



RNA测序的快速和便宜的未来

发布时间: 2019-04-19 09:29:49 分享到:

RNA测序是一种用于通过观察其基因表达来分析整个基因组的技术。今天，这种全基因组表达分析是基因组研究的标准工具，因为它们依赖于高通量技术，这些技术本身已广泛应用。



尽管如此，RNA测序仍然是昂贵且耗时的，因为它首先需要昂贵的整个基因组文库的制备 - 从细胞RNA产生的DNA库 - 而数据本身也难以分析。所有这些都使得RNA测序难以进行，使其采用的范围并不尽可能广泛。

在单细胞转录组学的革命推动下，一些新的方法得到了帮助，这种方法使用了所谓的“样本条形码”或“多路复用”。在这里，在文库制备期间将各个“条形码”序列添加到每个DNA片段中，以便在分析最终数据之前可以识别和分类每个DNA条带 - 这意味着该方法仅需要包含多个不同样品或细胞的单个文库。

条形码降低了成本和时间，这可以扩展到大量样品的大量RNA测序。但是，对于大规模RNA样品的可靠和廉价分析，仍然存在调整和验证方案的麻烦 - 这是我们在试图分析细胞或组织的转录组时所面临的问题。

现在，来自EPFL生物工程研究所的Bart Deplancke实验室的科学家开发了一种名为Bulk RNA Barcoding and sequencing(BRB-seq)的新方法，它比传统的商业RNA测序技术(Illumina的TruSeq)便宜25倍。

在其众多优势中，BRB-seq快速且保留了链特异性 - 这是该领域的一项挑战，与正确方向的DNA转录有关。因此，BRB-seq提供了一种低成本的方法，用于在数百个RNA样品上进行转录组学，这可以在一次运行中增加生物学重复的数量(因此可以增加实验准确性)。

在性能方面，科学家们发现BRB-seq可以在相同的测序深度检测到与该领域“金标准”相同数量的基因，即TruSeq Stranded mRNA，并且该技术即使在低水平下也能产生可靠的数据。优质的RNA样本。此外，它以使用RT-qPCR分析四种基因相当的成本生成全基因组转录组数据，RT-qPCR目前用于测量基因表达的标准但低通量方法。

在测试中，BRB-seq可以生成每天最多192个样品的即用型基因组文库，只需要两个小时的实际操作时间。该技术与用户友好的管道相结合，用于预处理和分析测序数据，允许在一天内获得结果。

“自发布以来，已有数十家实验室和公司与我们联系，帮助他们实施BRB-seq方法，” Bart Deplancke说。“由于BRB-seq的低成本，这些研究人员意识到他们现在可以用相同的预算分析更多的样本，从而大大增加了他们实验的范围和可重复性。因此我们预计BRB-seq或类似的方法将超过长期成为任何分子生物学实验室的标准，并取代RT-qPCR作为第一个基因表达谱分析选项。”

来源: 生物帮

