

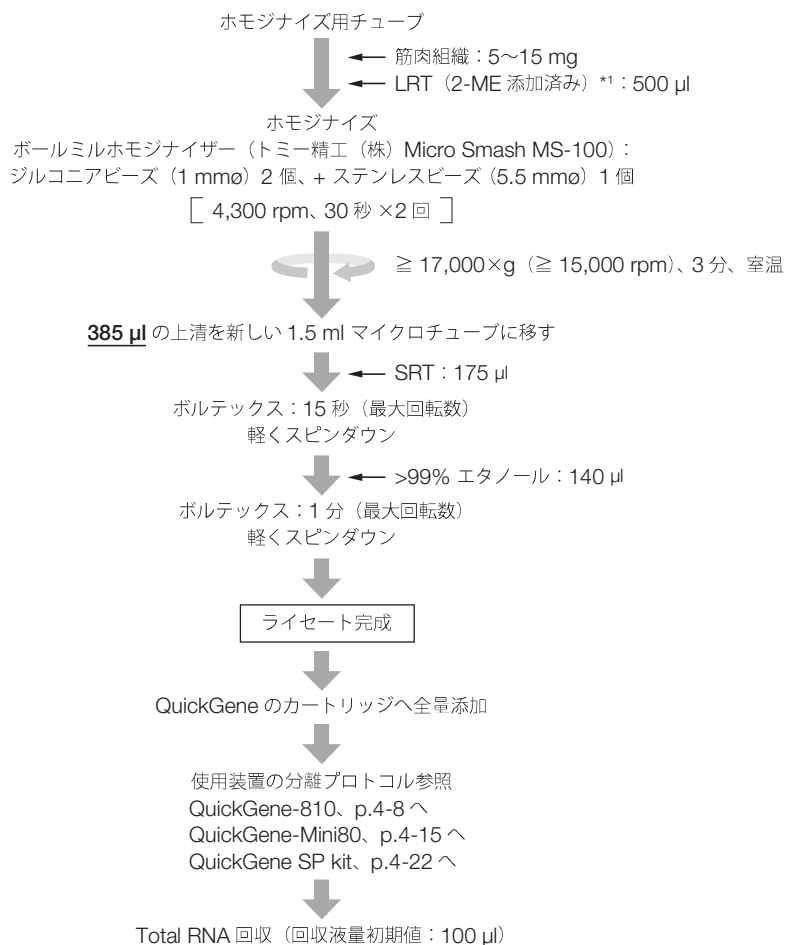
データなし

| 共通プロトコルサンプル

データなし

ラット筋肉からの total RNA分離

プロトコル



*1 1 ml の LRT 当たり 10 μ l の 2-ME を加える。

結果

電気泳動図

データなし

Total RNA の収量

筋肉の量	収量 (μ g)
8.8 mg	2.0

タンパク質の混入：A260/280

データなし

カオトロピック塩の混入：A260/230

データなし

その他

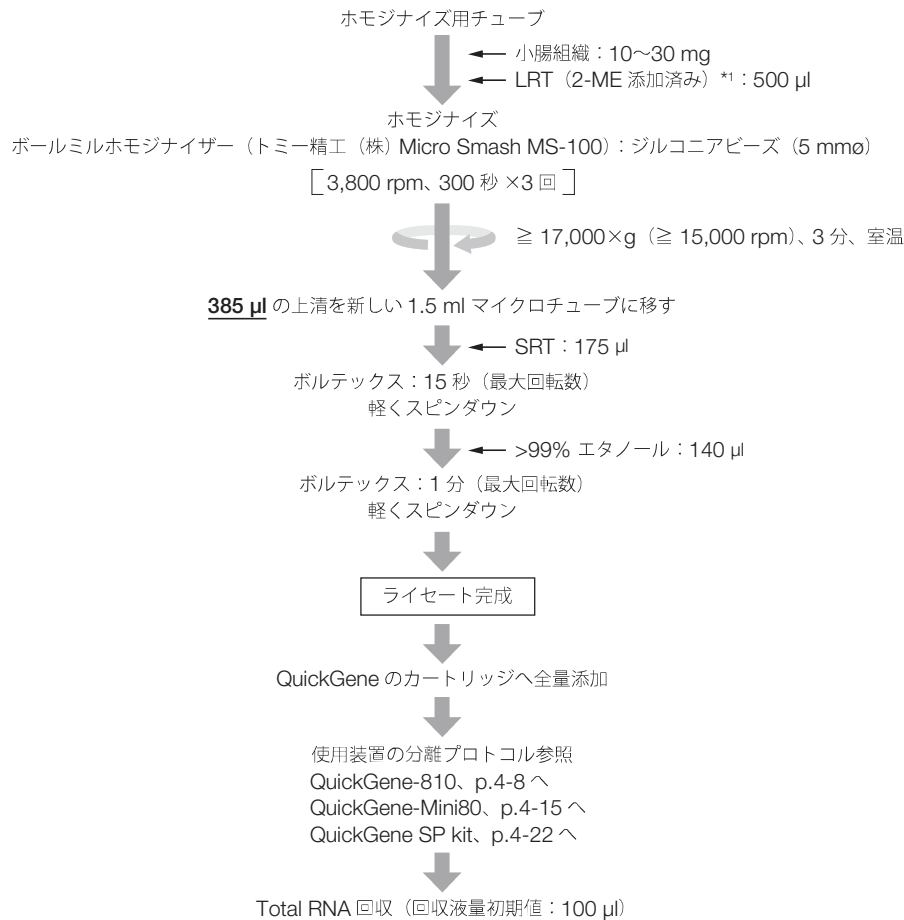
データなし

共通プロトコルサンプル

データなし

マウス小腸からの total RNA分離

■ プロトコル

*1 1 ml の LRT 当たり 10 μ l の 2-ME を加える。

■ 結果

■ 電気泳動図

データなし

■ Total RNA の収量

小腸の量	収量 (μ g)
14.7 mg	4.4

■ タンパク質の混入：A260/280

小腸の量	A260/280
14.7 mg	2.01

■ カオトロピック塩の混入：A260/230

データなし

■ その他

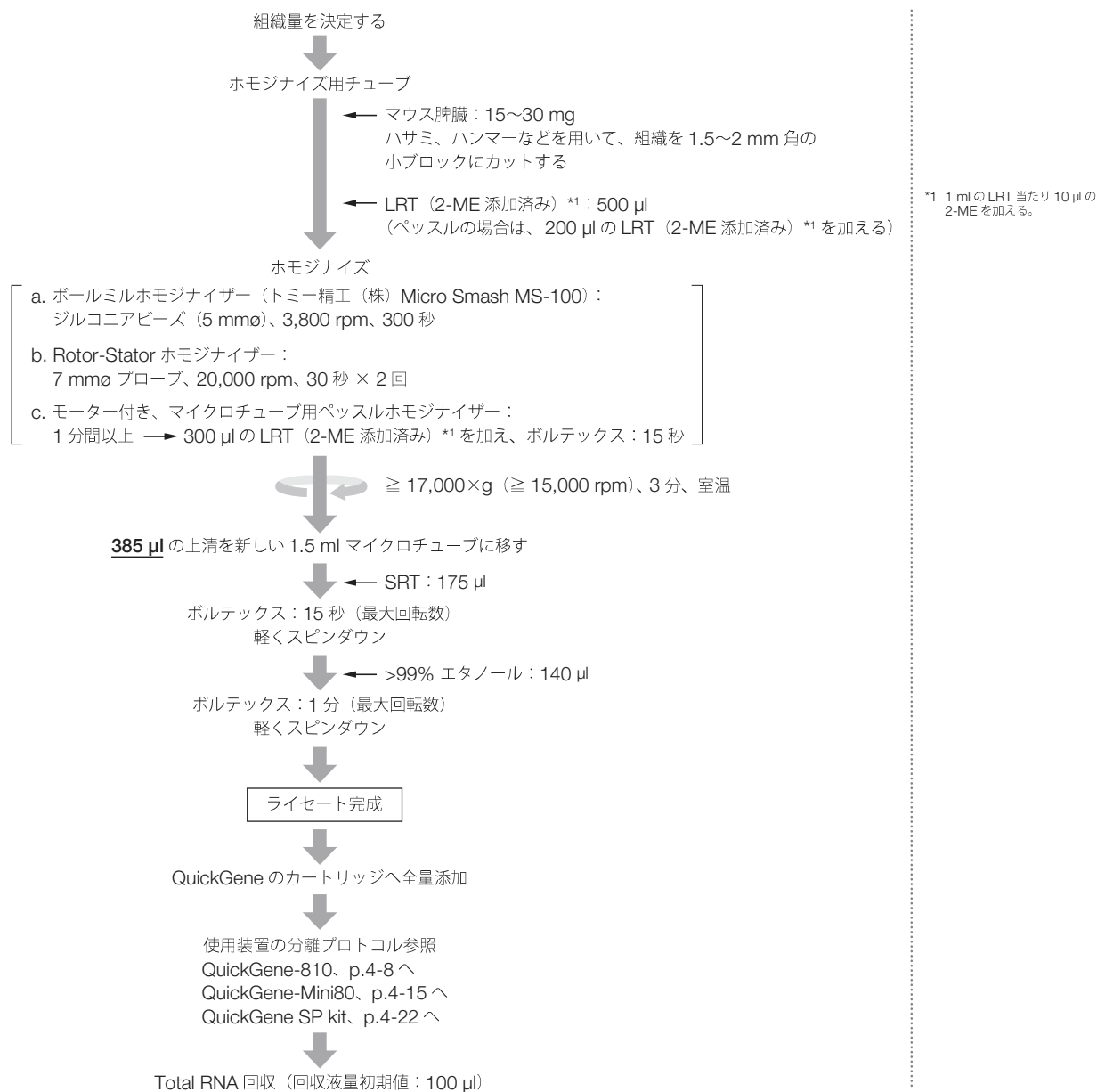
データなし

■ 共通プロトコルサンプル

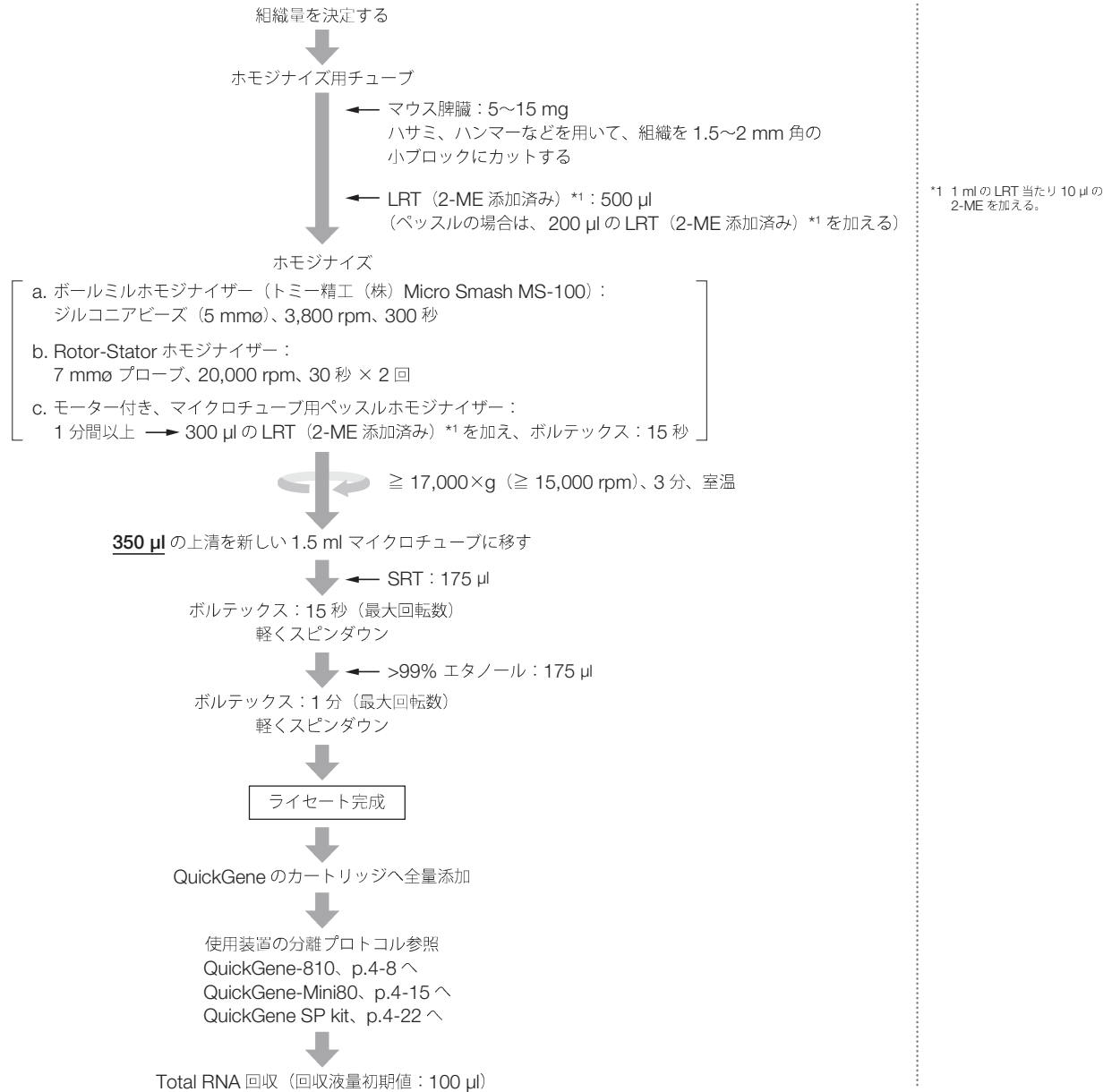
マウス心臓

マウス脾臓からの total RNA分離

プロトコル 1 (15-30 mg)



プロトコル 2 (5-15 mg)

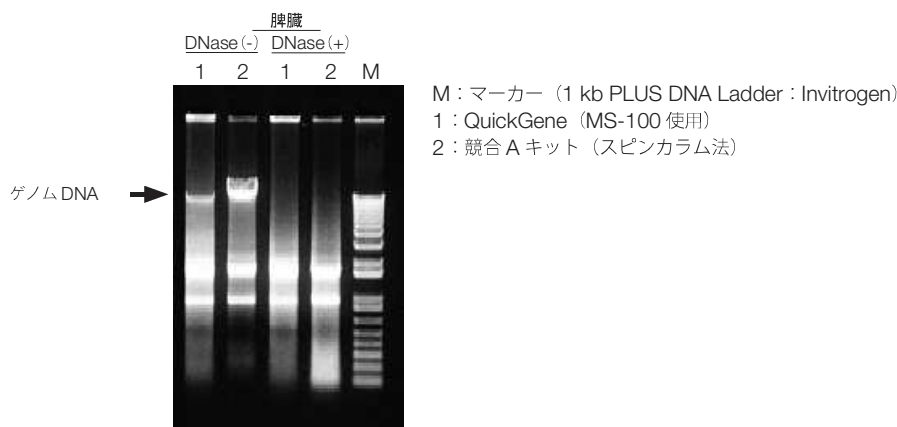


結果

電気泳動図

QuickGene システム（ボールミルホモジナイザー使用）および競合 A キット（スピнкаラム法）を用いて、マウスの脾臓組織から分離した total RNA で非変性アガロースゲル電気泳動を行った。

電気泳動条件：1% アガロース / 1 × TAE



Total RNA の収量

組織	ボールミルホモジナイザー（MS-100）			Rotor-Stator ホモジナイザー		
	組織の量	DNase (+)	DNase (-)	組織の量	DNase (+)	DNase (-)
脾臓	30 mg	48 µg	54 µg	20 mg	32 µg	31 µg

タンパク質の混入：A260/280

組織	組織の量	A260/280	
		DNase (+)	DNase (-)
脾臓	30 mg	2.05	2.30

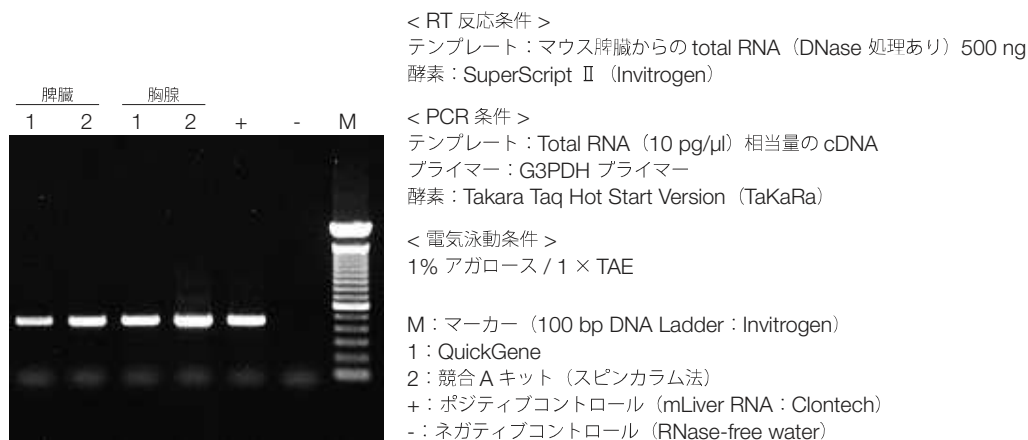
カオトロピック塩の混入：A260/230

組織	組織の量	A260/230	
		DNase (+)	DNase (-)
脾臓	30 mg	2.23	2.09

その他

● RT-PCR

QuickGene システム（ボールミルホモジナイザー使用）および競合 A キット（スピнкаラム法）を用いて分離した total RNA で RT-PCR を行った。

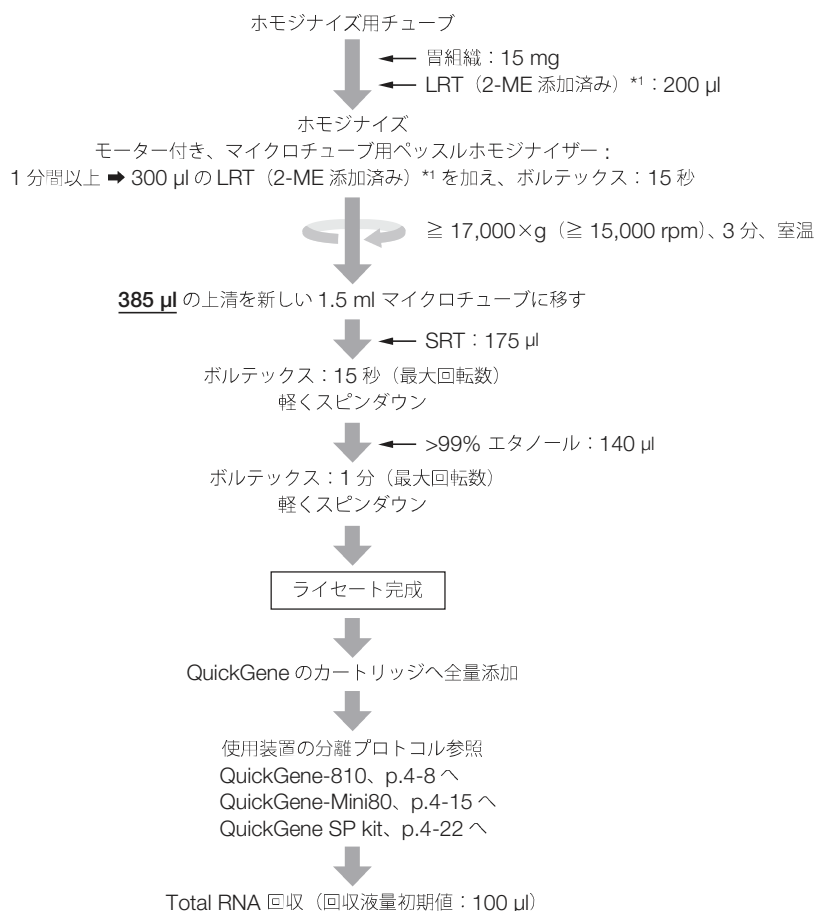


共通プロトコルサンプル

マウス精巣、マウス肝臓、マウス脳、マウス肺、マウス腎臓

ヒトの胃からの total RNA分離

■ プロトコル

*1 1 ml の LRT 当たり 10 μ l の
2-ME を加える。

■ 結果

■ 電気泳動図

データなし

■ Total RNA の収量

胃の量	収量 (μ g)
15 mg	2.0

■ タンパク質の混入：A260/280

データなし

■ カオトロピック塩の混入：A260/230

データなし

■ その他

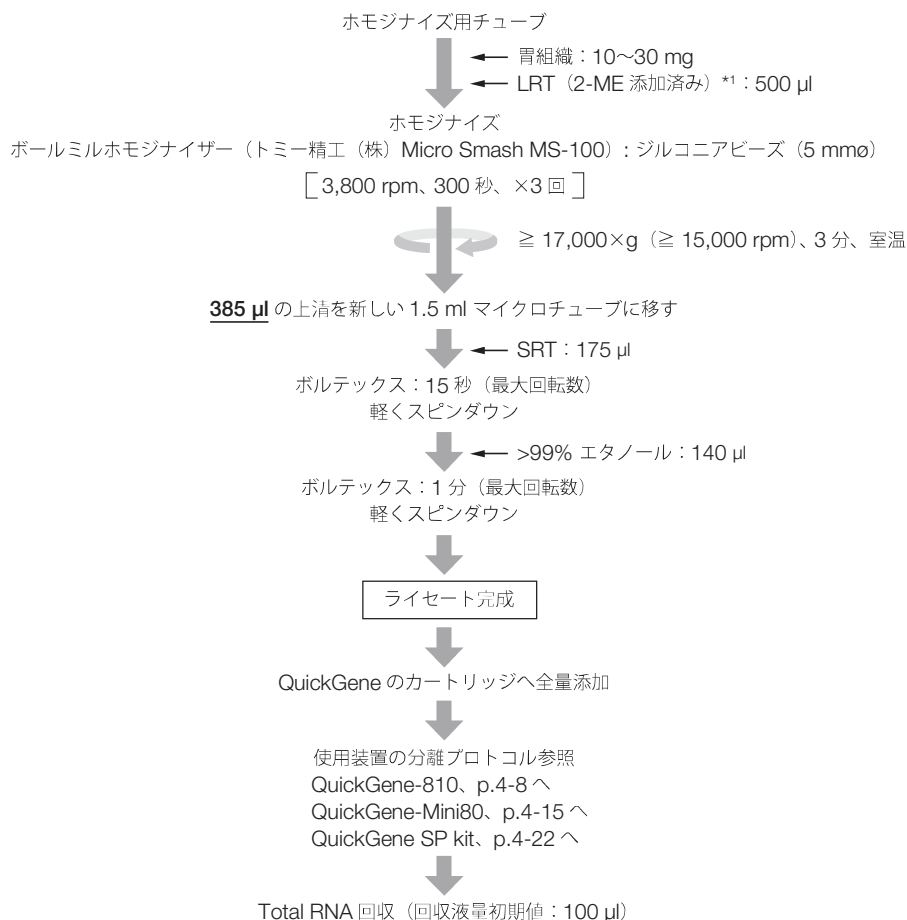
データなし

■ 共通プロトコルサンプル

データなし

マウス胃からの total RNA分離

プロトコル



*1 1 ml の LRT 当たり 10 μ l の 2-ME を加える。

結果

電気泳動図

データなし

Total RNA の収量

胃の量	収量 (μ g)
11.1 mg	12.6

タンパク質の混入：A260/280

胃の量	A260/280
11.1 mg	2.06

カオトロピック塩の混入：A260/230

データなし

その他

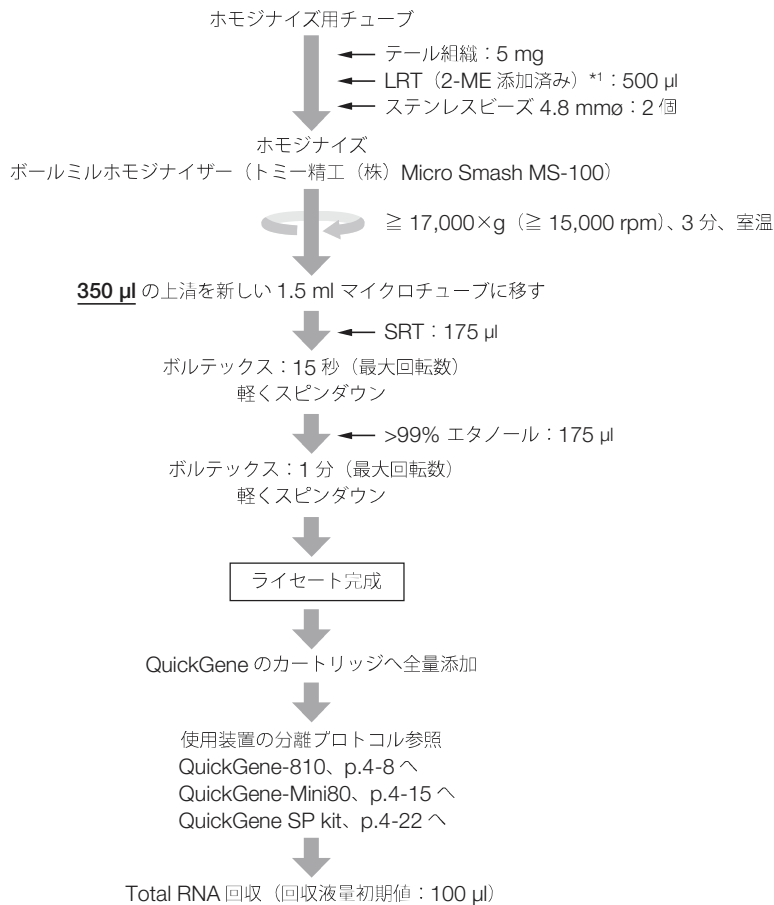
データなし

共通プロトコルサンプル

マウス心臓

マウス尾からの total RNA分離

プロトコル



*1 1 ml の LRT 当たり 10 μ l の 2-ME を加える。

結果

電気泳動図

データなし

Total RNA の収量

テールの量	収量 (μ g)
約 5 mg	4.0

タンパク質の混入：A260/280

テールの量	A260/280
約 5 mg	2.36

カオトロピック塩の混入：A260/230

データなし

その他

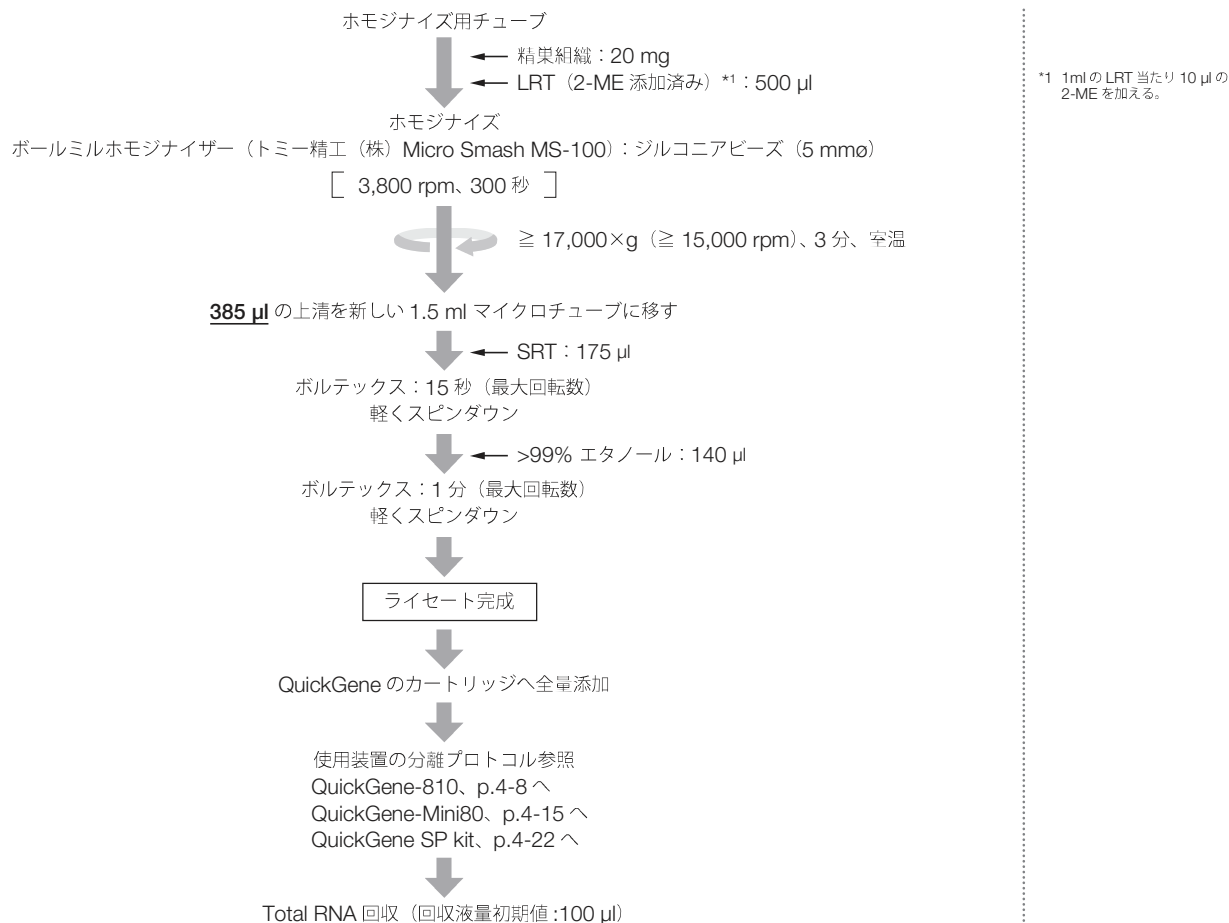
データなし

共通プロトコルサンプル

データなし

マウス精巢からの total RNA分離

プロトコル



結果

電気泳動図

データなし

Total RNA の収量

精巣の量	収量 (µg)
20 mg	20

タンパク質の混入：A260/280

精巣の量	A260/280
20 mg	2.0

カオトロピック塩の混入：A260/230

データなし

その他

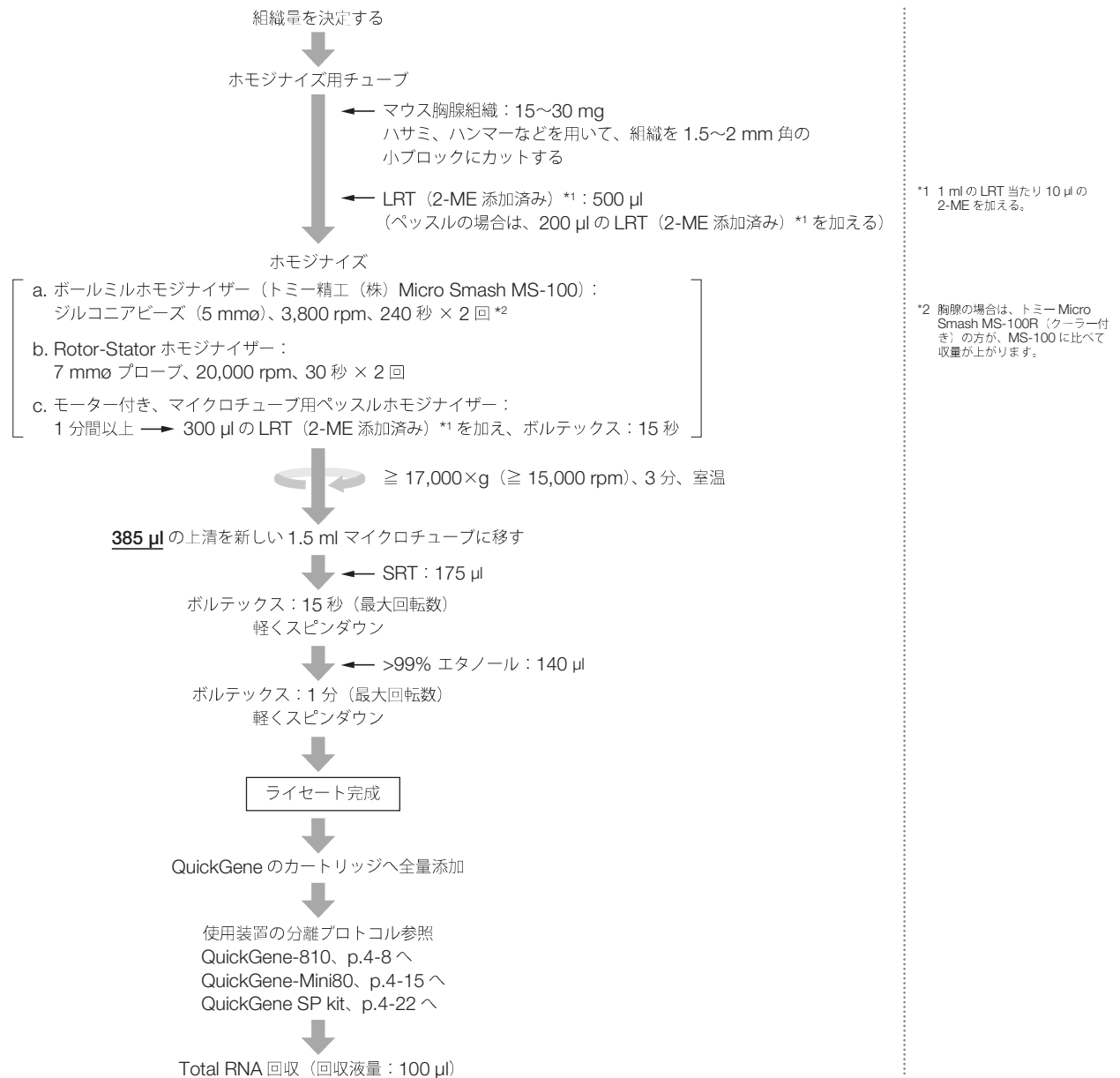
データなし

共通プロトコルサンプル

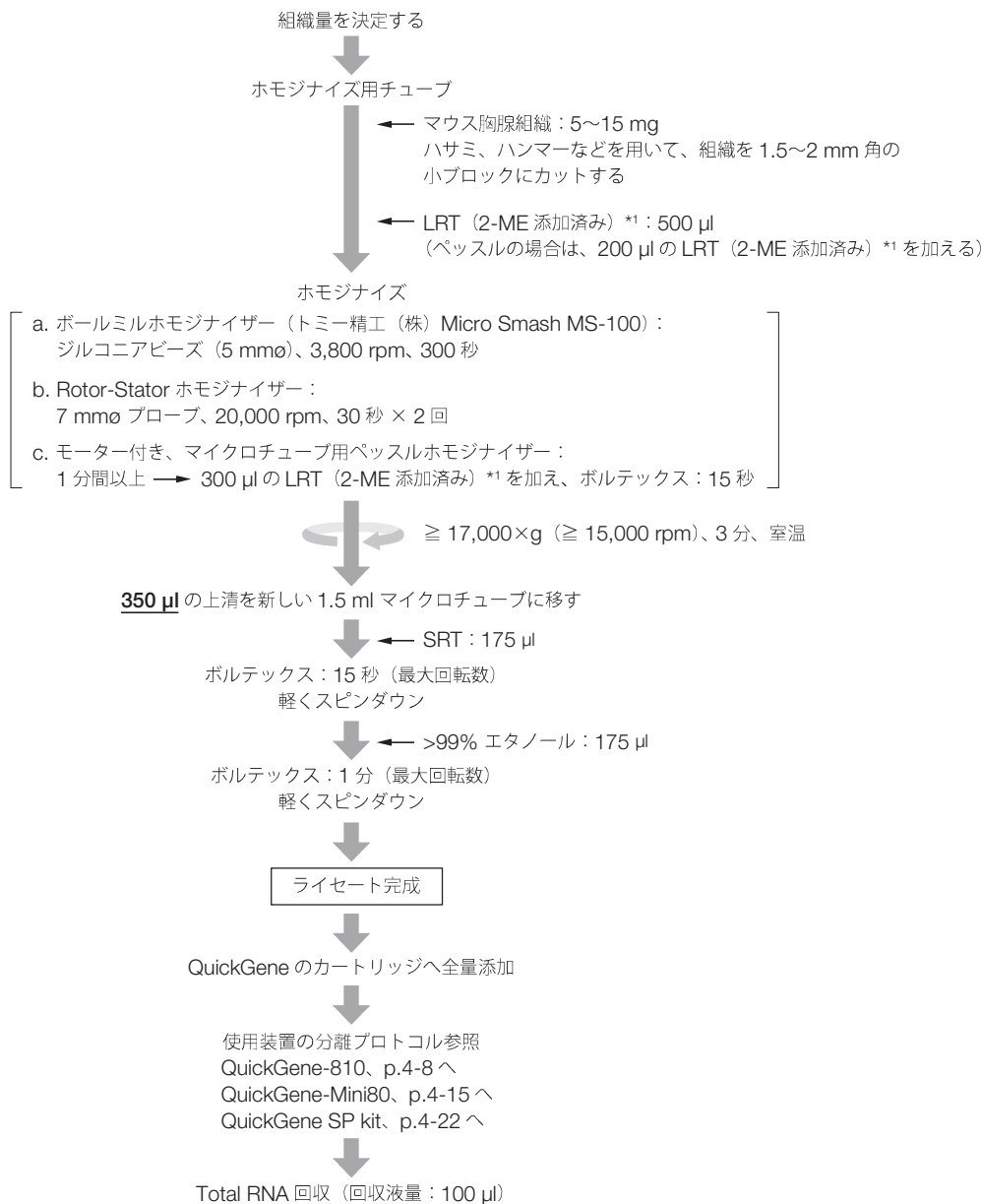
マウス肝臓、マウス脳、マウス肺、マウス腎臓、マウス脾臓

マウス胸腺からの total RNA分離

| プロトコル 1 (15-30 mg)



プロトコル 2 (5-15 mg)

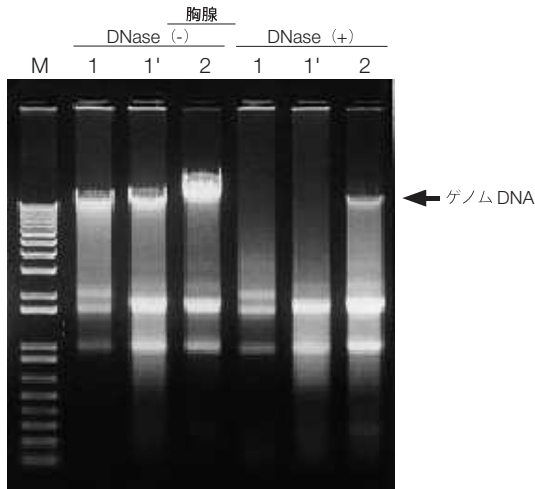


*1 1 ml の LRT 当たり 10 μ l の 2-ME を加える。

結果

電気泳動図

Total RNA で非変性アガロースゲル電気泳動を行った。
電気泳動条件：1% アガロース / 1 × TAE



M：マーカー (1 kb PLUS DNA Ladder：Invitrogen)
1：QuickGene (MS-100 使用)
1'：QuickGene (MS-100R (クーラー付き) 使用)
2：競合 A キット (スピнкаラム法)

胸腺などに対して、QuickGene システムで、競合 A キット (スピнкаラム法) の場合よりもゲノム DNA 混入の少ない total RNA の分離ができる。

Total RNA の収量

組織	ボールミルホモジナイザー (MS-100)			Rotor-Stator ホモジナイザー		
	組織の量	DNase (+)	DNase (-)	組織の量	DNase (+)	DNase (-)
胸腺	30 mg	43 µg	27 µg	5 mg	19 µg	17 µg

タンパク質の混入：A260/280

組織	組織の量	A260/280	
		DNase (+)	DNase (-)
胸腺	30 mg	2.17	2.17

カオトロピック塩の混入：A260/230

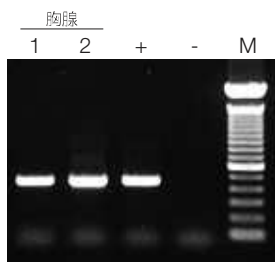
組織	組織の量	A260/230	
		DNase (+)	DNase (-)
胸腺	30 mg	2.15	2.17

その他

• RT-PCR

Total RNA で RT-PCR を行った。

< RT 反応条件 >
 テンプレート：マウス胸腺からの total RNA (DNase 処理あり) 500 ng
 酵素：SuperScript II (Invitrogen)
 < PCR 条件 >
 テンプレート：Total RNA (10 pg/µl) 相当量の cDNA
 プライマー：G3PDH プライマー
 酵素：Takara Taq Hot Start Version (TaKaRa)
 < 電気泳動条件 >
 1% アガロース / 1 × TAE



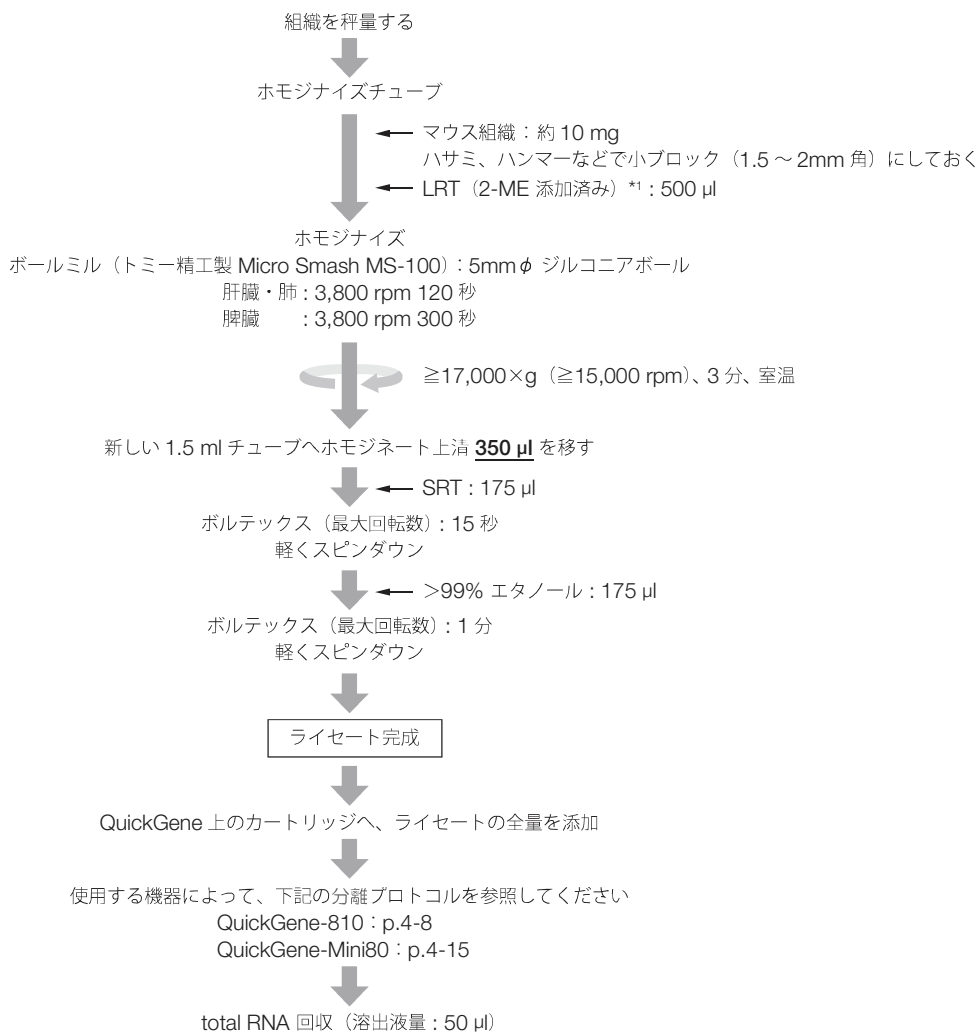
M：マーカー (100 bp DNA Ladder：Invitrogen)
 1：QuickGene
 2：競合 A キット (スピнкаラム法)
 +：ポジティブコントロール (mLiver RNA：Clontech)
 -：ネガティブコントロール (RNase-free water)

共通プロトコルサンプル

データなし

DNA チップ“ジェノパール®”のためのマウス組織からの total RNA分離

プロトコル

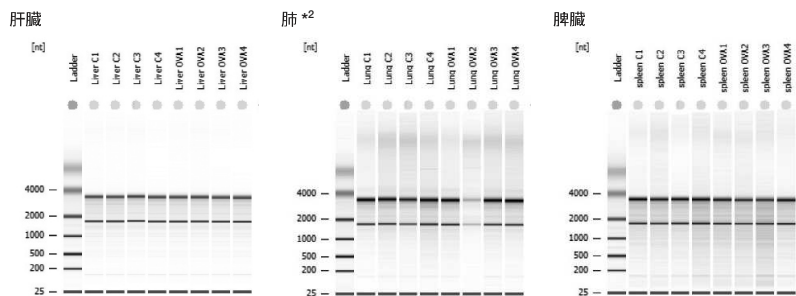


*1 1 ml の LRT に対して、10 µl の 2-ME を添加してください

結果

電気泳動図

QuickGene システム（ボールミル型ホモジナイザー使用）を用いて各マウス組織から total RNA を分離した。



2100 Bioanalyzer (Agilent Technologies, Inc.)

*2 2 サンプル分を分離し、あわせた後、濃縮した結果

※ “ジェノパール®” は、三菱レイヨン株式会社の登録商標です。

total RNA の収量

組織	収量 (μg)							
	C1	C2	C3	C4	OVA1	OVA2	OVA3	OVA4
肝臓	65.9	56.2	59.5	72.2	63.0	50.6	69.7	96.1
肺 *3	10.6	5.1	4.9	8.1	9.3	2.5	6.2	6.2
脾臓	33.2	23.6	40.8	30.0	27.6	24.5	32.2	47.4

*3 2 サンプル分を分離し、あわせて後、濃縮した結果

タンパク質の混入：A260/280

データなし

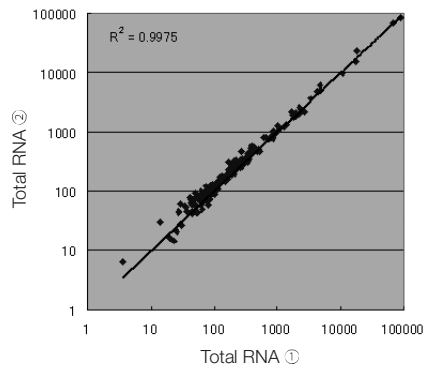
カオトロピック塩の混入：A260/230

データなし

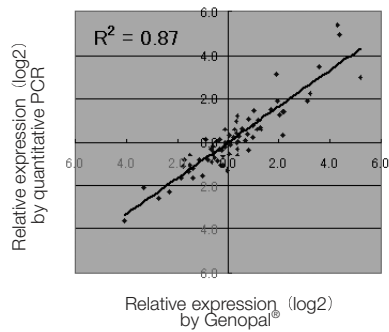
その他

● “ジェノパール®” 解析

マウス 209 遺伝子を搭載した三菱レイヨン製マウス版アレルギーチップ ARIM-GX を用いて、標準プロトコルに従って、マウス各サンプルの各遺伝子の蛍光強度を測定し、各群間の発現差 (log2 ratio) を算出した。



同一の組織サンプルからそれぞれ分離した total RNA を用いて調製した aRNA の “ジェノパール®” による解析データは、高い再現性を示した ($R^2=0.99$ 以上)。



アレルギーチップ “ジェノパール®” と定量 PCR により得られた発現差の数値データ (log2 ratio) は、高い相関を示した ($R^2=0.87$)。

共通プロトコルサンプル

データなし

※ “ジェノパール®” は、三菱レイヨン株式会社の登録商標です。

