

Illumina Rapid mRNA Prep

コーディングトランスクリプトーム
解析用の迅速で簡単なワークフロー



poly(A)キャプチャーを含め、3時間の
ライブラリー調製と1.5時間未満の
ハンズオンタイム



cDNA合成とアダプタータグ付けが
1ステップで可能な独自のケミストリー



mRNA-Seqアプリケーション向け
に、高品質なストランド非特異的
RNA-Seqデータを幅広いインプット
量に対応して提供

迅速かつ正確なmRNA-Seq

次世代シーケンサー（NGS）を用いたRNAシーケンス（RNA-Seq）は、細胞の種類や状態を動的に反映する指標であるRNA転写産物を高精度にプロファイリングする強力な手法です。メッセンジャーRNA（mRNA）-Seqは、コード領域トランスクリプトームの包括的かつ定量的なリードアウトを提供し、アイソフォーム、遺伝子融合、アリル特異的発現を高感度に検出できます。しかし、mRNA-Seqのライブラリー調製は、長時間に及び、手間がかかり、スループットも限定されることがあります。

Illumina Rapid mRNA Prepは、迅速かつシンプルなタグメンテーションに基づくワークフローであり、少量サンプルインプットに対応します。この効率化された手法は、十分にアノテーションされたゲノムに対して高精度なストランド非特異的データを提供し、*以下のようなmRNA-Seqアプリケーションに最適です。

- 遺伝子発現差解析
- 転写産物の計測
- 遺伝子融合検出
- アイソフォーム/選択的スプライシング解析
- 一塩基変異（SNV）解析
- パスウェイ解析

効率的なワークフローで時間を節約

Illumina Rapid mRNA Prepは、イルミナの製品ポートフォリオの中でも最も迅速かつ簡単なmRNA-Seqライブラリー調製ソリューションであり、Illumina Stranded mRNA Prepと比べてターンアラウンドタイムやハンズオンタイムが半分に短縮されます（表1）。Illumina mRNA Capture Kitを使用して、ポリアデニル化（poly(A） mRNA をキャプチャーします。次にIllumina Rapid RNA Prepキットを使用して、cDNA合成とオンビーズタグメンテーションを1ステップに統合した、30分間の効率的な反応を用います（図1）。PCR増幅ではインデックスアダプターを付加し、その後付属のIllumina Purification Beadsを用いた1回の精製ステップでライブラリー調製が完了します。このシンプルなプロトコル全体で、シーケンス用のmRNAライブラリー生成に必要な時間はわずか3時間であり、より迅速な結果の取得を支援します。ピペッティングステップを削減し、ハンズオンタイムを1.5時間未満に抑えることで、エラーが発生する機会を減らし、再現性の高いデータを得られるようになりました。

*新規RNAの新たな発見や、十分にアノテーションされているゲノムがない生物など、転写産物のストランド情報が重要となるアプリケーションには、Illumina Stranded mRNA Prepの使用が推奨されます。Illumina Stranded mRNA Prepは、ストランド情報を正確に測定して、高い精度で偏りなくmRNA-Seqを行うためのライゲーションベースのライブラリー調製キットです。



表1: Illumina Rapid mRNA Prepは、ライブラリー調製時間とハンズオンタイムを半分に短縮します。

	Illumina Stranded mRNA Prep	Illumina Rapid mRNA Prep ^a
総ターンアラウンドタイム	6.5時間	~3時間
ハンズオンタイム	3時間未満	1.5時間未満
精製ステップ	3	1
RNAインプット量	25~1,000 ng	1~1,000 ng
ライブラリー調製方法	ライゲーション	タグメンテーション
ストランド特異性	ストランド情報あり	ストランド情報なし

a. Illumina Rapid mRNA Prep用には、Illumina Rapid RNA PrepおよびIllumina mRNA Capture Kitを個別に販売しています。

幅広いインプット量に対応した高品質な遺伝子発現データ

Illumina Rapid mRNA Prepは、高品質なRNA 1 ngから1,000 ngの幅広いインプット量にわたって、性能が最適化されています[†] (図2、図3、図4)。従来のRNA-Seqワークフローでは、cDNA合成またはライゲーション後の精製ステップでサンプルライブラリーのかかなりの量を失うことがありました。Illumina Rapid mRNA Prepでは、この精製ステップを削減したことで、低存在量の転写産物を検出するための、より多様かつ複雑なmRNAライブラリーを得られるようになりました。

Illumina Rapid mRNA Prepはさまざまなカバレッジ深度とインプット量にわたって、ユニークな転写産物を高率に検出し、重複率も低いため、優れたライブラリー複雑性を示します (図2)。Illumina mRNA Capture Kitでは、poly(A) RNAを効率的に精製できます。既知の転写産物に対するマッピングリードは90%以上であり、豊富に存在するリボソームRNAやミトコンドリアRNAにマッピングされるリードは5%未満に抑えられています (data not shown)。Illumina Rapid mRNA Prepのデータは、高いマッピング効率とカバレッジ均一性を示します (図3)。選択的スプライシングやアイソフォーム解析などの高感度アプリケーションには、転写産物全体にわたる高精度かつ均一なカバレッジが極めて重要です。また、遺伝子発現プロファイルでは、高RNAインプット量と低RNAインプット量との間でも高い一貫性を示し、テクニカルレプリケート間でも一致を認めます (図4)。

[†] Illumina Rapid RNA Prep for mRNA-Seqは、ホルマリン固定パラフィン包埋 (FFPE) サンプルには対応していません。

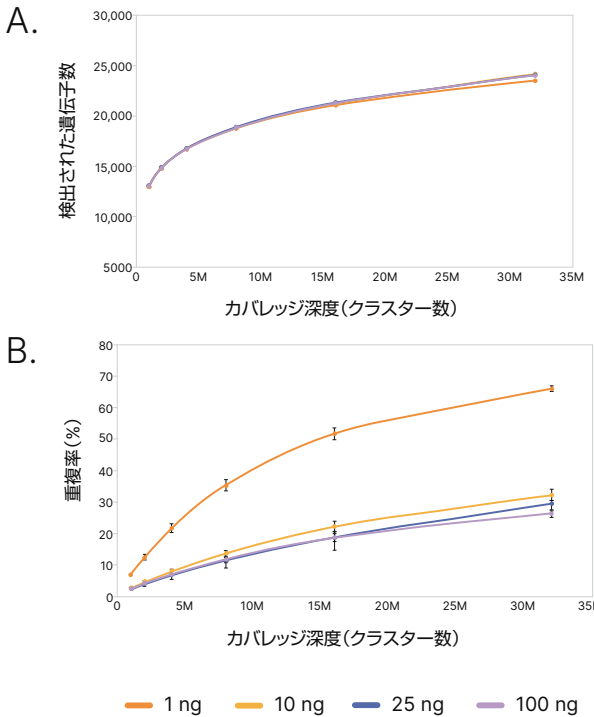
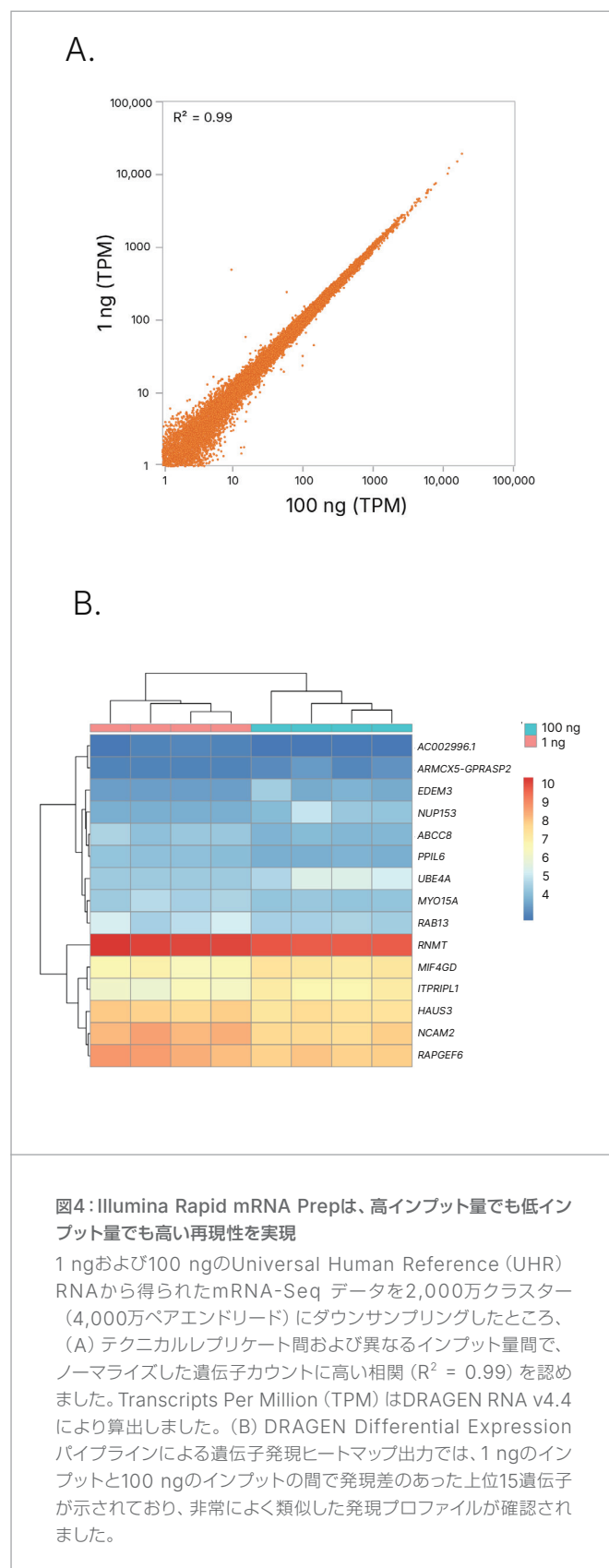
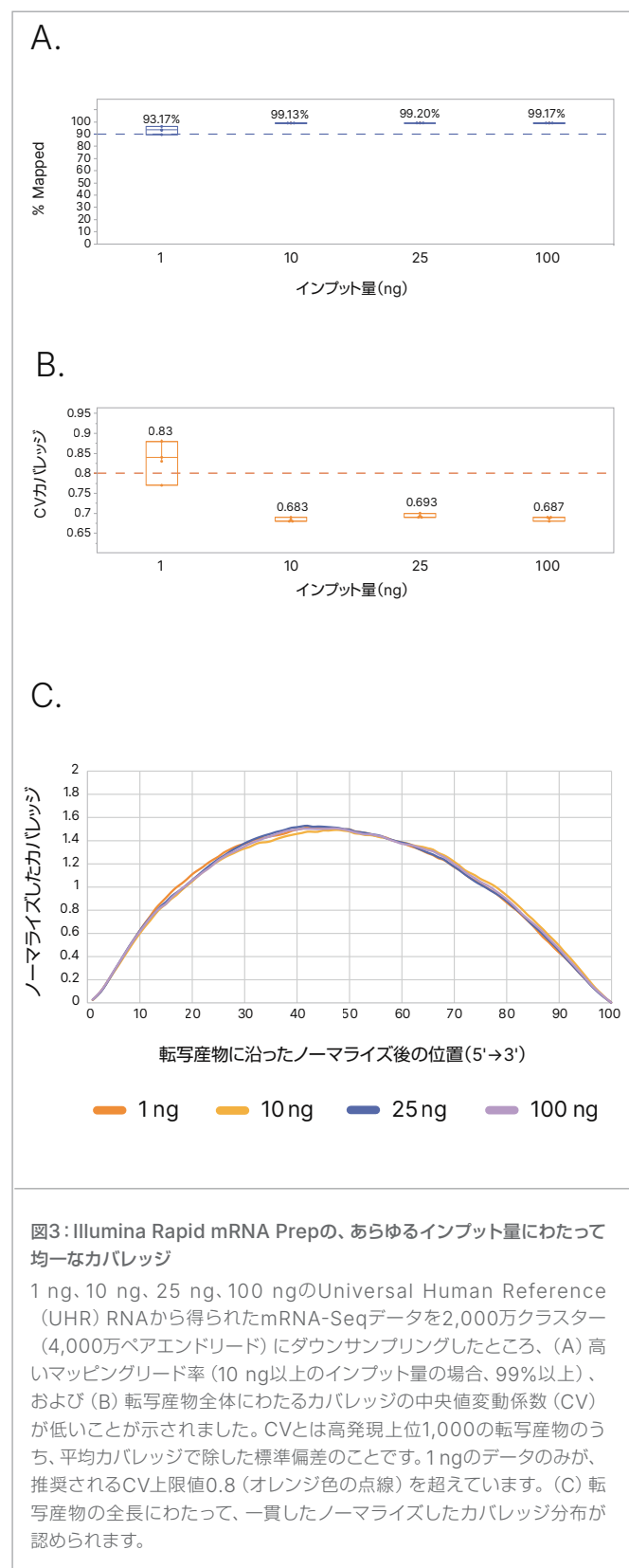


図2: Illumina Rapid mRNA Prepにおける、インプット量ごとのライブラリー複雑性

1 ng, 10 ng, 25 ng, 100 ngのUniversal Human Reference (UHR) RNAから得られたmRNA-Seqデータについて、シーケンス深度を100万~3,200万クラスター、すなわちライブラリー断片 (200万~6,400万ペアエンドリード) にダウンサンプリングし、(A) ユニークな遺伝子の検出数 (5リード以上がマッピングされた場合「検出」と定義)、および (B) 重複リードの割合を示しています。1 ngのインプット量では高い重複率が認められますが、検出された遺伝子数は、より多いインプット量では一致しています。その理由として、UHR試料は多様な10種類の細胞型の混合物に由来しているため、ユニークな遺伝子発現の飽和状態に到達しにくいからです。ほとんどの細胞および組織タイプでは、1,000万~2,000万クラスターで十分です。通常、mRNA-Seqアプリケーションの推奨されるシーケンス深度は2,500万クラスターです。



包括的なmRNAソリューション

Illumina Rapid mRNA Prepは、イルミナシーケンスシステム、DRAGEN™ RNAおよびDRAGEN Differential Expression二次解析パイプラインを含むコーディングトランスクリプトーム解析、およびIllumina Connected Multiomicsを用いたデータ視覚化と発見のための包括的なソリューションの一部です (図1)。

DRAGEN RNAアプリは、ストランド特異的およびストランド非特異的なRNAライブラリー調製の解析が可能であるため、mRNA-Seqプロジェクトにおいて、高精度なアライメントと解析時間の短縮を実現します。DRAGEN RNAは、ライブラリー調製品質とサンプル複雑性を評価するための極めて重要なRNA-Seqメトリクスを出力します。また、DRAGEN RNAアプリは、発現差解析パイプラインのためのノーマライズした遺伝子発現と転写産物定量[‡]を提供します。

まとめ

Illumina Rapid mRNA Prepを使用することで、十分にアノテーションされたゲノムに対して迅速かつ正確な遺伝子発現を得ることができるようになります。Poly(A)キャプチャーに続いて、1回のステップでcDNA合成とオンビーズタグメンテーションを行うことで、ターンアラウンドタイムを半分の時間に短縮し、高品質なmRNA-Seqを実現し、効率的なRNAから答えを得るまでのワークフローを実現します。

製品情報

製品	カタログ番号
Illumina Rapid RNA Prep, (S) Tagmentation (16 samples) ^a	20158823
Illumina Rapid RNA Prep, (S) Tagmentation (96 samples) ^a	20158824
Illumina mRNA Capture Kit (16 samples) ^a	20158829
Illumina mRNA Capture Kit (96 samples) ^a	20158830
Illumina DNA/RNA UD Index Set A, Tagmentation (96 indexes, 96 samples)	20091654
Illumina DNA/RNA UD Index Set B, Tagmentation (96 indexes, 96 samples)	20091656
Illumina DNA/RNA UD Index Set C, Tagmentation (96 indexes, 96 samples)	20091658
Illumina DNA/RNA UD Index Set D, Tagmentation (96 indexes, 96 samples)	20091660
a. Illumina Rapid mRNA Prep用には、Illumina Rapid RNA PrepおよびIllumina mRNA Capture Kitを個別に販売しています。	

詳細はこちら →

[Illumina Rapid mRNA Prep](#)

[DRAGEN RNA](#)

[DRAGEN Differential Expression](#)

[Illumina Connected Multiomics](#)

[‡] 遺伝子発現のノーマライゼーションは、Transcripts per Million (TPM) を使用して、サンプルおよびレプリケートすべてにわたる相対的な転写産物存在量を測定します。

イルミナ株式会社

〒108-0014 東京都港区芝 5-36-7 三田ベルジュビル 22階
Tel (03) 4578-2800 Fax (03) 4578-2810
jp.illumina.com

 www.facebook.com/illumina

販売店

本製品の使用目的は研究に限定されます。診断での使用はできません。 販売条件：jp.illumina.com/tc

© 2026 Illumina, Inc. All rights reserved.

すべての商標および登録商標は、Illumina, Inc. または各所有者に帰属します。

商標および登録商標の詳細は jp.illumina.com/company/legal.html をご覧ください。

予告なしに仕様および希望販売価格を変更する場合があります。

Pub. No. M-GL-04096 v1.0-JPN 30JUL2026

illumina®