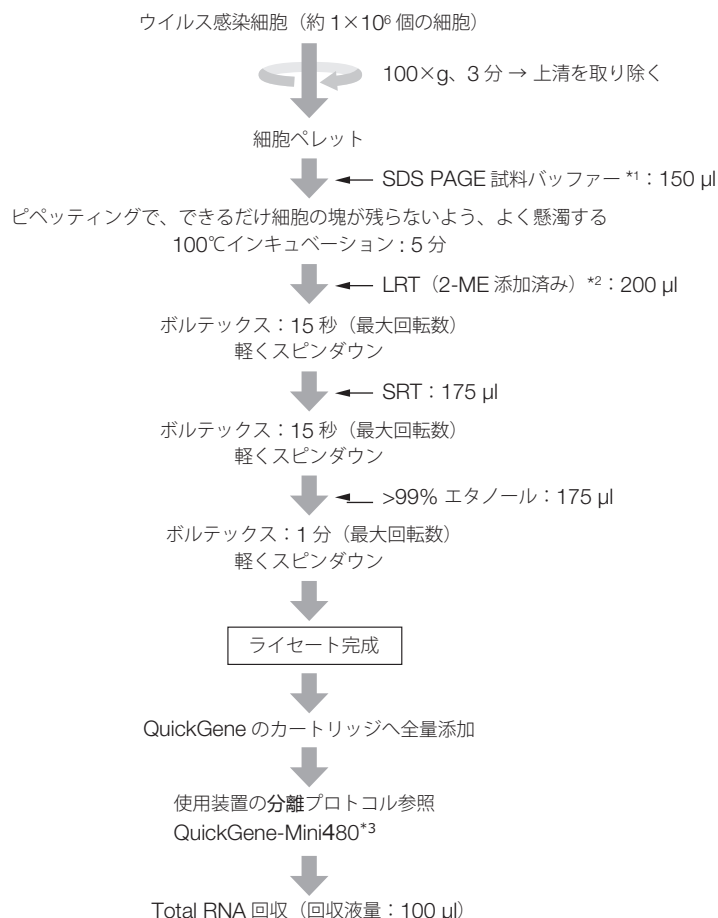


RH-8

SARS コロナウイルス (SARS-CoV) 感染細胞からの total RNA分離

プロトコル



*1 試料バッファーの組成：
0.125 M トリス - 塩酸 (pH 6.8)、
10% (v/v) 2-メルカプトエタノール、
4% (w/v) SDS、10% (v/v) グリセロール、0.01% (w/v) プロモフェノールブルー

*2 1 ml の LRT 当たり 10 μl の 2-ME を加える。

*3 本事例は旧機種で取得したデータも含まれます。その他 QuickGene シリーズでもこのプロトコルをご参考頂けます。

結果

電気泳動図

データなし

Total RNA の収量

サンプル	No.1	No.2
QuickGene	9.4 μg	7.1 μg
スピнкаラム法 (A社)	7.6 μg	7.8 μg

タンパク質の混入 : A260/280

サンプル	No.1	No.2
QuickGene	1.93	1.90
スピнкаラム法 (A社)	1.80	1.88

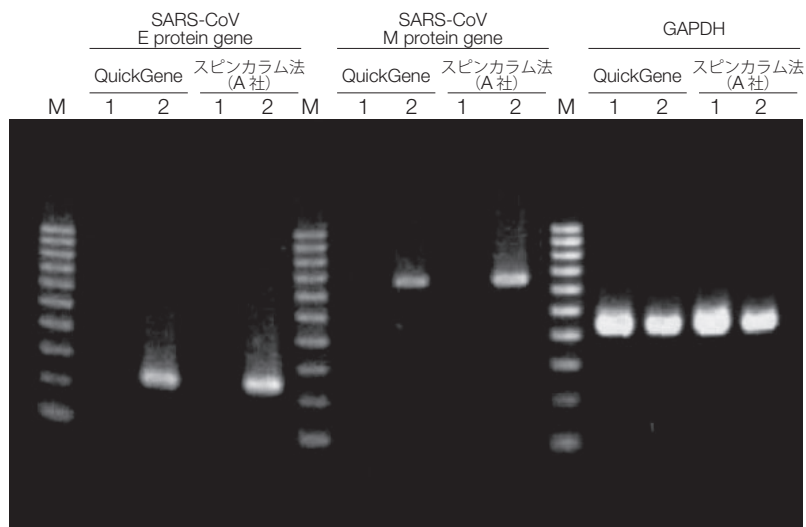
カオトロピック塩の混入 : A260/230

データなし

■ その他

● RT-PCR

QuickGene システムおよびスピнкаラム法 (A 社) を用いて SARS-CoV 感染細胞から分離した total RNA で、SARS-CoV の E タンパク質遺伝子と M タンパク質遺伝子、GAPDH 遺伝子に特異的なプライマーを使用した RT-PCR を行った。



電気泳動条件：

2% アガロース / 1 × TAE

M : 100 bp DNA Ladder

1 : No.1 非感染 Caco-2 細胞

2 : No.2 SARS-CoV 感染 Caco-2 細胞

いずれの SARS-CoV 細胞 total RNA からも SARS-CoV の E タンパク質遺伝子と M タンパク質遺伝子の RT-PCR 産物を検出できた。

■ 共通プロトコルサンプル

データなし