

SeqStudio Genetic Analyzer

サンガーシーケンシングおよびフラグメント解析のための先端技術

本アプリケーションガイドでは、Applied Biosystems™ SeqStudio™ Genetic Analyzerの優れた特長を紹介します。

- シーケンシングおよびフラグメント解析アプリケーションへの新しいSeqStudio Genetic Analyzerの活用
- 直観的なランのセットアップおよびリアルタイムでの品質管理結果のモニタリング
- Thermo Fisher Cloud内の既存のシーケンシングアプリケーションへのシームレスな統合を可能とする装置の接続性
- サンガーシーケンシングおよびフラグメント解析への以下の効果的なアプリケーション例
 - プラスミドシーケンシング
 - がん研究、次世代シーケンスコンファメーション
 - 種の同定
 - CRISPR-Cas9ゲノム編集解析
 - Applied Biosystems™ SNaPshot™ ジェノタイピング
 - マルチプレックスライゲーション依存的プローブ増幅 (MLPA™) 解析によるヒトコピー数多型 (CNV) の解析



はじめに

Applied Biosystemsの遺伝子解析装置はいずれも、信頼性と確実な結果という基盤の上に構築されています。Applied Biosystemsのキャピラリー電気泳動 (CE) 遺伝子解析装置のラインアップに新たに加わったSeqStudio Genetic Analyzerもこの基盤の上に構築されています。デザインを一新することで装置の使用と維持、およびデータへのアクセスと共有が一段と容易になっています。本アプリケーションガイドでは、サンガーシーケンシングおよびフラグメント解析の信頼性と遠隔モニタリングおよびクラウドベースのアプリケーションとの組み合わせが可能という本装置の優れた特長を紹介しています。この特長は本装置独自のものです。

オールインワンのカートリッジ

本装置の主要な特長の一つである「簡便なセットアップ」は新しいカートリッジデザインによるものであり、効率と簡便性の向上に貢献しています。SeqStudio Genetic Analyzerのオールインワンカートリッジには、キャピラリアレイ、ポリマーリザーバー、陽極バッファが含まれています。カートリッジは取り外し可能で、装置内で最長4か月間保存しておくことができます。各カートリッジにはSeqStudioシステム用の新開発ポリマーが入っており、サンダーシーケンシングおよびフラグメント解析に対応しています。各カートリッジはキャピラリ4本を搭載し、96ウェルの標準的なプレートまたは8ウェルストリップチューブが使用可能です。カートリッジや陰極バッファコンテナには電子タグ(RFID)が付いているので、インジェクション回数(カートリッジ)および装置内での維持時間(陰極バッファコンテナ)が追跡できます。このため、同じ装置を使用する複数の研究者が各自で複数のカートリッジを持ち、必要な時だけ使用できるという進化したフレキシビリティが提供されます。SeqStudio

Genetic Analyzerはメンテナンスも簡便化され、キャリブレーションは高度なイメージングおよびアルゴリズムによって、すべて自動で処理されます。

コンパクトな装置デザイン

SeqStudioは設置面積が小さく、内蔵コンピューターとタッチスクリーンが搭載されているため、ランのセットアップを迅速、直観的かつフレキシブルに実行できます(図1)。ラン設定ソフトウェアはシーケンシングとフラグメント解析を同一プレート上でセットアップできるように設定されており、メソッド間でランを中断する必要はありません。このため、これまでにない効率的な解析が可能となり、例えば、シーケンシングをベースとした遺伝子座スクリーニング変異試験と、フラグメント解析をベースとしたCNV試験を同じラン上で組み合わせることができます。

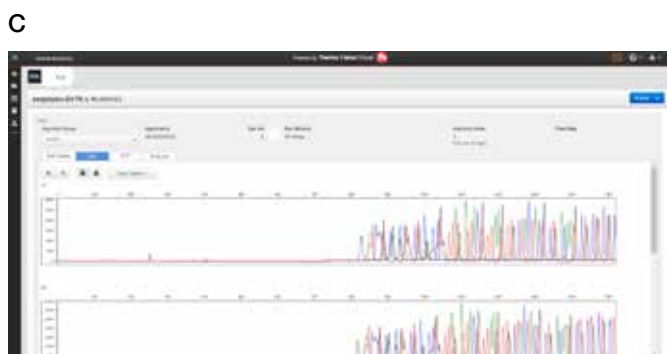


図1. SeqStudio Genetic Analyzer上のランのリアルタイムモニタリング (A) SeqStudioは各キャピラリの結果をリアルタイムで表示します。(B) インジェクションが完了すると品質チェック計算が実行され、結果が表示されます。トレースまたはQC値が良好でないインジェクションは、それらのサンプルの再インジェクションが可能で、必要に応じてインジェクションパラメーターの変更も可能です。(C) 遠隔モニターを行っているコンピューターにはランの進行状況が示されています。(D) PlateManager内でセットアップしたランを直接装置にアップロードできます。PlateManagerはカートリッジ内の汎用ポリマーを活用して、同一プレート上にシーケンシングおよびフラグメント解析のランを設定できます。

新たなレベルの接続性

ワイヤレス接続を装置へ導入することによって、今までにないレベルの簡便性が実現しています (図2)。ワイヤレス接続によって、SeqStudioへのアクセスが装置上のインターフェース、遠隔コンピューターまたは携帯機器アプリを通して行えるようになりました。ランのセットアップは装置内蔵コンピューター、またはThermo Fisher Connect内か別のコンピューター上で作動するスタンドアロンのソフトウェアPlateManagerを使用して実行できます (図2)。ウェブベースのソフトウェアによって、インターネットが使用できる場所であればランのセットアップ、プレートマップ、ラン条件および解析設定のすべてに迅速にアクセスできます。インジェクション条件、再インジェクションおよびインジェクションの再オーダーはすべてラン中の変更が可能のため、各プレートから高品質のデータを収集する能力を最大化できます。

データ収集後は、ウェブベースの一連のアプリケーション、[Sanger Quality Check、Next-Generation Confirmation (NGC)]によって、いつでも容易に解析ができます。DNAの配列変異検出やアライメントなどの解析はいずれもラン完了後すぐに実行できます。また、クラウド接続によって、離れた場所の共同研究者が情報データをモニター、アクセス、共有して同一のデータセットを迅速に解析できます。

本アプリケーションガイドでは、最も一般的なサンガーシーケンシングおよびフラグメント解析アプリケーションに、新しいSeqStudio Genetic Analyzerをいかにスムーズに統合できるかを紹介しします。研究者に最大限のフレキシビリティを提供するSeqStudio Genetic Analyzerは、装置使用およびデータ解析が容易であり、遺伝子解析に適したシステムです。

1 セットアップとラン

- ✓ 装置の登録
- ✓ ランプロトコル取得
- ✓ ランをセットアップして実行
- ✓ ランデータをThermo Fisher Cloudに転送

2 モニター

- さまざまなデバイスからランをモニター
- 結果の確認

4 共有

- プロトコルの共有
- データおよび結果の共有
- 共同研究者と接続

3 解析

- ✓ データへのアクセスおよび共有
- ✓ クラウドアプリを使用したデータ解析
- ✓ 保存およびバックアップ



さまざまなデバイスからThermo Fisher Cloudへの接続



使用が簡単



低価格



高い信頼性

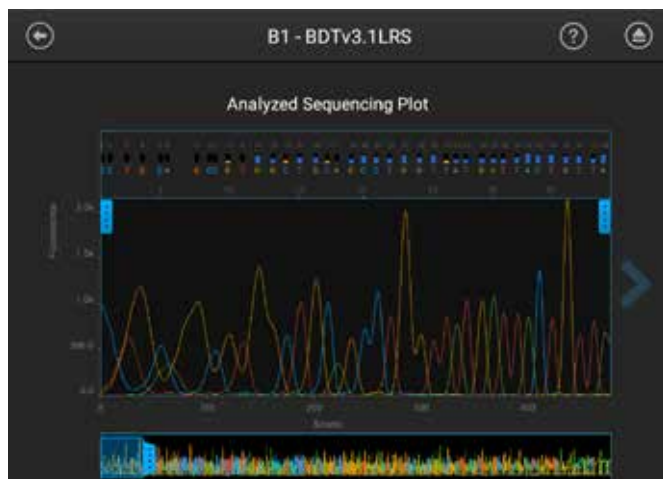
図2. SeqStudio Genetic AnalyzerではThermo Fisher Cloudへスムーズに接続。クラウドアカウントへのログインによって、装置のモニタリング、クラウドアプリを使用したデータ解析、共同研究者とのデータ共有などの遠隔操作が行えます。

プラスミドシーケンシング

サンガーシーケンシングの最も一般的なアプリケーションは、プラスミド内に導入された遺伝子のサブクローン解析です。Applied Biosystems™ BigDye™ ケミストリーはサンガーシーケンシングに広く使用されており、プラスミドシーケンシングのワークフローの一部になっています。SeqStudioプラットフォーム上のいくつかの新しい特長は、ベーシックなプラスミドシーケンシング法を使用する研究者に恩恵をもたらします。装置には短いリード (300塩基対未満)、中程度の長さのリード (500塩基対)、長いリード (600塩基対超) 用に最適化されたシーケンシングモジュールがあらかじめローディングされており、また、特定のニーズに合うよう装置上でのカスタム化も可能です。交換可能なカートリッジは、個々のプロジェクトおよびユーザーごとに管理可能です。クラウドベースのSanger Quality Checkアプリケーションは、シーケンシングトレースを解析するための一連の直観的ツールを提供します。クラウド接続により、シーケンシング情報の遠隔でのモニタリング、アクセスおよび共有することができ、共同研究者が同一のデータセットを用いて迅速に解析できます。

SeqStudioのプラスミドシーケンシングの性能を、M13プライマーとApplied Biosystems™ BigDye™ Terminator v3.1 ケミストリーを使用したpGEM7zf+プラスミドシーケンシングで確認しました。結果は、Thermo Fisher Cloud上のSanger Quality Checkモジュールによるシーケンシングトレース解析によって取得しました (図3)。ここに示す例では、同一のプラスミドを16ウェルでシーケンシング反応し、SeqStudio Genetic Analyzerで4回のインジェクションを実施しました。トレーススコア、プルアップ値 (PUP)、連続リード長 (CRL)、QV20+ (QVが20を超える長さ) は、各サンプルで類似していました。他のストランド上のトレース、およびApplied Biosystems BigDye Terminator v1.1 ケミストリーを使用した他の実験でも同様の結果が得られました。これらのデータは、SeqStudioプラットフォームによって非常に高品質のプラスミドシーケンシングが行えることを実証しています。

A



B

Read ID Name	Read Status	Read Score	Read Length	CRL	PUP	QV20+	QV10+	QV5+	QV0+	QV-1+	QV-2+	QV-3+	QV-4+	QV-5+	QV-6+	QV-7+	QV-8+	QV-9+	QV-10+	QV-11+	QV-12+	QV-13+	QV-14+	QV-15+	QV-16+
B1_01	Success	99.9	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100
B1_02	Success	99.9	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100
B1_03	Success	99.9	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100
B1_04	Success	99.9	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100
B1_05	Success	99.9	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100
B1_06	Success	99.9	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100
B1_07	Success	99.9	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100
B1_08	Success	99.9	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100
B1_09	Success	99.9	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100
B1_10	Success	99.9	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100
B1_11	Success	99.9	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100
B1_12	Success	99.9	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100
B1_13	Success	99.9	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100
B1_14	Success	99.9	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100
B1_15	Success	99.9	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100
B1_16	Success	99.9	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100

図3. クラウドアプリSanger Quality Checkによるシーケンシング品質の解析 (A) ラン完了後、SeqStudioは結果のシーケンシングファイルおよび各塩基の品質スコアを表示します。(B) 独立した16のpGEM7zf+シーケンシング反応産物のランをSeqStudioで実行し、.ab1ファイルをクラウドにアップロードして解析しました。これらの反応では極めて類似したシーケンシング測定値が得られました。CRL = 連続リード長、QV20+ = QV>20のヌクレオチド数

がん研究、次世代シーケンスコンファメーション

臨床研究にSeqStudio Genetic Analyzerを導入することで、腫瘍組織中の変異アレルの検出および確認に利用できます。

- SeqStudioには、ホルマリン固定パラフィン包埋 (FFPE) 組織からのDNA抽出用に最適化されたモジュールがあらかじめ設定されています。
- クラウドベースのNGCモジュールは、次世代シーケンシング (NGS) で同定した変異 (.vcfファイル) とサンガーシーケンシングデータを迅速に比較・確認できます。
- Applied Biosystems™ Minor Variant Finder (MVF) Software およびSeqStudioで作成するサンガートシーケンスデータによって、わずか5%程度のアレル変異が検出できます。
- Applied Biosystems™ BigDye™ DirectケミストリーおよびApplied Biosystems™ BigDye XTerminator™ ケミストリーは、単一チューブでのシーケンシングおよびクリーンアップによってサンガーシーケンシングのワークフローを簡素化します。

腫瘍サンプル中の変異アレルを検出するSeqStudio Genetic Analyzerの性能を、10の異なるFFPE腫瘍サンプルから抽出したゲノムDNAの解析、および4つの異なるホットスポット領域での変異頻度同定によって確認しました。変異アレルの頻度は、Ion Torrent™ OncoPrint™ Focus Panelを使用したNGSおよびBigDye Direct/BigDye XTerminatorケミストリーとMVF Softwareを使用したサンガーシーケンシングで同定しました。SeqStudio Genetic Analyzerで測定したアレル頻度は約9%~70%の間で、NGSとの良好な相関を示しました (図4A)。

そして、KRASおよびNRASにおいて最も一般的な発がん性変異検出用のサンガーシーケンシングプライマーを含む96ウェルプレートを使用して、SeqStudio Genetic Analyzerの変異頻度の解析能力を確認しました。SeqStudioによるマイナーアレル頻度の解析により、1 ngのFFPE抽出DNA希釈物でアレル頻度が正確に測定されました (図4B)。SeqStudio Genetic Analyzerを用いることでFFPE組織由来サンプルにおいてレアなアレル検出の可能性が示されました。詳しい情報は[1]を参照ください。

さらに、クラウドベースのNGCアプリケーションではサンガーシーケンシングのデータがアンプリコンおよび検体で整理されるため、.vcfファイルで候補変異シーケンスに正しくアラインされるため、NGSで同定した変異を容易に確認できます。NGCアプリケーションをがん研究ワークフローで使用する例として、Ion Torrent™ OncoPrint™ Oncology Focusパネルによって同定したNRAS変異の存在をサンガーシーケンシングで検証した例が示してあります (図4C)。SeqStudioの結果からは、NRAS変異 (p.Ala59Thr) の存在が検証されました。NGCアプリケーションを用いることでNGSで検出された変異のサンガーシーケンスデータを用いた検証が容易に実施できることが示されました。

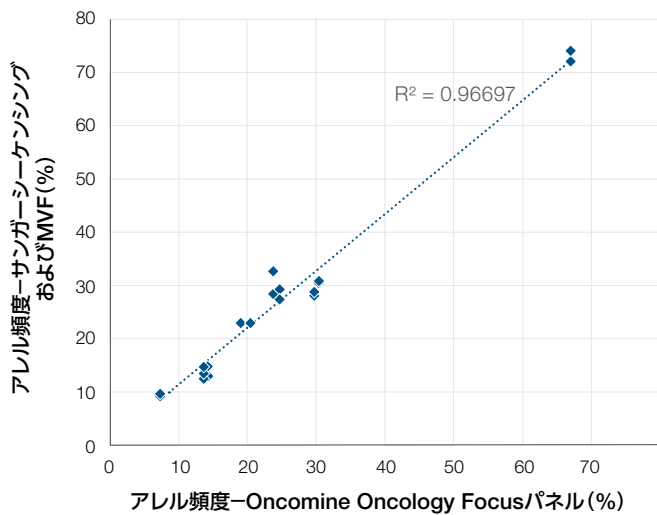
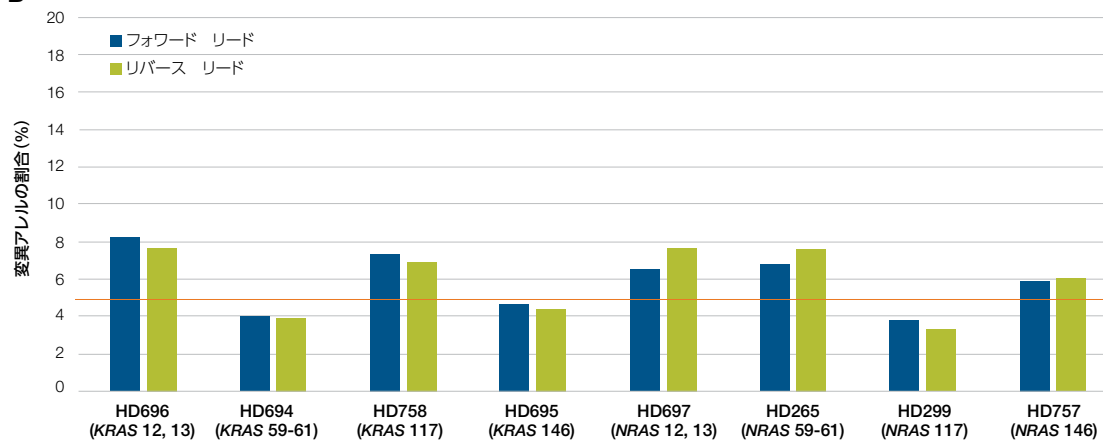
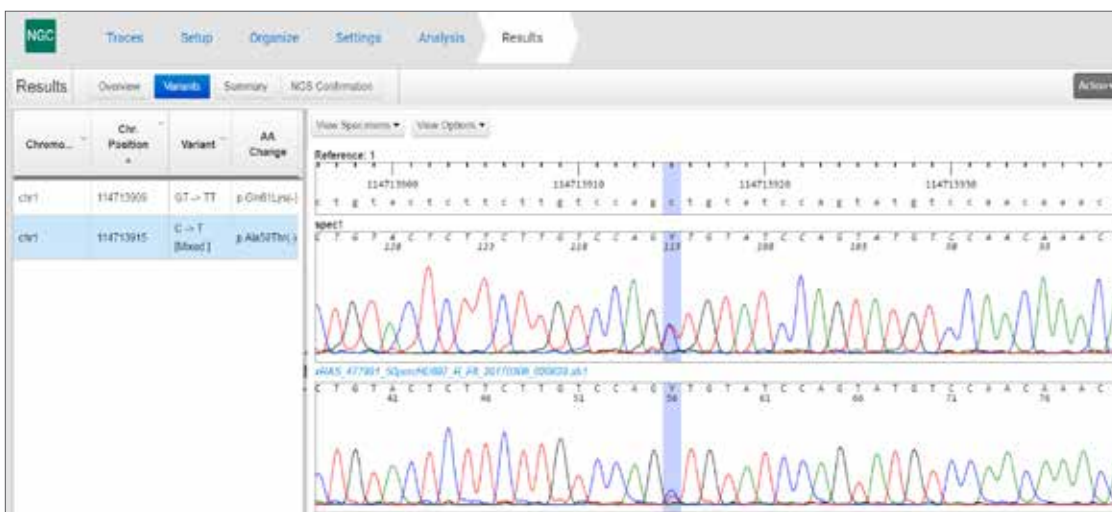
A**B****C**

図4. SeqStudioによるFFPEサンプル解析。 (A) 10種類の腫瘍サンプルの4つのホットスポットにおける変異を、Ion Torrent SequencingおよびSeqStudioでのサンガーシーケンシングで解析しました。変異アレール頻度に関して、幅広いアレール頻度の範囲で2種類の手法間の極めて良好な相関が観察されました。(B) 既知のRASホットスポット変異を有する8種類のFFPEサンプルを5%アレール頻度に希釈し、KRASおよびNRASにおいて最も一般的な発がん性変異配列用のサンガーシーケンシングプライマーを含む96ウェルプレートおよびSeqStudio Genetic Analyzerを使用して解析しました。各アレールで正確なアレール頻度が測定されました。5%からの偏差はサンプルの出発濃度のわずかな差を反映しています。5%の頻度を黄色線で示します。10%および50%の希釈においても同様の結果が得られました。(C) NGSで同定した変異の検証。Ion Reporter™ Softwareで作成した.vcfファイルから、関心遺伝子座をターゲットとするサンガーシーケンシングプライマーをPrimer Designerから注文し、サンプルのシーケンシングをSeqStudioで実行し、.vcfファイルとサンガーシーケンシングデータに共通な変異をNGSクラウドアプリケーションでハイライトしました。

種の同定

ゲノムデータを容易に入手できるようになれば、「指紋」遺伝子座のDNAシーケンシングによって未知のサンプル中の生物種が同定できます。MicroSEQ™キットなどのApplied Biosystemsのキットは、リボソームDNA (rDNA) 配列のサンガーシーケンシングによって原核生物および真菌の同定を容易にしています[2]。同様に、真核生物もミトコンドリア特異的な遺伝子座を同定遺伝子座として使用することで同定できます。この戦略はBarcode of Lifeプロジェクトで活用されており (barcodeoflife.org [3]を参照ください)、未知の真核生物サンプルの同定を迅速に確立する手段を提供しています。

微生物同定に関するSeqStudio Genetic Analyzerの性能を示すために、ATCCからさまざまな微生物のゲノムDNAサンプルを入手してApplied Biosystems™ MicroSEQ™ 500 PCRキットおよびSeqStudio Genetic Analyzerを使用したシーケンシングを実施し、得られた配列をBLASTデータベースと照合しました。各シーケンシング反応に関して、正しい微生物が高いBLAST信頼度で同定されました。同様に、魚ミトコンドリアシーケンス (COI遺伝子) 用のプライマーと魚サンプルを使用した実験では、正しい魚種が最も高いBLASTヒットとして同定されました。BLASTとの照合で種が正しく同定されていることから、SeqStudioプラットフォームが極めて良好に種の同定に使用できることが示されました。

表1. SeqStudio Genetic Analyzerによる種の同定解析 微生物DNAサンプルまたは魚から抽出したゲノムDNAサンプルのシーケンシングを、16s rDNA用のプライマーとMicroSEQキット (Applied Biosystems™ BigDye™ Terminator v1.1ケミストリー)、または魚ミトコンドリアCOI配列用のプライマーとApplied Biosystems BigDye Terminator v3.1ケミストリーで実行しました。

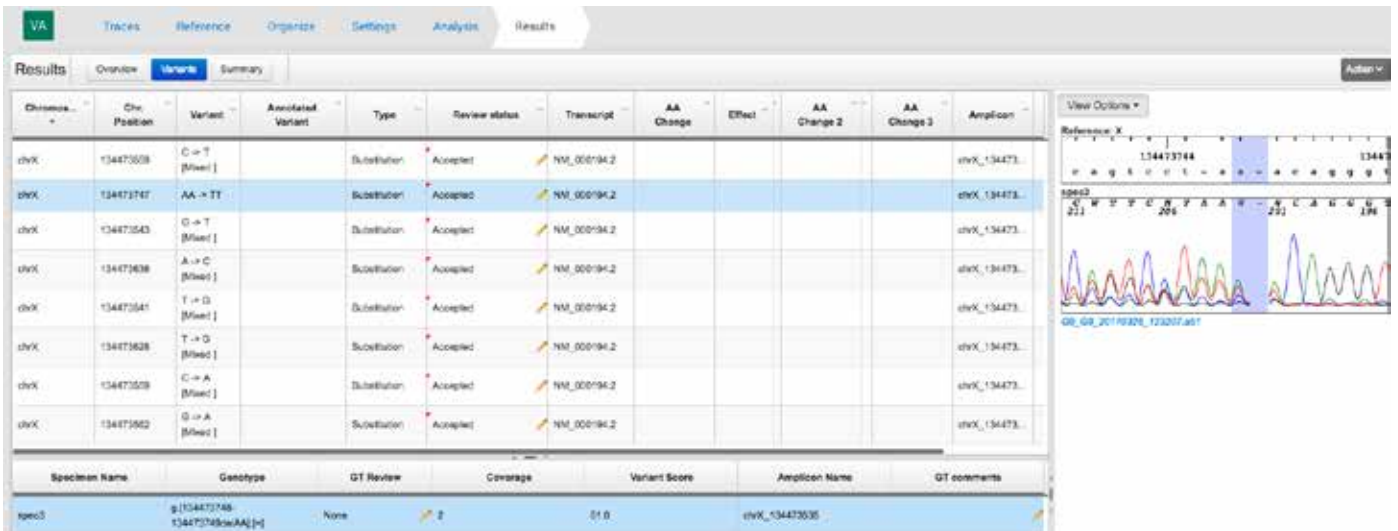
	生物数	クエリー数	正しい同定の割合
微生物	24	48	100
魚	12	24	100

ゲノム編集

CRISPR-Cas9システムなどによるゲノム編集技術は、多くの生物学者が利用可能な技術として急速にその使用が広がっており、生物学およびヘルスケアのすべての分野に革新をもたらしています。当社ではゲノム編集プロジェクトに必要な多くのツールを提供しています。ゲノム編集プロジェクトに不可欠な部分として、サンガーシーケンシング解析を容易にするとともに、ゲノム編集ワークフロー内に良好に適合するSeqStudioの特長が挙げられます。特に、生成されるデータは、ゲノム編集の効率を解析するツールとして広く使用されているTracking of Indels by Decomposition (TIDE) ソフトウェア[4]と互換性があります。

ゲノム編集プロジェクトにおけるSeqStudio Genetic Analyzerの有用性を実証するために、*HPRT*または*relA*遺伝子座中のターゲット部位付近にランダムな欠失を導入するよう編集されたHEK293細胞から全細胞溶解物を入手しました。編集部位を確認するためにサンガーシーケンシングデータをクラウドにアップロードし、Sanger Variant Analysisモジュールで解析しました (図5A)。編集部位が明確に同定され、開裂部分の下流に多くの混合塩基ピークが見られました。この初代培養物細胞中での編集効率を測定するために、TIDEソフトウェアで解析しました。各ケースにおいて、各遺伝子座の欠失のスペクトルおよび頻度は、フォワードおよびリバース リードで生成されたデータを使用した場合のいずれもほぼ同一でした (図5B)。これらの頻度から、同一の編集を行った細胞集団のTOPOクローニングに続くサンガーシーケンシングで得られた結果が裏付けられています[5]。

A



B

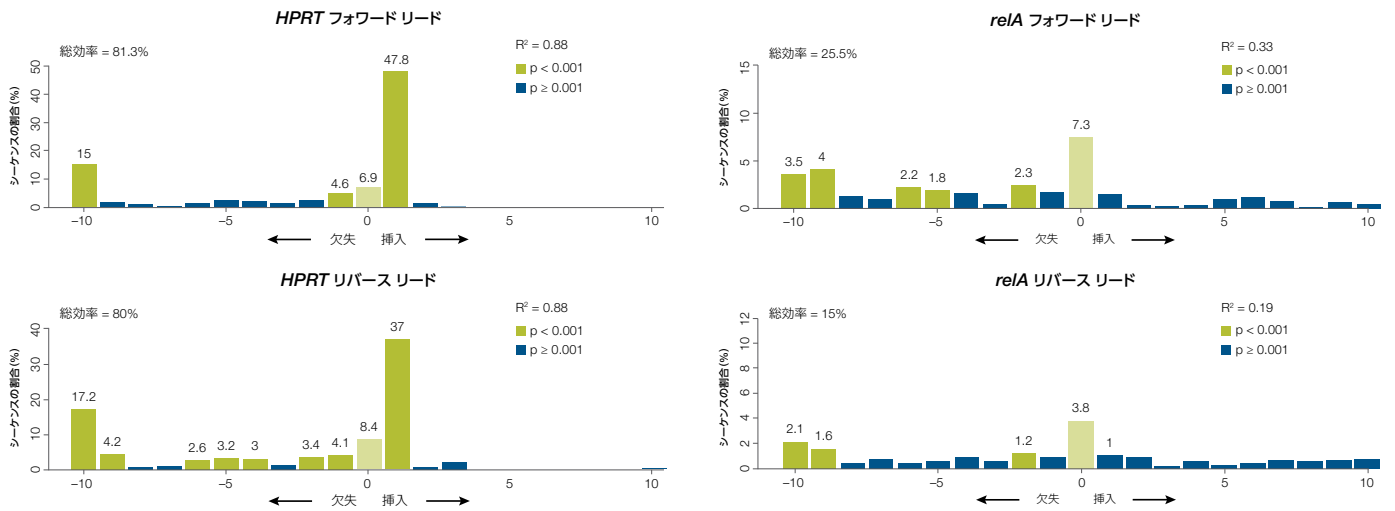


図5. SeqStudioによるゲノム編集サンプルの解析。(A) ヒトHPRT遺伝子座におけるゲノム編集イベントの混合細胞集団の解析を、クラウド操作が可能なSanger Variant Analysisアプリを使用して実行しました。このアプリでは、フォワードおよびリバースリードの両方に一般的な一塩基多型を同定すると同時にゲノム開裂の場所の同定も可能であり、開裂部位の下流(この例では右側)に混合配列の集団が生成されています。(B) TIDEソフトウェアと混合集団をSeqStudioでシーケンスして得られた2種類のゲノム編集イベントの解析。棒グラフは、示された数のヌクレオチドの欠失または挿入を有する集団の割合を表しています。編集の全体的な効率率はHPRTで約80%、relA遺伝子座で約20%でした。

SNaPshotマルチプレックスシステム

一塩基多型 (SNP) の同定は、ゲノムが生物学的表現型にどのような影響を及ぼすかを理解するために極めて重要です。SNPの変異を解析するために、Applied Biosystems™ SNaPshot™ Multiplex Systemが開発されました [7]。特定のアルルに対応する、カスタム化が可能でカラーコードされた異なるサイズのフラグメント解析が実行されます。SeqStudioには新しい特長として、サイズやピーク面積といったフラグメント解析結果のレポート機能の搭載など、SNaPshot解析を容易にするための機能が含まれています。さらに、単一プレート上でフラグメント解析とシーケンシング解析を同時設定できるため、1回のラン設定でSNPプロファイリングとサンガーシーケンシングが可能です。

SNaPshotワークフローにおけるSeqStudioの性能を証明するために、腫瘍由来FFPEサンプルからゲノムDNAを抽出し、KRAS G12XおよびG13XアルルをターゲットとするプローブおよびSNaPshotマルチプレックス試薬キットで解析しました。SeqStudio装置の結果からは、この位置での異なるアルルの存在と正確なコールが明示されました (図6)。ただし、SeqStudio装置でアルルは正確に検出されるものの、他のプラットフォームと比較するとポリマーの化学的性質の違いのために全ピークの絶対的な移動がわずかに異なる場合があります。このため、アルルとピークを明確に関連付けるために大規模な解析前には既知のアルルを使用したキャリブレーションの必要があります。

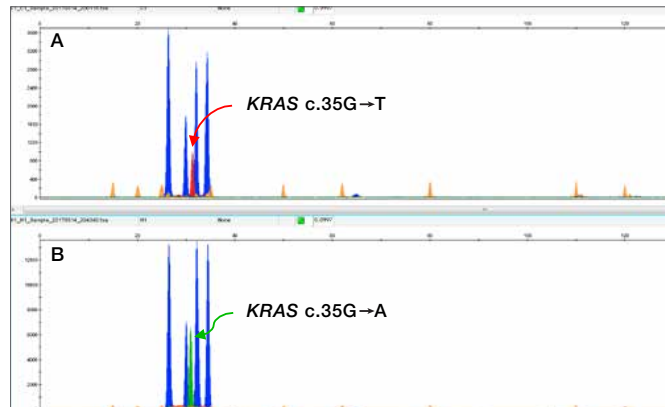


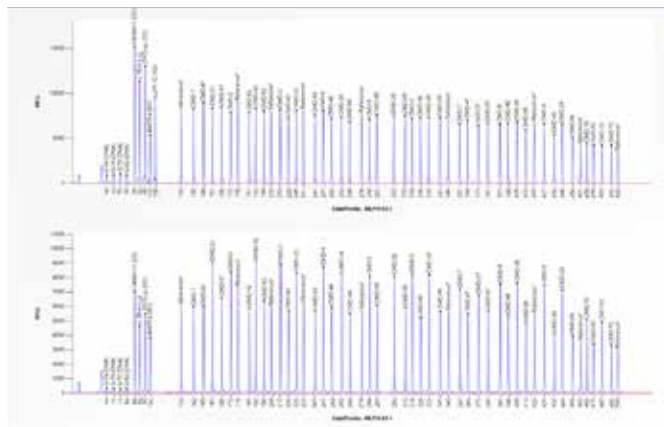
図6. SeqStudioでSNaPshot Multiplex スキットを使用したSNP解析
2種類の腫瘍由来のFFPE抽出DNA (1 ng) をSNaPshotマルチプレックスキットとKRAS特異的プライマーで処理した後、SeqStudioでフラグメント解析を実行しました。SNaPshotマルチプレックスキットがアルル特異的な色および長さを有するフラグメントを生成します。4つの青色のピークは、KRAS c.34、c.35、c.37、c.38における野生型のアルルを表しています。赤色のピーク (A) からはサンプルがKRAS c.35G→T変異も有していることが示され、緑色のピーク (B) は異なるサンプル中の同一位置の異なるアルルを示しています。

Multiplex ligation-dependent probe amplification (MLPA)

Multiplex ligation-dependent probe amplification (MLPA) は、1つの遺伝子座のコピー数変異に起因するヒトの遺伝性疾患を研究するために広く使用されている方法の一つです [8]。MRC Holland社が開発したこの方法では、関心遺伝子座にハイブリダイズする隣接プローブを最高50マルチプレックスペアまで解析できます。MLPAプローブアンプリコン解析には、高いダイナミックレンジ、サイジング精度、ピーク高フィデリティが必要になるため、SeqStudioはMLPA解析の実行に理想的なプラットフォームとなります。SeqStudioで得られる結果は、MLPAデータ解析用のMRC Holland社のCoffalyzer.Netソフトウェアと互換性があります。

SeqStudioでのMLPAによって、デュシェンヌ型筋ジストロフィー (DMD) 遺伝子のエクソン2-30の重複を有することが既知のプローブ由来DNAサンプルおよび正常サンプルを、MRC Holland社のP034 DMDアッセイセットで解析しました。これらのサンプルのピーク高および相対的サイズから、重複を含む領域の正確な検出が容易に行えました (図7)。より大きな欠失および小さな欠失のためのプローブを使用した場合も類似の結果が得られました。このことから、SeqStudioはCNVを含む領域のMLPA解析用ツールとして利用可能であることが示されました。

A



B

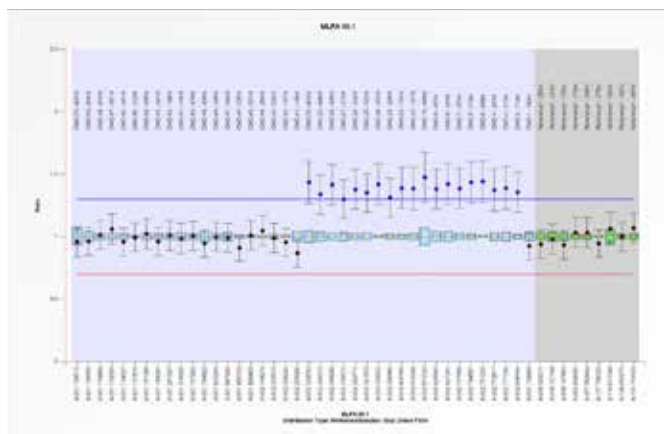


図7. SeqStudioでMLPAを使用したCNV解析。(A) DMD遺伝子におけるCNV検出のために解析されたサンプルのフラグメントプロファイル。いくつかのフラグメントのピーク高は上部サンプルよりも下部サンプルにおいて高くなっていますが、これはその領域でのDNAの重複を示しています。(B) 対応する比のチャートでは、プローブがDMD遺伝子座にアラインされ、エクソン2-30におけるDMDプローブの比の増大が明示されています。青色の閾値を超えるプローブは、コピー数が2から3へ増加していることを示しています。

まとめ

キャピラリー電気泳動は、遺伝子解析のための有用なツールとして長年にわたって使用されています。そして、サンガーシーケンシングおよびフラグメント解析は、依然としてシーケンシングおよびDNA解析のためのゴールドスタンダードです。本アプリケーションガイドでは新しいSeqStudio Genetic Analyzerが生成するデータが、キャピラリー電気泳動を用いた一般的なアプリケーションと適合することを紹介しました。また、SeqStudio Genetic Analyzerが、最小限のハンズオンタイムで容易な実験を可能にするとともに、Thermo Fisher Cloudを利用することでデータの共有とアプリケーションを介した共同研究を容易にし、さらにはシーケンシングとフラグメント解析の同時実施が可能となることも示しました。SeqStudio Genetic Analyzerの新しいデザインと機能の向上により、遺伝子解析のゴールドスタンダードであるキャピラリー電気泳動を利用するための新しい可能性が生まれます。

参考文献

1. Low-level somatic variant detection in tumor FFPE samples by Sanger sequencing COL31176 0616
2. Technical note: MicroSEQ Rapid Microbial Identification System
3. Borisenko AV et al. (2009) The front-end logistics of DNA barcoding: challenges and prospects. *Mol Ecol Resour* s1:27-34.
4. Brinkman EK et al. (2014) Easy quantitative assessment of genome editing by sequence trace decomposition. *Nucleic Acids Res* 42:e168.
5. Application note: Using Sanger sequencing to facilitate CRISPR- and TALEN-mediated genome editing workflows
6. Product bulletin: SNaPshot Multiplex System for SNP genotyping
7. Schouten JP et al. (2002) Relative quantification of 40 nucleic acid sequences by multiplex ligation-dependent probe amplification. *Nucleic Acids Res* 30:e57.

Ordering information

製品	サイズ	製品番号
BigDye Terminator v1.1 Cycle Sequencing Kit	100 反応	4337450
BigDye Terminator v3.1 Cycle Sequencing Kit	100 反応	4337455
BigDye Direct Cycle Sequencing Kit	100 反応	4458687
BigDye Xterminator Purification Kit	100 プレップ	4376486
ExoSAP-IT PCR Product Cleanup Reagent	100 反応	78200.200.UL
SNaPshot Multiplex kit	200 反応	4323151
SeqStudio Genetic Analyzer		SEQ
SeqStudio Cartridge		A33671

詳細はこちらをご覧ください。 www.thermofisher.com/seqstudio

研究用에만使用できます。診断目的およびその手続上での使用はできません。
記載の社名および製品名は、弊社または各社の商標または登録商標です。
For Research Use Only. Not for use in diagnostic procedures. © 2017 Thermo Fisher Scientific Inc. All rights reserved.
All trademarks are the property of Thermo Fisher Scientific and its subsidiaries unless otherwise specified.
MLPA is a trademark of MRC-Holland.
価格、製品の仕様、外観、記載内容は予告なしに変更する場合がありますので予めご了承ください。
標準販売条件はこちらをご覧ください。 www.thermofisher.com/jp-tc

販売店

DNE046-A17080B

サーモフィッシャーサイエンティフィック ライフテクノロジーズジャパン株式会社

本社：〒108-0023 東京都港区芝浦 4-2-8

テクニカルサポート ☎ 0120-477-392 ✉ jptech@thermofisher.com
 オーダーサポート TEL: 03-6832-6980 FAX: 03-6832-9584
 営業部 TEL: 03-6832-9300 FAX: 03-6832-9580

[facebook.com/ThermoFisherJapan](https://www.facebook.com/ThermoFisherJapan)

[@ThermoFisherJP](https://twitter.com/ThermoFisherJP)

www.thermofisher.com

ThermoFisher
SCIENTIFIC