illumina®

MiniSeq™ システムで行うターゲットリシーケンスソリューション

MiniSeq システムでは、ターゲットリシーケンスに対応した、使いやすく、コスト効率の良い包括的なツールを数多く利用することができます。

特長

- **ターゲットを絞り込んで、研究を容易にコントロール**
  対象領域を絞り込み、データをよりコンパクトにしてさらに管理しやすく
- **より高いカバレッジレベルを実現**
  高いカバレッジレベルでのディープシーケンスで、希少なバリアントを検出
- **より少ないコストでデータセットをさらにコンパクトに**
  シーケンスコストとデータ解析の負荷を低減
- **サンプルから答えまでの時間を短縮**
  他のさまざまな手法に比べ、より短縮されたターンアラウンド

図 1：ターゲットリシーケンス MiniSeq システムで行うターゲットリシーケンスでは、ターゲットを絞ったディープシーケンスにより希少なバリアントを検出できます。

はじめに

世界中の科学者たちが、イルミナのシーケンスおよびアレイテクノロジーを駆使して、疾患に関連する何千もの遺伝子座位を同定してきました。全ゲノム関連解析（GWAS）や全ゲノムシーケンス（WGS）、全エクソームシーケンス（WES）により、幅広いゲノム領域が同定されて以来、ターゲットリシーケンス（図 1）が頻繁に行われるようになり、より深いカバレッジでさまざまなターゲット領域をより詳細に調べることが可能になっています。

ターゲットリシーケンスには、次世代シーケンサー（NGS）のパワーを遺伝子やゲノム領域のサブセットに効率的かつコスト効率よくフォーカスできるといういくつかの利点があります。これにより、ほぼ上限のないダイナミックレンジとより高い感度が生み出す、はるかに高いカバレッジでのシーケンスを実現しています。ターゲットリシーケンスは、WGS や PCR、キャピラリー電気泳動（CE）ベースのシーケンス法による検出では極端にコスト高となる、または検出できないバリアントを解明することができます。希少なバリアントを検出できれば、新たな機能的バリアントの同定やバイオマーカー発見の加速化、トランスレーショナル研究に臨床的に関連するターゲットの同定が可能になります [1]。アンプリコンシーケンスは、生殖細胞 DNA に混ざったがん性腫瘍など、複雑なサンプルにみられる希少な体細胞変異の検出に、とりわけ有用な手法です [2, 3]。GWAS のフォローアップ研究、家畜の育種や作物の選抜、またはトランスレーショナル研究のいずれを行う場合でも、特定の対象に関連するゲノム領域をターゲットにすることができます。

シンプルな統合ワークフロー

MiniSeq システムでは、最も手が届きやすく身近になった NGS ワークフローによりターゲットリシーケンスを行います（図 2）。ユーザーデザインによるカスタムパネルのほか、専門家により選定されたコンテンツを搭載したターゲットシーケンスパネルも選択できます。がん、心筋症、遺伝性疾患などにターゲットを絞ったプローブセットを含むキットなど、数々のターゲットシーケンス用ライブラリー調整キットを幅広く取り揃えています。

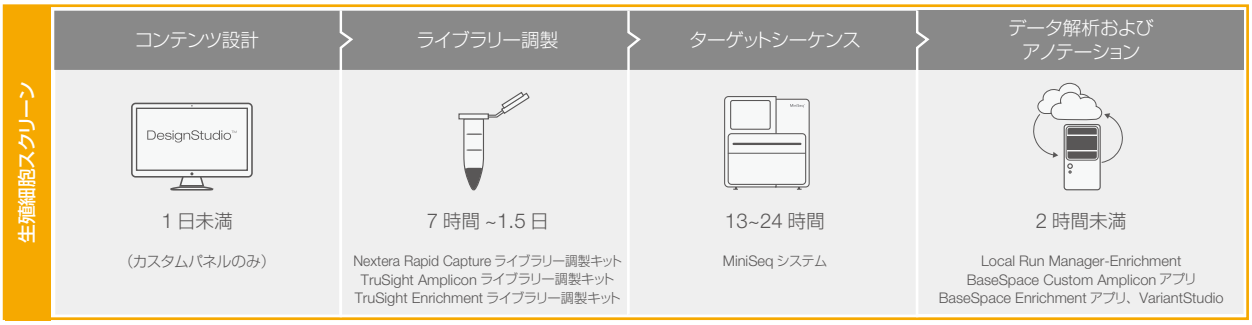

図 2：MiniSeq システムのターゲットリシーケンスワークフロー 効率化されたライブラリー調製、シーケンス、そしてデータ解析までが行える統合ワークフローにより、さまざまなサンプルの研究がコスト効率よく行えます。

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。

ライブラリー調製

イルミナのターゲットリシーケンス法

現在、イルミナのターゲットリシーケンスでは、キャプチャー方式のターゲット濃縮とアンプリコン生成の 2 つの手法が行えます（図 3）。ターゲット濃縮では、選択された特定領域をビオチン標識したプローブとハイブリダイゼーションによりキャプチャーした後、磁力でプルダウンして抽出します。この高度にマルチプレックスされた手法により、遺伝的変異の検出やバリデーション、またはスクリーニングが幅広く行えます。2 番目の手法であるアンプリコンシーケンスでは、高度にマルチプレックスされた複数のオリゴを使用して対象領域の増幅と精製を行います。

固定コンテンツのターゲットシーケンスパネル

ターゲットシーケンスパネルは、選択した対象の遺伝子および領域で特定の変異だけを解析することができる実用的なツールです。固定パネルには、論文や専門ガイダンスから選定した、一定の疾患や表現型に関連する重要な遺伝子および遺伝子領域があらかじめ設定されています。特定の遺伝子や領域にターゲットを絞ったこれらのパネルを利用することにより、リソースを抑え、データ解析に必要な資源、保管場所を削減することが可能になります。複数サンプルの複数遺伝子を並列的に評価してスクリーニングやバリアントの同定が行えるため、個別のアッセイを繰り返し行う時間を短縮し、コストを低減します。設定済みの固定パネルは、がん、遺伝性疾患、さまざまな心疾患の病態など複数の研究分野で利用いただけます。

カスタムシーケンスパネルと DesignStudio™

DesignStudio を使えば、特定の領域をターゲットにしたカスタムパネルをデザインすることができます。GWAS や WGS、マイクロアレイ実験で同定したターゲットのリストをアップロードするだけで、DesignStudio をスタートすることができます。最大数千アンプリコンまでのカスタムパネルをすばやくデザインしたり（キットにより異なる）、注文履歴のある既存パネルに新たなターゲットを追加することもできます。DesignStudio では、逐次デザインの状況を確認しながらターゲット領域のカバレッジを最適化できるため、カスタムプロジェクトのデザインに要する時間を短縮できます。カスタムパネルによるターゲット濃縮では、ライブラリー調製キットのパラメーターに応じて、10kb~62Mb の領域をキャプチャーします。カスタムのアンプリコンシーケンスでは、お使いのライブラリー調製キットにより、合わせて 2.4~652.8kb に及ぶコンテンツに基づいて、16~1,536（イルミナコンシェルジュの利用で追加が可能）のアンプリコンを一度にシーケンスすることができます。

イルミナコンシェルジュが提供する追加支援

イルミナのコンシェルジュサービスは、デザイン支援とイルミナのターゲットリシーケンス法を利用したカスタムプロジェクトの機能拡大に関するサポートを行っています。一部のカスタムターゲットシーケンスキットには固有の分子バーコードを付加して、アリル検出と感度を向上させています [4]。固有分子バーコードにより、重複する PCR を取り除いて、個々の分子を検出することができます。TruSeq Custom Amplicon Assay を使って 2 本鎖のシーケンスを行えば、ホルマリン固定の段階やその他 DNA の損傷により生じる脱アミノ化の要因となり得る偽陰性率を抑えられます。また、イルミナコンシェルジュを利用して、およそ 100bp のより短いアンプリコンをデザインして、ホルマリン固定パラフィン包埋（FFPE）組織から抽出した DNA など分解された DNA への対応を強化することもできます。イルミナコンシェルジュサービスの利用につきましては、弊社担当営業までお問い合わせください。

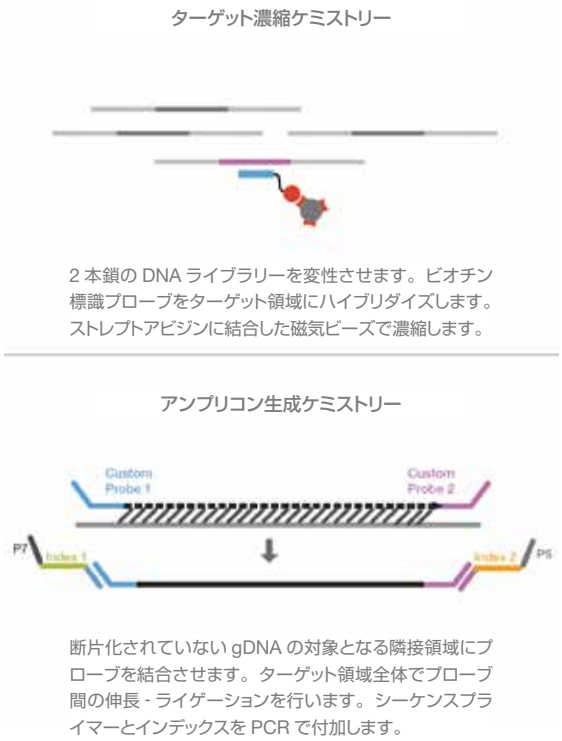

図 3：ターゲットリシーケンス法 イルミナのターゲットリシーケンスのライブラリー調製法では、ターゲット濃縮とアンプリコン生成の 2 つが行えます。

図 4：MiniSeq システム MiniSeq システムは、最新の SBS ケミストリーおよびシンプルに統合されたワークフローを採用しています。

MiniSeq システムで行うシーケンス

MiniSeq システムは、操作を効率化し、使いやすくデザインされています（図 4）。MiniSeq 試薬キットには、フローセルと、洗浄用試薬およびシーケンスに必要な試薬がすべて事前にロードされた試薬カートリッジが含まれているため、ロードからラン開始までのセットアップが迅速に行えます。この試薬キットは、研究デザインに最適なリード長、サンプル数および出力要件に合わせて中出力および高出力の 2 種類から選択できます。

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。

表1：イルミナのターゲットリシーケンスソリューション

	主な性能 / 利点	ターゲット領域の累積サイズ / プローブ数または アンプリコン数	DNA インプット量	MiniSeq システムでの ランあたりの サンプル数 [a]
カスタムのターゲットシーケンスパネル				
Nextera Rapid Capture Custom	• カスタムコンテンツの濃縮 • 1.5 日のライブラリー調製時間	0.5~15Mb 3,000~67,000 プローブ [b]	50ng	1~96 サンプル / ラン [c]
TruSeq Custom Amplicon v1.5	• **FFPE に対応** • カスタムコンテンツの増幅	2~650kb 16~1,536 アンプリコン [d]	50ng（gDNA） 150ng（FFPE）	1~96 サンプル / ラン [c]
TruSeq Custom Amplicon Low Input	• **FFPE に対応** • カスタムコンテンツの増幅 • 少ない DNA インプット量	2~650kb 16~1,536 アンプリコン	10ng（gDNA） 10~50ng（FFPE）[e]	1~96 サンプル / ラン [c]
固定コンテンツのターゲットシーケンスパネル				
TruSight® One Panel	• 既知の臨床表現型に関連する 4,813 の遺伝子をターゲット • 1.5 日のライブラリー調製時間	12Mb	50ng	3 サンプル / ラン
TruSight Cardio Panel	• 17 の遺伝性心臓疾患に関連する 174 遺伝子をターゲット • 1.5 日のライブラリー調製時間	244kb	50ng	12 サンプル / ラン
TruSight Inherited Disease Panel	• 小児の重篤な劣性遺伝病に関連する 552 遺伝子をターゲット • 8,801 のターゲットエクソン	2.25Mb 約 30,000 プローブ	50ng	8 サンプル / ラン
固定コンテンツのがん研究用ターゲットシーケンスパネル				
TruSight Tumor 15	• **FFPE に対応** • 固形がんでの変異がよくみられる 15 遺伝子をターゲット • 5% のアリル頻度の変異を検出	44kb 250 アンプリコン	50 ng	8 サンプル / ラン
TruSight Myeloid Sequencing Panel	• 骨髄性悪性腫瘍にみられる体細胞変異にフォーカスした 54 遺伝子をターゲット • 5% のアリル頻度の変異を検出	141kb 568 アンプリコン	50ng	8 サンプル / ラン
TruSight Cancer Panel	• がん素因に関連する 94 遺伝子をターゲット • 5% のアリル頻度の変異を検出	255kb 約 4,000 プローブ	50ng	24 サンプル / ラン
TruSeq Amplicon Cancer Panel	• **FFPE に対応** • 変異ホットスポットのあるがんに関連する変異の頻度が高い 48 遺伝子をターゲット	> 35kb 212 アンプリコン	150ng（gDNA） 250ng（FFPE）	42 サンプル / ラン

a. MiniSeq Sequencing Kit（高出力）を使用
b. プローブ数はキット構成により異なります。
c. サンプルスループットは実験デザインや平均カバレッジにより異なります。
d. イルミナコンシェルジュを利用して、アンプリコン数を増やすことができます。
e. インプット量は、TruSeq FFPE DNA Library Prep QC Kit を使った QC スコアにより異なります。

アンプリコンシーケンスに適したシーケンスカバレッジの選択

シーケンスカバレッジ（深度）とは、既知のレファレンス塩基にアライメントされる、または、既知のレファレンス塩基を「カバーする」リード数の平均値のことです。カバレッジレベルは、多くの場合、特定の塩基位置で検出された変異が一定の信頼度を伴っているか否かを判定する決め手となります。より高いカバレッジレベルでは、ベースコールの信頼性がさらに高くなり、希少な変異の検出力が向上します。特定の研究で適切な検出レベルを得るためのカバレッジに関するガイドラインは、以下のとおりです：

- ヘテロ接合体の検出 – 40x のカバレッジ
- 5% の変異頻度の単一塩基変化および多塩基欠失 – 1,000x のカバレッジ
- 1% の変異頻度の単一塩基変化および多塩基欠失 – 5,000x 以上のカバレッジ
- 単一塩基のインデル検出には、より高い深度が必要となる場合があります。

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。

図 5：Local Run Manager のユーザーインターフェース Local Run Manager により、シーケンスシステム上で直接ランの設定、準備、および解析が行えます。

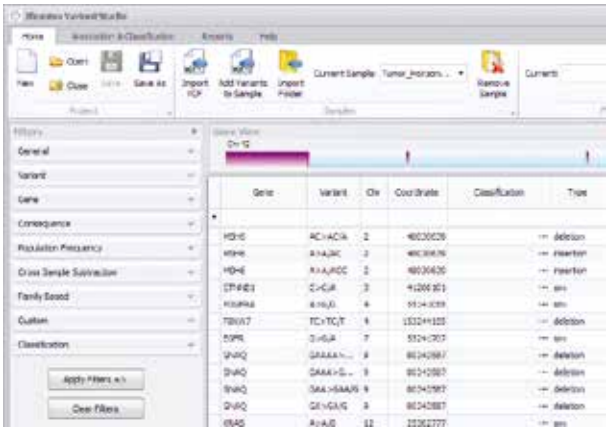

図 6：VariantStudio のユーザーインターフェース イルミナの VariantStudio アノテーションソフトウェアにより、疾患に関連する変異の同定、分類、およびレポーティングが迅速に行えます。

MiniSeq システムでは、ライブラリーや試薬のロード、ランの設定やモニタリングなど、ラン全体を構成する各ステージの進行に合わせた分かりやすい案内が、直感的なタッチパネル操作のインターフェースに表示されます。MiniSeq Control Software は、装置内で画像解析、ベースコール、および品質評価を行います。Sequencing Analysis Viewer（SAV）ソフトウェアを使えば、1 回のランまたは複数回のランの品質に関する指標をリアルタイムに確認できます。SAV ソフトウェアは、シーケンスシステムから使用することも、お使いの WindowsPC から場所を問わずにアクセスすることもできます。

簡素化されたバイオインフォマティクス

MiniSeq システムで行うデータ解析では、インフォマティクスの専門知識もコマンドラインの習得も必要ありません。MiniSeq システムは、ランを設定し、稼働状況をモニターし、シーケンスデータを解析する Local Run Manager ソフトウェアを装置に搭載しています（図 5）。Local Run Manager は、ランが完了すると自動的に装置上でデータ解析を行います。データ解析用モジュールは、さまざまなシーケンスアプリケーションに幅広く利用できるシンプルなレポートを作成します。モジュラー方式を採用しているため、必要に応じて自身の解析モジュールだけをインストールしアップデートすることができます。

さらに、MiniSeq システムで作成したシーケンスデータを Base Space コンピューティング環境（クラウドまたはオンサイト）に瞬時に転送して、保管や解析を行うこともできます。BaseSpace のターゲットリシーケンスソフトウェアアプリは、インフォマティクス初心者でも 1 クリックだけでスタートできるようデザインされた直感的なユーザーインターフェースに、専門家が汎用するデータ解析ツールをまとめて表示します（図 5）。これらのアプリは、アライメントやバリアントコールなど、シーケンスデータ解析の一般的なニーズを幅広くサポートする最適化された解析パイプラインが利用いただけます。BaseSpace の Isaac™ Enrichment アプリ[5] は、濃縮ワークフローで超高速の Isaac Aligner[6] を使ってターゲットシーケンスリードのアラインメントを行い、Starling Variant Caller[6] によりバリアントコールを行います。TruSeq Amplicon アプリ[7] は、アンプリコンワークフローで Smith-Waterman アライメントを利用して、ゲノム解析ツールキット（GATK 1.6）[8]、Isaac Variant Caller[6]、またはイルミナが開発した Somatic Variant Caller[9] によるバリアントコールを行うことができます。

表2：CEシーケンス法、q/RT-PCR法、およびNGSターゲットリシーケンス法の比較

サンプル	CE シーケンス法	q/RT-PCR 法	ターゲットリシーケンス法
利点	• DNA 配列の狭い領域を [a] コスト効率よくシーケンス • 迅速かつシンプルなワークフロー • 現在最も汎用されるシーケンス法	• 高感度 [b] • 迅速かつシンプルなワークフロー • ほぼすべてのラボで設置済みの装置設備	• より高いシーケンス深度が実現するさらに高い感度（1% の変異頻度まで）[b] • より高い検出力（何百もの遺伝子を同時にスクリーニング） • より高い解像度（ヌクレオチドの同一性を判定可能） • 同じ DNA インプット量でより多くのデータを産出 [d] • サンプルのマルチプレックスによる得られるより高いサンプルスループット
課題	• 低い感度（20% の変異頻度まで）[b] • 低い検出力 • DNA 配列の広い領域 [c] に非対応の低いコスト効率性 • サンプルのインプット必要量が多く、スケール調整に制限あり	• 一部の変異のみ調べることが可能 • 検出力はほとんどなし • 変異の解像度に制限あり • サンプルのインプット必要量が多く、スケール調整に制限あり	• DNA 配列の狭い領域 [a] のシーケンスに非対応の低いコスト効率性 • DNA 配列の狭い領域 [a] のシーケンスに非対応の低い時間効率性

a. 狭い領域 =15~20 アンプリコン未満
b. 感度 = アリル頻度の検出限界
c. 広い領域 =15~20 アンプリコン以上
d. 10ng の DNA から、CE シーケンス法ではおよそ 1kb、ターゲットリシーケンス法ではおよそ 300kb のデータを産出（250bp のアンプリコン長 ×TruSeq Custom Amplicon ワークフローで 1,536 アンプリコン）

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。

イルミナの VariantStudio 解析ソフトウェアを使った下流解析では、疾患に関連するバリアントの同定や分類だけでなく、構造化された詳細なレポートを作成することもできます（図 6）。さらに、BaseSpace アプリは、さまざまなデータ解析ツールに直接入力可能な出力ファイルを作成します。BaseSpace 環境で可視化、解析、および共有のためのソフトウェアツールを使用または提供する開発者の数は、現在も増え続けています。これにより NGS が体系的に利用でき、これまでに取り揃えられた市販およびオープンソースの解析ツール数は最大規模を誇ります。

従来のテクノロジーと比較した NGS のターゲットリシーケンス

CE ベースのシーケンス法や PCR 法など、従来の手法を用いても対象となる特定の領域を調べることができますが、NGS のターゲットリシーケンスでは、さらに幅広い対象領域の非常に高感度なシーケンスを最もコスト効率よく行うことができます（表 2）。

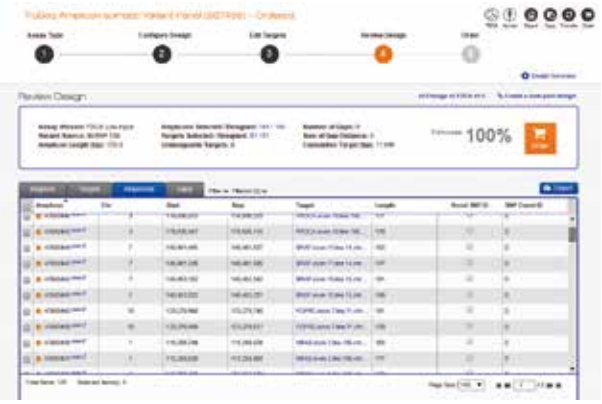

図 7 : DesignStudio のユーザーインターフェース Review Design のステップでデザイン済みのターゲットを表示した DesignStudio のスクリーンショット。カバレッジにギャップが生じている場合は、UCSC Genome Browser にリンクして確認することができます。DesignStudio の最終ステップでは、プローブセットを発注したり、デザインを保存して後で使用することもできます。

実証されたワークフロー： TruSeq Custom Amplicon Low Input

カスタムデザイン

Excel に一覧表示された既知の遺伝子ターゲットを DesignStudio にアップロードしました。遺伝子リストのアップロード完了後、以下のパラメーターを選択しました：

- **アッセイバージョン** – TruSeq Custom Amplicon Low Input
  理由：TruSeq Custom Amplicon Low Input Kit の低量インプット機能を活用するため。
- **バリアントのソース** – dbSNP
  理由：世界中のあらゆる集団の中でも、該当するアッセイデザインに最も関連性のある SNP ソースであるため。
- **アンプリコン長** – 175bp
  理由：断片化の進んだ FFPE 由来 DNA での性能を実証するため。

図 8 : BaseSpace でのランのモニタリング ランの進捗を、BaseSpace ラン進捗チャートでリアルタイムにモニターしました。ラン実行中に、サイクル毎のデータ、Q スコア分布、レーン毎のデータ、タイル毎の基準などを確認しました。

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。

DesignStudio は、提出したターゲットを 100% カバーした 144 アンプリコンのプローブセットを作成しました（図 7）。UCSC Genome Browser* でデザイン不可能なギャップを確認した後、デザインを承認し、DesignStudio からプローブセットを発注しました。

ライブラリー調製

TruSeq Custom Amplicon Low Input のライブラリー調製法では、ビーズを用いてハイブリダイゼーション-伸長-ライゲーションを行います（図 3）。オプションとして、FFPE サンプルの品質評価および推奨量での DNA インプットには、TruSeq FFPE QC コンパニオンキット（カタログ番号 FC-131-9999）の使用を推奨しています。『TruSeq Custom Amplicon Low Input Sample Prep Guide』に従って、ライブラリー調製を行いました。10 TruSeq Custom Amplicon ライブラリーは、肺、胃、および直腸の組織サンプルの 3 つの腫瘍 / 正常サンプルペアから作成しました。TruSeq FFPE QC キットの評価結果とインプット推奨量に応じて、総量 10~50ng の FFPE 由来 DNA インプットで各サンプルライブラリーを調製しました。ライブラリー QC により、すべてのライブラリーで MiniSeq システムでのクラスター形成とシーケンスに充分な収量が得られたことが明らかになりました。各腫瘍 / 正常サンプルペアを複製し、12 サンプルすべてを同時にプールして MiniSeq システムでシーケンスを行いました。

MiniSeq システムで行うシーケンス

プールしたサンプルライブラリー、試薬カートリッジ、およびフローセルを MiniSeq システムにロードしました。Local Run Manager によりクラスター形成と 150 × 2 のリード長でのランをセットアップし、ユーザによる途中操作なしに自動で行った場合の、シーケンスランの所要時間は約 24 時間でした。ランの進捗をモニターし（図 8）、最終のラン指標を作成して BaseSpace で確認しました。

データ解析

画像解析およびベースコールを MiniSeq システムで行いました。BaseSpace の TruSeq Amplicon アプリを使って、デマルチプレックス、アライメント、およびベースコールを行いました。最後に、VariantStudio を使って、バリアントのフィルタリングおよびアノテーションを行いました（BaseSpace からアクセス可）。サマリー一覧を作成して、オンターゲット %、カバレッジ均一性、バリアントコールに関する追加統計をレポートしました（図 9）。この実証されたワークフローにより、分解の進んだ FFPE6 サンプルすべてで、93.28% のオンターゲットカバレッジ（リード 1 およびリード 2 にアライメントできたリード % の平均）と 94.3% のカバレッジ均一性を達成しました。

* DesignStudio から UCSC Genome Browser にリンクしています。

まとめ

MiniSeq システムのターゲットリシーケンスソリューションでは、対象となる特定の遺伝子または領域を高感度かつ高精度に解析することができます。NGS シーケンスの幅広いダイナミックレンジを活用することにより、対象となる特定の遺伝子領域をより高感度かつ高精度に測定することができます。選定されたコンテンツによるカタログパネルの迅速性、ユーザーデザインによるカスタムパネルの柔軟性のどちらを選んでも、よりコンパクトでより身近になったプラットフォームと合わせた MiniSeq ターゲットリシーケンスソリューションにより、高品質の NGS データが得られます。

図 9：BaseSpace クラウドで行うターゲットリシーケンスデータの解析
BaseSpace で TruSeq Amplicon アプリを使えば、結果が直感的なフォーマットで表示されるため、シンプルなデータ解析が行えます。MiniSeq システムでシーケンスを行った場合の、アライメントしたリード %、バリアントコール、およびカバレッジ均一性の指標を表示しています。

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。

詳細情報

DesignStudio についての詳細は：
jp.illumina.com/informatics/research/experimental-design/designstudio.html をご覧ください。

ターゲット遺伝子パネルについての詳細は：
jp.illumina.com/techniques/sequencing/dna-sequencing/targeted-resequencing/targeted-panels.html をご覧ください。

アンプリコンシーケンスについての詳細は：
jp.illumina.com/techniques/sequencing/dna-sequencing/targeted-resequencing/amplicon-sequencing.html をご覧ください。

参考文献

1. Rivas MA, Beaudoin M, Gardet A, et al. Deep resequencing of GWAS loci identifies independent rare variants associated with inflammatory bowel disease. *Nat Genet*. 2011;43:1066-73.
2. McEllistrem MC. Genetic diversity of the pneumococcal capsule: implications for molecular-based serotyping. *Future Microbiol*. 2009;4:857-865.
3. Lo YMD, Chiu RWK. Next-generation sequencing of plasma/serum DNA: an emerging research and molecular diagnostic tool. *Clin Chem*. 2009;55:607-608.
4. Kivioja T, Vähärautio A, Karlsson K, et al. Counting absolute numbers of molecules using unique molecular identifiers. *Nat Methods*. 2011;9:72-74.
5. BaseSpace Isaac Enrichment App (www.illumina.com/informatics/research/sequencing-data-analysis-management/basespace/basespace-apps/isaac-enrichment-1253252.html). Accessed 15 Dec 2015.
6. Raczy C, Petrovski R, Saunders CT, et al. Isaac: ultrafast whole-genome secondary analysis on Illumina sequencing platforms. Bioinformatics. 2013;29:2041-2043.
7. BaseSpace TruSeq Amplicon App (www.illumina.com/informatics/research/sequencing-data-analysis-management/basespace/basespace-apps/truseq-amplicon-2005003.html). Accessed 04 January 2016.
8. Genome Analysis Toolkit (GATK) (www.broadinstitute.org/gatk/).
9. Somatic Variant Caller (www.illumina.com/documents/products/technotes/technote_somatic_variant_caller.pdf). Accessed 06 January 2016.
10. TruSeq Custom Amplicon Low Input Library Prep Reference Guide (support.illumina.com/downloads/truseq-custom-amplicon-low-input-library-prep-reference-guide-1000000002191.html). Accessed 30 December 2015.

製品情報

システム名	カタログ番号
MiniSeq System	SY-420-1001
キット名	
MiniSeq High Output Kit（75 Cycles）	FC-420-1001
MiniSeq High Output Kit（150 Cycles）	FC-420-1002
MiniSeq High Output Kit（300 Cycles）	FC-420-1003
MiniSeq Mid Output Kit（300 Cycles）	FC-420-1004
カスタム濃縮キット	
Nextera® Rapid Capture Custom Kits（48 samples）	FC-140-1007
Nextera® Rapid Capture Custom Kits（96 samples）	FC-140-1008
Nextera® Rapid Capture Custom Kits（288 samples）	FC-140-1009
アンプリコン DNA カスタムパネル	
TruSeq Custom Amplicon v1.5（96 samples）	FC-130-1001
TruSeq Custom Amplicon Low Input（96 samples）	FC-134-2001
TruSeq Custom Amplicon Low Input（16 samples）	FC-134-2002
TruSeq FFPE DNA Library Prep QC Kit	FC-121-9999
TruSeq Custom Amplicon Index Kit（96 indexes, 384 samples）	FC-130-1003
TruSeq Index Plate Fixture Kit	FC-130-1005
TruSeq Index Plate Fixture and Collar Kit（2 each）	FC-130-1007
TruSight 疾患パネル	
TruSight One（9 samples）	FC-141-1006
TruSight One（36 samples）	FC-141-1007
TruSight Cardio（12 samples）	FC-141-1010
TruSight Cardio（48 samples）	FC-141-1011
TruSight Inherited Disease Panel（4 enrichments）	FC-121-0205
アンプリコン DNA パネル	
TruSight Tumor 15（24 samples）	OP-101-1002
TruSight Myeloid Sequencing Panel（96 samples）	FC-130-1010
TruSight Cancer Panel（4 enrichments）	FC-121-0202
TruSeq Amplicon Cancer Panel（96 samples）	FC-130-1008

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。

イルミナの保守サービス、トレーニング、およびコンサルティングを活用して、性能と生産性を最大化

イルミナのサービスチームおよびサポートチームは、導入トレーニングから、装置のサポート、さらに進行中の NGS プロジェクトのコンサルティングまで、お客様のニーズに合わせた適切なフルサポートの数々を提供しています：

プロフェッショナルサービス

プロダクトケアサービス

- 段階的な装置サービス+アドオンサービス
- 装置コンプライアンスサービス
- 装置オンデマンドサービス

イルミナiSchool

- ご希望の施設でのインストラクターによるトレーニング
- イルミナトレーニングラボでのインストラクターによるトレーニング
- オンラインコースおよびウェビナー

コンサルティング

- 装置およびライブラリー調製の検査を行う Proof-of-Concept サービス
- デザイン支援と製品の最適化を行うコンシェルジュサービス

イルミナが提供するサポートについての詳細は：jp.illumina.com/services/instrument-services-training.html をご覧ください。

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/illuminakk

代理店

本製品の使用目的は研究に限定されます。 販売条件：jp.illumina.com/tc

© 2016 Illumina, Inc. All rights reserved.

Illumina, BaseSpace, BeadArray, BeadXpress, cBot, CSPro, DASL, Design Studio, GAIIx, Genetic Energy, Genome Analyzer, GenomeStudio, GoldenGate, HiScan, HiSeq, Infinium, iSelect, MiSeq, Nextera, NextSeq, NuPCR, SeqMonitor, Solexa, TruSeq, TruSight, VeraCode, the pumpkin orange color, the Genetic Energy streaming bases design は、Illumina, Inc. の商標または登録商標です。
その他の会社名や商品名は、各社の商標または登録商標です。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. 770-2015-J047 09MAR2016

illumina®