

TruSeq RNA Access Library Prepキットを用いた FFPE検体のRNA-Seq

November 17, 2015



寺倉 伸治
イリミナ株式会社
アプリケーションコンサルタント

© 2015 Illumina, Inc. All rights reserved.
Illumina, 24sure, BaseSpace, BeadArray, BlueFish, BlueFuse, BlueGnome, cBot, CSPPro, CytoChip, DesignStudio, Epicentre, ForenSeq, Genetic Energy, GenomeStudio, GoldenGate, HiScan, HiSeq, HiSeq X, Infinium, iScan, iSelect, MiSeq, MiSeqDX, MiSeq FGx, NeoPrep, NextBio, Nextera, NextSeq, Powered by Illumina, SureMDA, TruGenome, TruSeq, TruSight, Understand Your Genome, UYG, VeraCode, verifi, VeriSeq, the pumpkin orange color, and the streaming bases design are trademarks of Illumina, Inc. and/or its affiliate(s) in the US and/or other countries. All other names, logos, and other trademarks are the property of their respective owners.

illumina®

TruSeq RNA Access Library Prep Kit を用いれば、

- ▶ 断片化した少量のRNAからRNA-Seq用のライブラリーが調製可能

ホルマリン固定パラフィン包埋（FFPE）検体からでもライブラリー調製が可能

- ▶ 正確な遺伝子発現の把握と融合遺伝子の検出が可能

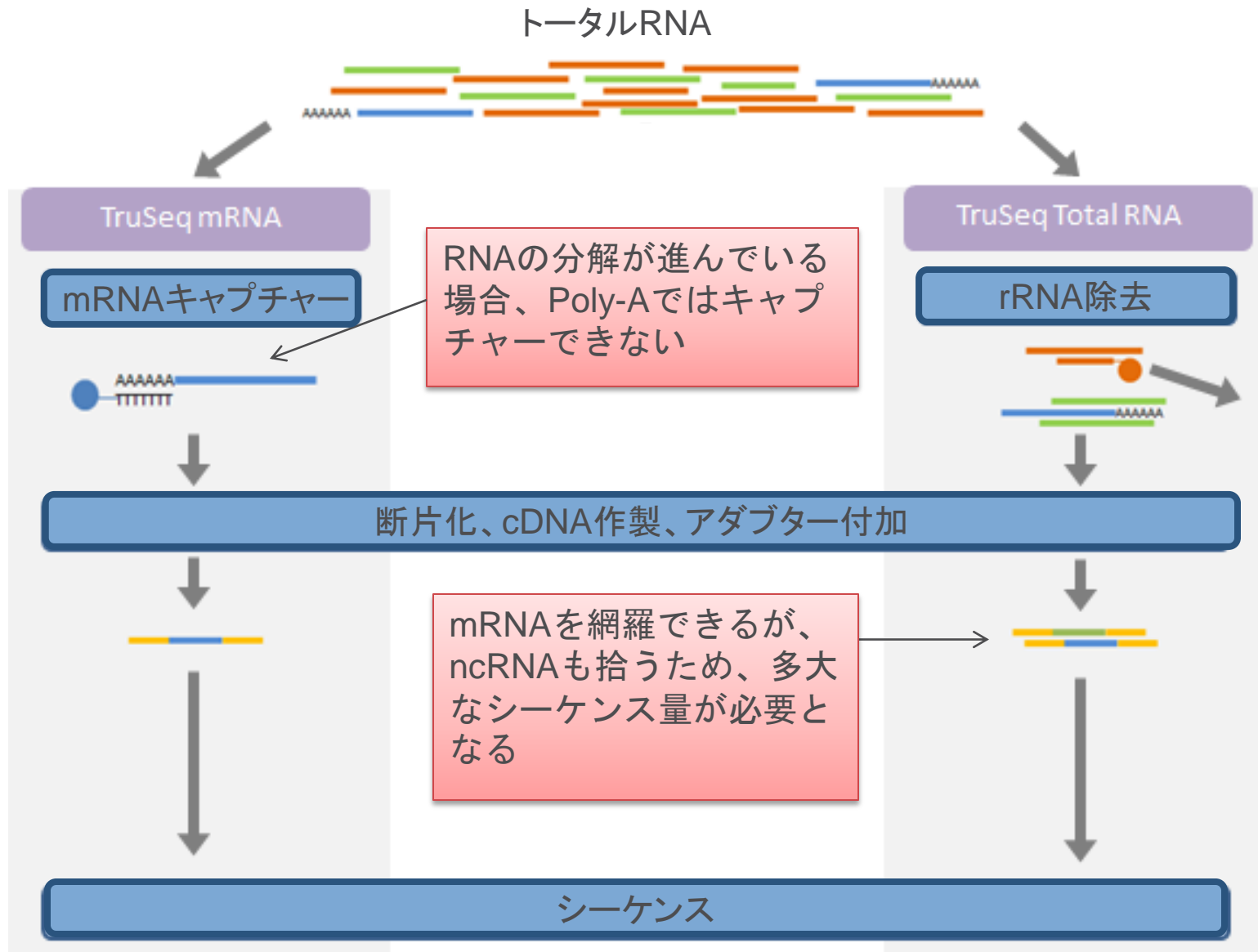
注意！
対応生物はヒトのみとなります

本日のOutline

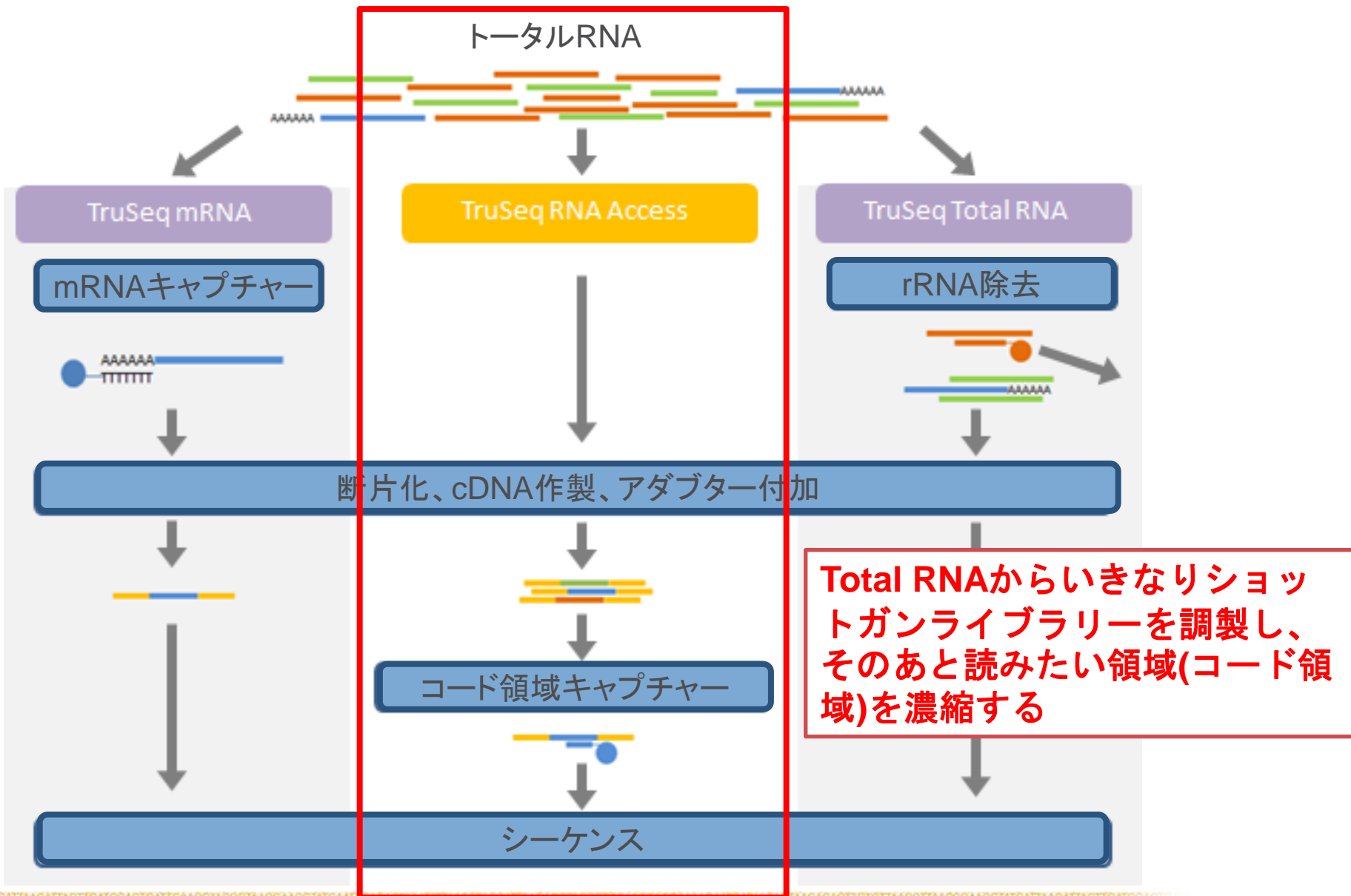
- ▶ TruSeq RNA Accessの実験ワークフローと詳細について
(必要なRNAの量と性状、留意点とQCポイント、必要準備品)

- ▶ RNA-Seqの結果紹介
(遺伝子発現解析と融合遺伝子の検出)

これまでの手法とその課題



新たな提案：TruSeq RNA Accessライブラリー調製キット



コーディング領域 (mRNA) だけを効率よくシーケンス



コーディング
 UTR
 インtron
 遺伝子間領域

% Bases Aligned to Region

0% 25% 50% 75% 100%

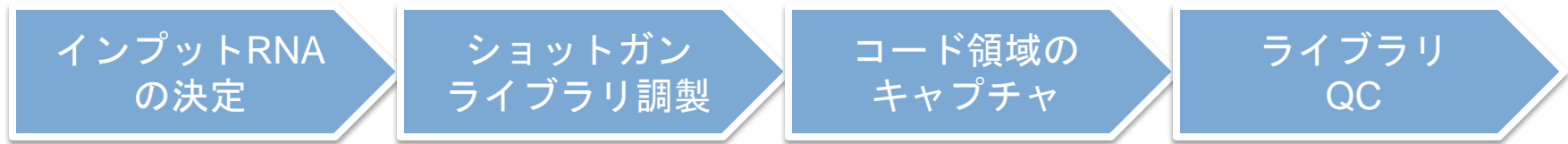
TruSeq Stranded Total RNA



TruSeq RNA Access



TruSeq RNA Accessライブラリー調製キットのワークフロー



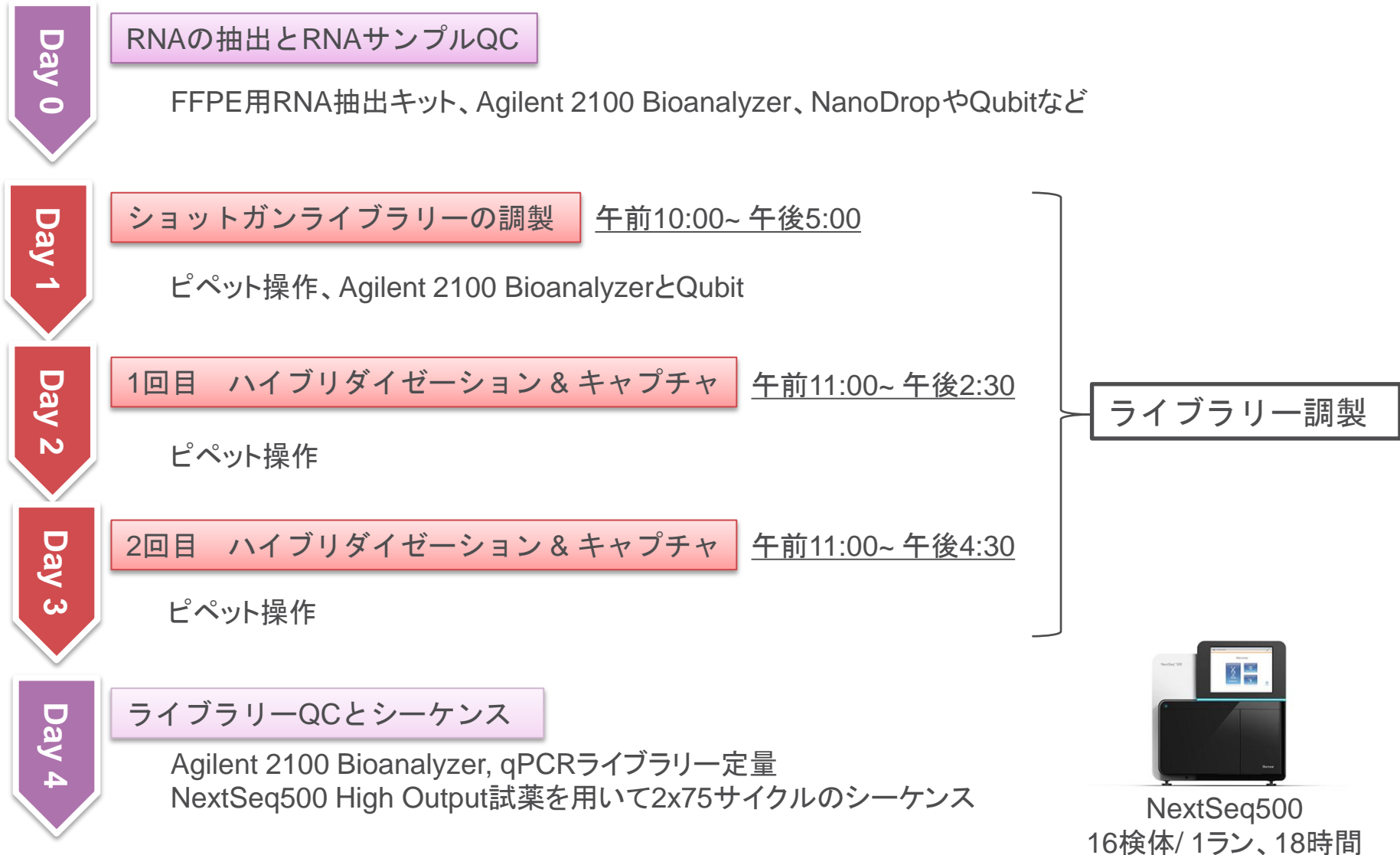
- ・新QC手法”DV₂₀₀”によるインプットRNAの決定

- ・TruSeq RNAで採用したストランド情報(転写方向情報)ありのショットガンライブラリーを調製
- ・FFPE向けに手法の変更がある

- ・タンパク質コード領域を認識するオリゴプローブを用いたハイブリダイゼーションにより、読みたい領域を濃縮する

- ・分子濃度を求める

TruSeq RNA Accessを用いたRNA-Seq解析スケジュール



インプットRNAについて

- 損傷のないRNAであれば、10 ng Total RNAスタート
- **断片化したRNAはDV₂₀₀ (200 nt以上のRNA分子の割合) でQC**
- DV₂₀₀の値に応じてインプット量を調節

定量方法については指定はございません、ナノドロップやQubitをご使用ください

品質	DV ₂₀₀	推奨スタートRNA量
High	>70%	20 ng
Medium	50 ~ 70%	20 ~ 40 ng
Low	30 ~ 50%	40 ~ 100 ng
Too Degraded	<30%	推奨せず

表 DV₂₀₀に基づく推奨インプット量

分解サンプルでも高品質なサンプルの場合、20ngからライブラリーが調製できる

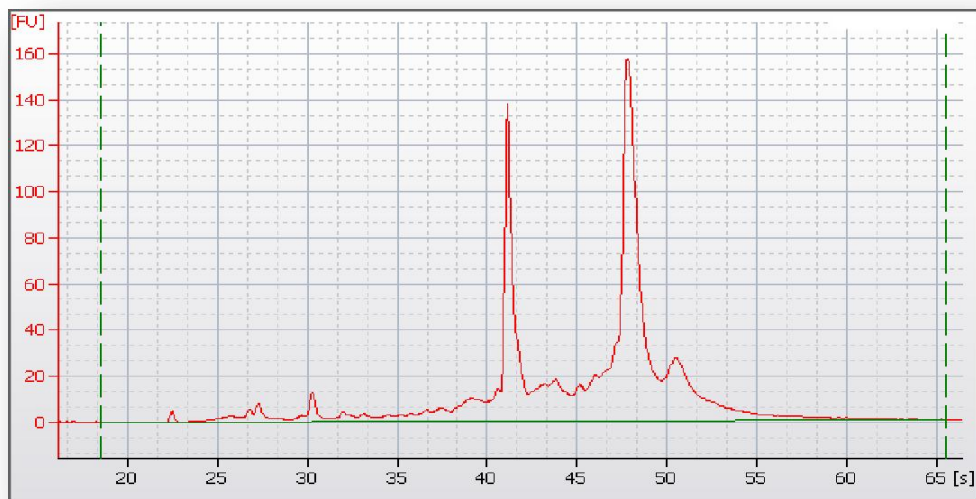
初めて実験を行う場合には、ポジティブコントロールを推奨
Agilent Technologies Human UHR total RNA (catalog # 740000)

Technical Note 「Evaluating RNA Quality from FFPE Samples」を参照

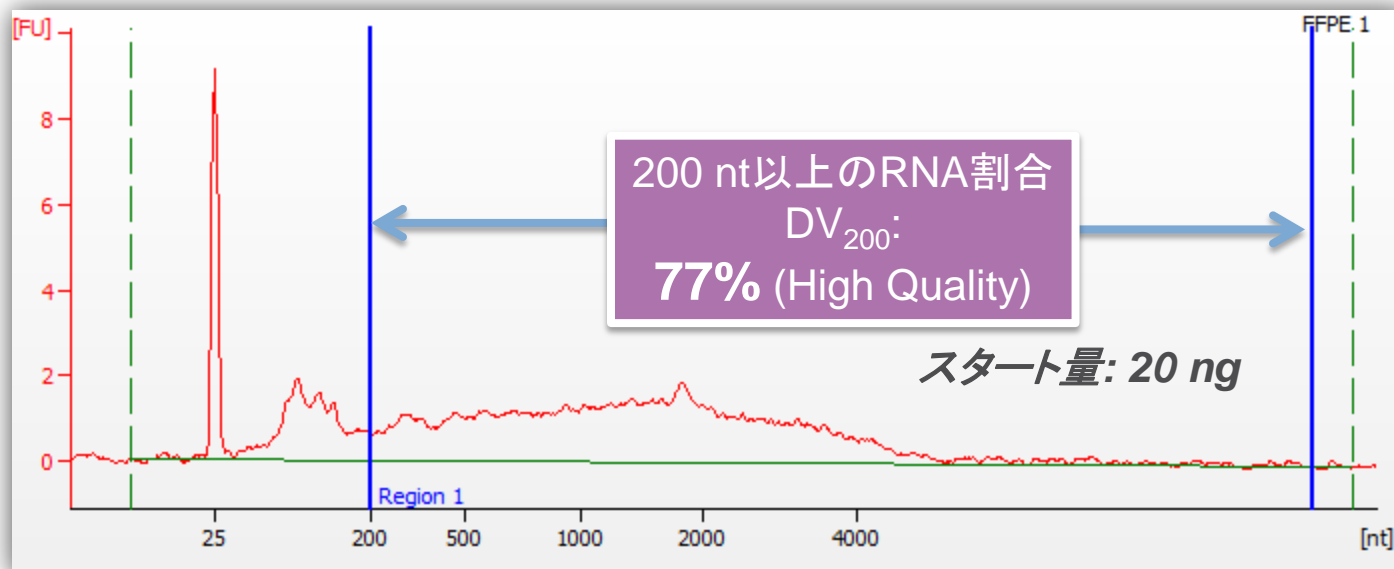
<http://www.illumina.com/documents/products/technotes/technote-truseq-rna-access.pdf>

インプットRNAの例

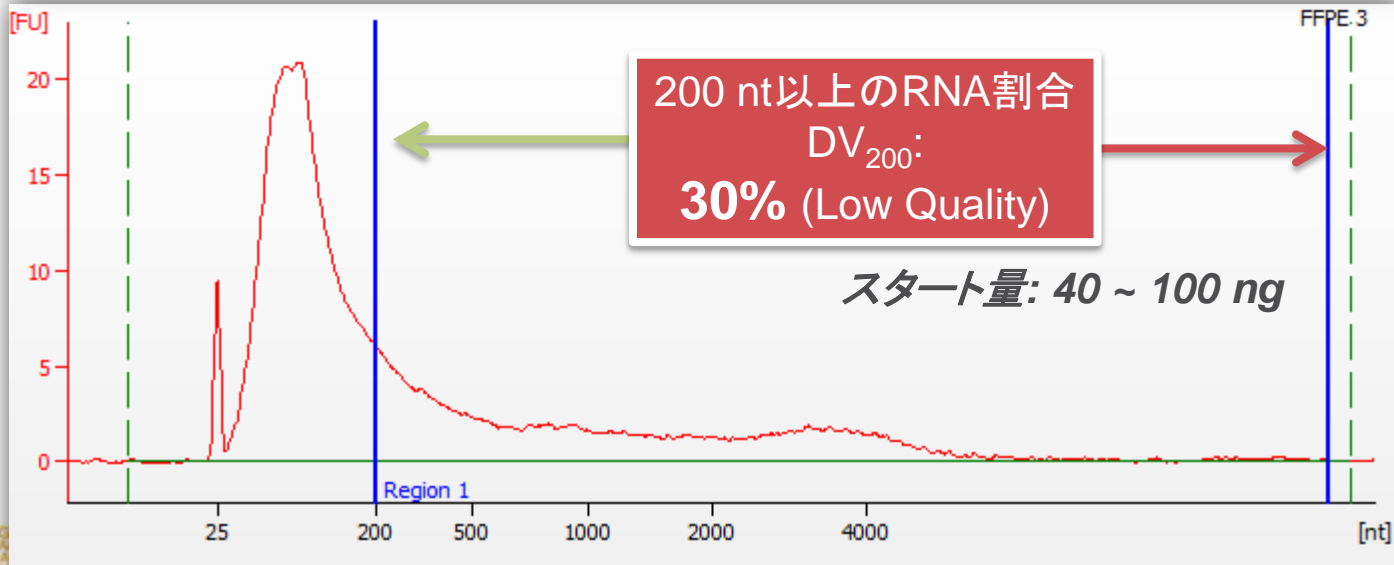
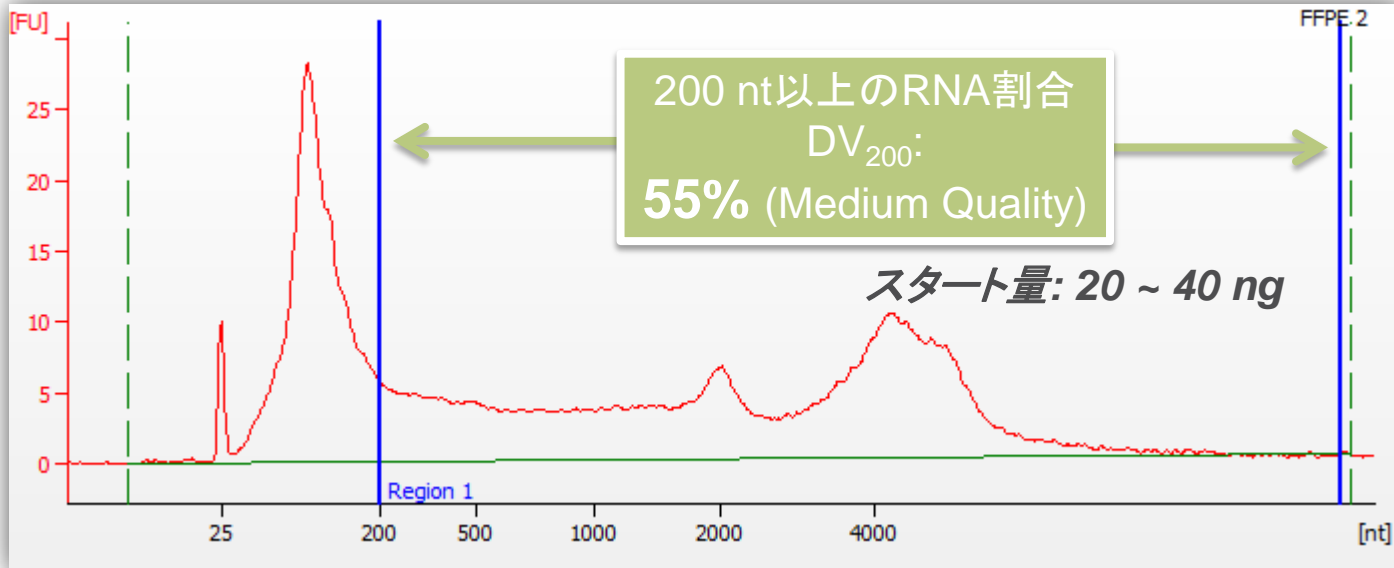
インプットRNA
の決定



損傷を受けていない
Total RNA



インプットRNAの例

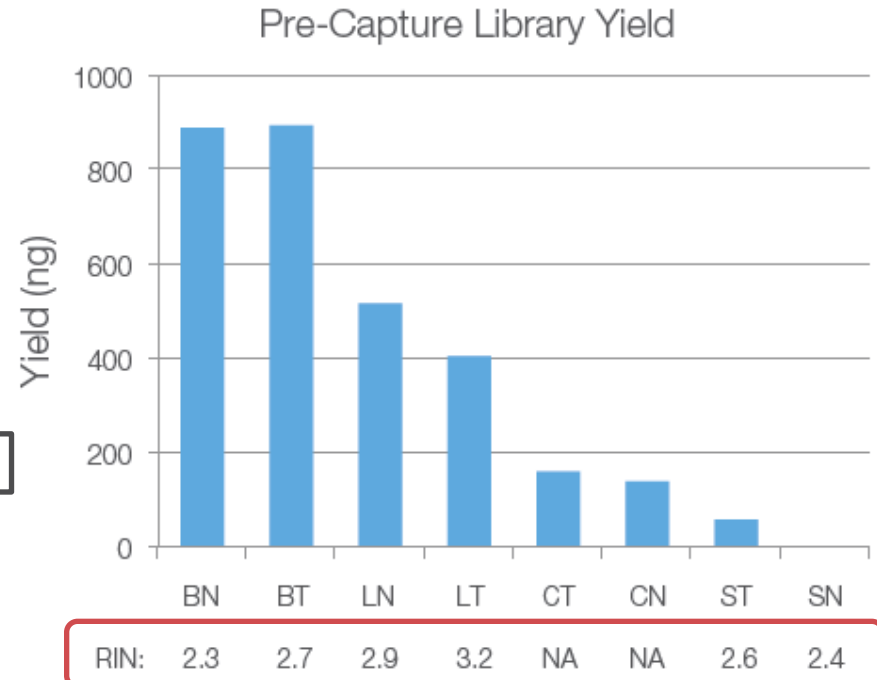


RINスコア、DV₂₀₀とショットガンライブラリーの収量との関係

RINスコアとDV₂₀₀の間には相関はない

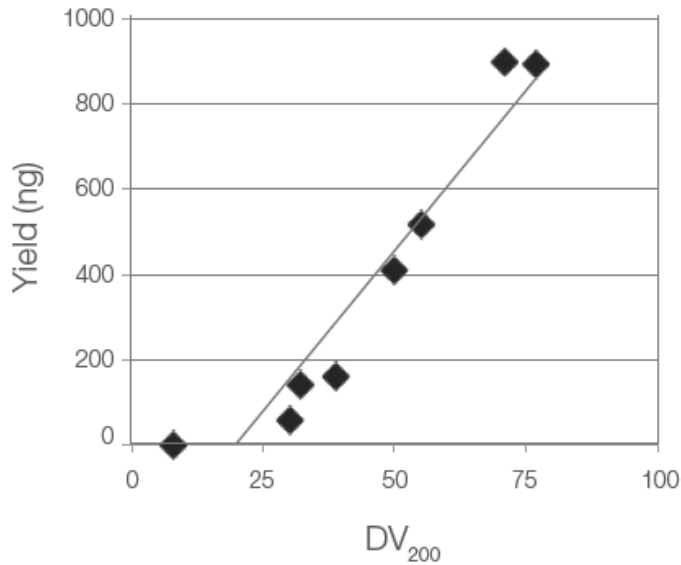
RINとショットガンライブラリーの収量の間には相関はない

Sample	RIN	DV ₂₀₀ *	Quality
Breast Normal	2.3	77	High Quality
Breast Tumor	2.7	71	
Lung Normal	2.9	55	Medium Quality
Lung Tumor	3.2	50	
Colon Normal	N/A	32	Low Quality
Colon Tumor	N/A	39	
Stomach Tumor	2.4	30	Too Degraded
Stomach Normal	2.6	8	

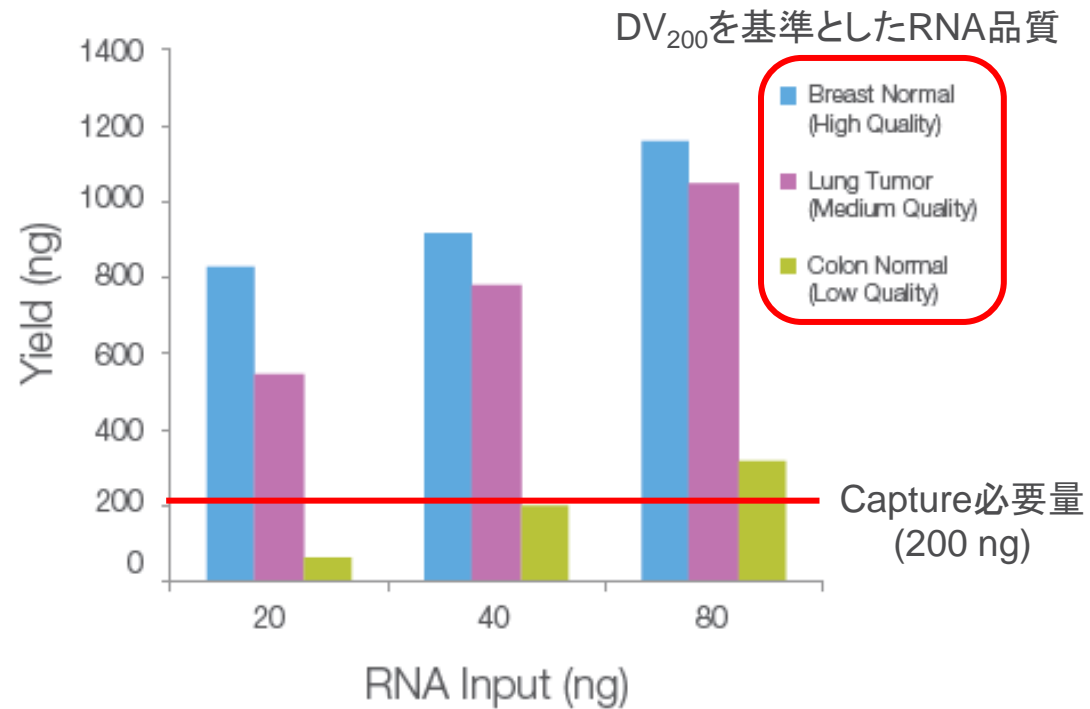


DV₂₀₀とショットガンライブラリーの収量との関係

DV₂₀₀とショットガンライブラリーの収量の高い相関がある



DV₂₀₀の品質が低いRNAはライブラリー収量が下がるので、低い品質のRNAはスタート量上げる



Technical Note 「Evaluating RNA Quality from FFPE Samples」を参照

<http://www.illumina.com/documents/products/technotes/technote-truseq-rna-access.pdf>

ホルマリン固定パラフィン包埋(FFPE)検体からのRNA抽出について

- ▶ Reverse-Crosslinking工程とDNase I処理を含む製品を推奨



推奨製品

QIAGEN RNeasy FFPE Kit

QIAGEN AllPrep DNA/RNA FFPE Kit

ショットガンライブラリーの調製ワークフロー

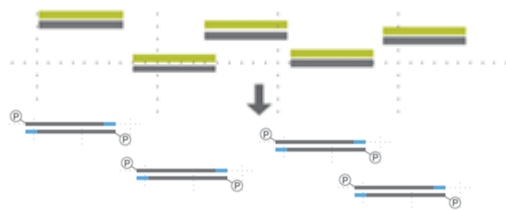
Fragment RNA (FFPEはスキップ)



First Strand cDNA Synthesis



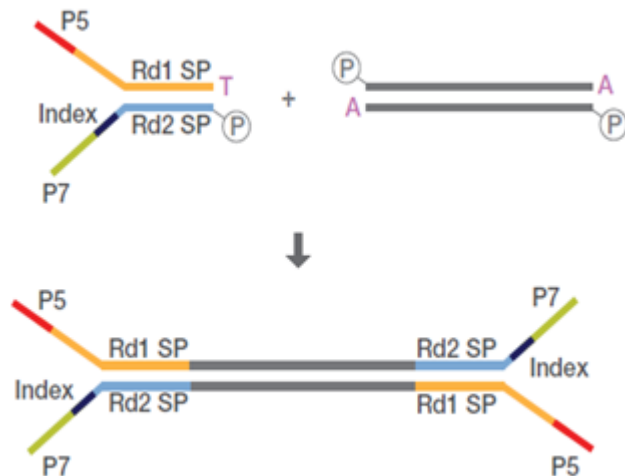
Second Strand cDNA Synthesis



Adenylate 3' Ends



Adaptor Ligation (インデックスがかぶらないように)



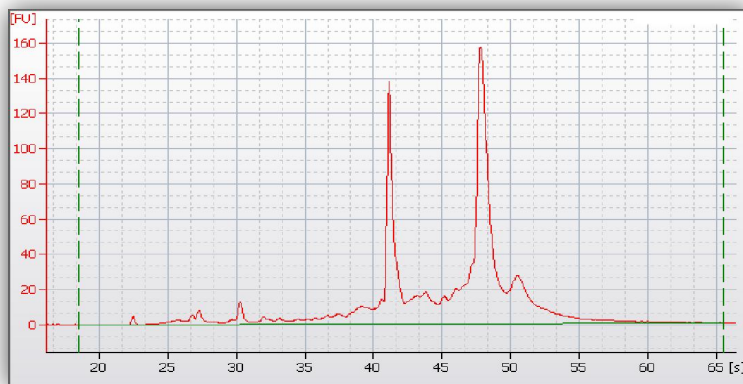
PCR Amplification (15 Cycles)



200 ng ショットガンライブラリー
を濃縮ステップへ

FFPE検体由来のRNAは”Fragment RNA”の工程はスキップ

損傷を受けていないRNAサンプル

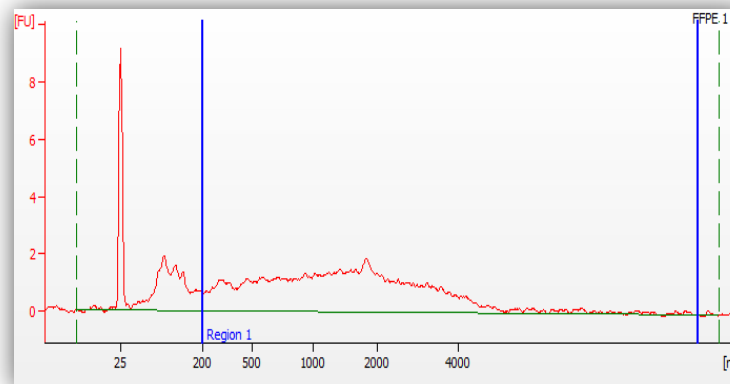


Fragment RNAの必要あり



マニュアルに従い、二価カチオンと熱処理 (94°C, 8 min.) による断片化の実施

FFPE検体由来のRNAサンプル



すでに断片化してしまっているので、**Fragment RNAの必要はない**



マニュアルに従い、熱処理の工程をスキップ

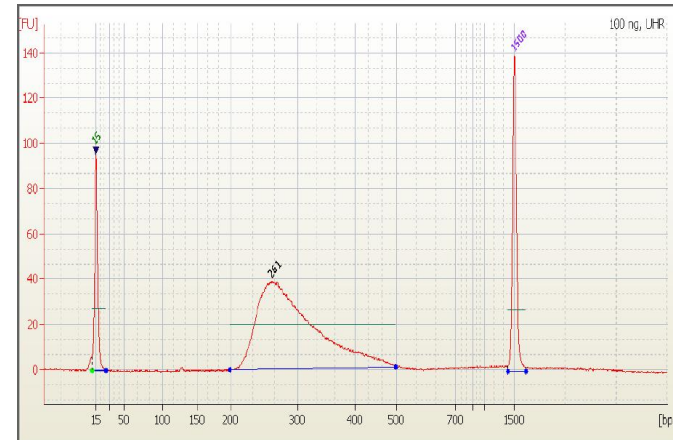
ショットガンライブラリーのQC

定量

QubitやPicoGreenといった二本鎖DNA特異的な定量手法
(Qubitであれば、Qubit dsDNA BRアッセイキットを使用)

もしくはAgilent 2100 Bioanalyzerといった装置の定量結果

定性



調製したショットガンライブラリー1 μ lを用いて、Agilent 2100 Bioanalyzer (DNA1000チップ)もしくは同等品を用いて評価を行い、**260 bp程度**のピークがあることを確認

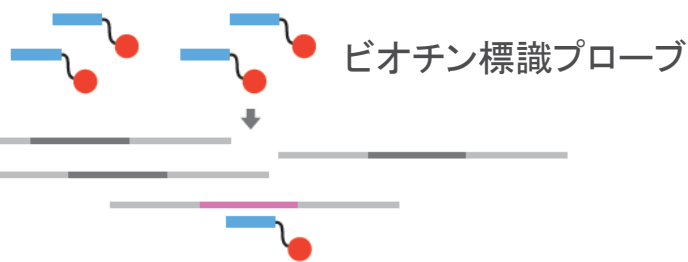
コード領域のキャプチャーのワークフロー

コード領域の
キャプチャ

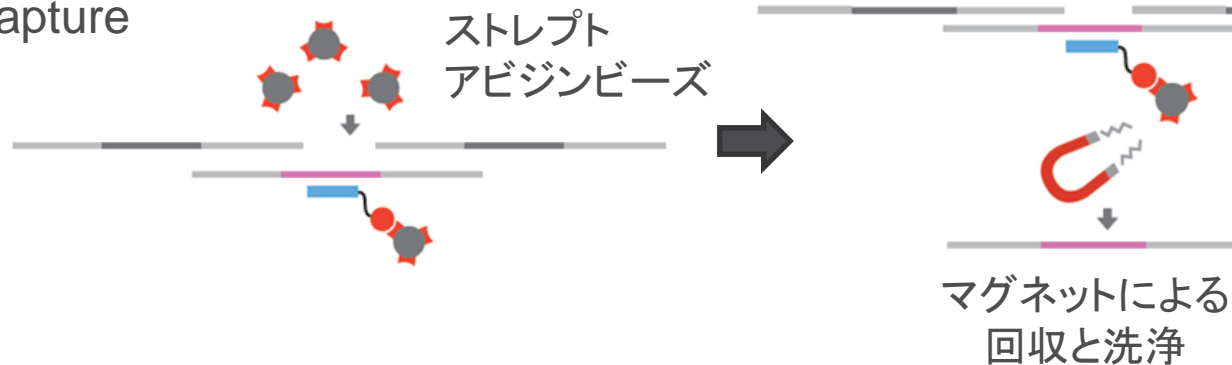
Pool Libraries



Hybridization



Capture



PCR Amplification (10 Cycles)

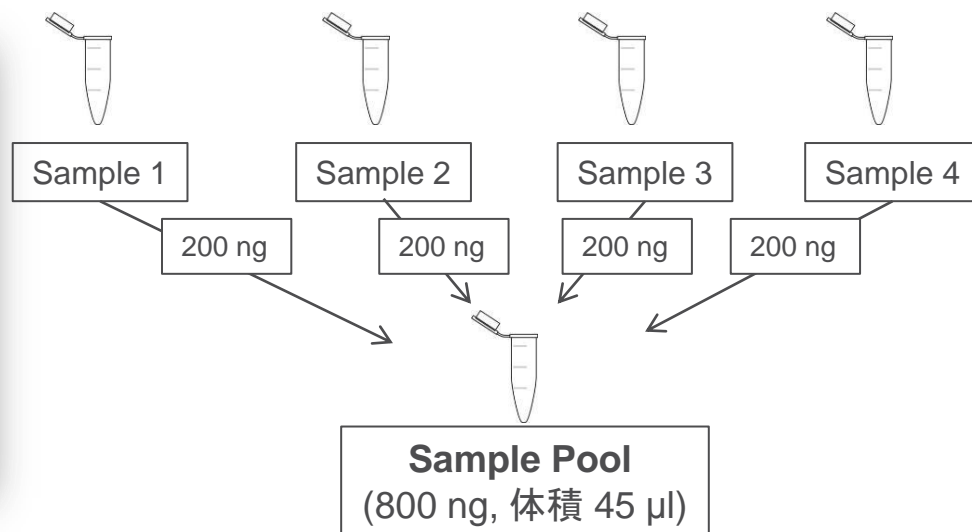
ライブラリーQC、シーケンス工程へ

Pool Libraries

200 ngずつショットガンライブラリーの混合を行い、ライブラリーのプールを作成する

Table 3 DNA Libraries for Enrichment

Library Pool Complexity	Total DNA Library Mass (ng)
1-plex	200
2-plex	400
3-plex	600
4-plex	800



- 混合できる検体数は4検体まで（ライブラリー調製は4の倍数で実施するのが基本、キットは48サンプル入りで12回の濃縮反応が可能）
- Indexが同じにならないように注意
- ライブラリープールの容量は45 μlとなるように*

*プーリングによりサンプル溶液の総量が45 μlを超える場合は、**減圧濃縮器**、あるいは、**Amicon Ultra-0.5 centrifugal filter unit (0.5 ml, 30 kDa)** を用いて液量が45 μlとなる濃縮する。

Hybridization

反応液の調製

Library Pool	45 μ l
Capture Target Buffer	55 μ l
Coding Exome Oligo	5 μ l
<hr/>	
	Total 100 μ l



入れる順
番が重要

Coding Exome Probe

標的遺伝子数	: 21,415
標的エクソン数	: 214,126
RefSeqのカバー率	: 98.3%
オリゴの数	: 425,437

標的領域のBEDファイル

http://support.illumina.com/content/dam/illumina-support/documents/documentation/chemistry_documentation/samplepreps_nextera/nexterarapidcapture/nexterarapidcapture_exome_targetedregions_v1.2.bed

ハイブリダイゼーション



PCR装置

95°C
10分間.

94°Cから2°Cずつ58°Cまで下げる18サイクル
1サイクルあたりのインキュベーションは1分間
(94°C 1分 > 92°C 1分 > 90°C 1分 > > 58°C)
*スロープ機能は使用しない

58°C
90 min.
(Holdに設定)

全体で2時間強

Lid温度を100°Cに設定

ハイブリダイゼーションの温度・時間は非常に重要

Capture①

ストレプトアビジンビーズによる濃縮



100 μ l Hybridization反応をしたDNA溶液をMIDI Plate*に移す
*MIDI Plate: 96穴0.8 ml深底プレート

250 μ l分注



Streptavidin Magnetic
Beads

NOTE

- ・ストレプトアビジンビーズはボルテクスミキサーを用いて十分に懸濁すること
- ・AMPureXPビーズでは代用できない

プレートシェーカーを用いて、1,200 rpmで5分間懸濁

室温で25分間、静置

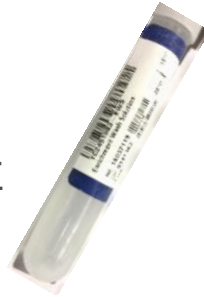
マグネットスタンドに立て、上清を廃棄

洗浄のステップへ

Capture② 洗浄



200 μ l分注



Enrichment
Wash Solution

1,800 rpmで4分間懸濁を行った後、さらに10回ピペッティングを行う。**ビースの十分な懸濁は、適切な洗浄に重要**

50°Cに予熱したヒートブロックで20分間インキュベート

このインキュベーションステップは、MIDIプレートとHybex Microsample Incubatorでおこなう

インキュベート後、**すぐに**マグネットスタンドに立て、上清を破棄する
(あらかじめマグネットスタンドをヒートブロックの横においておく)

NaOHによる溶出ステップへ

洗浄は2回
行う

マニュアルに従った、ハンドリングとインキュベーション条件(ヒートブロック・温度・時間)で行うことが重要

Capture③ NaOHによる溶出

ビーズに結合している濃縮されたDNAライブラリーをNaOHを用いて溶出します

Reagent	ライブラリープール数			
	1	2	3	4
Enrichment Elution Buffer 1	28.5	57	85.5	114
2N NaOH	1.5	3	4.5	6
Total Volume	30	60	90	120

溶出用のElution Premixを作成します
(2N NaOHは新しいものを準備)

単位は μ l



23 μ l分注



Elution Pre-Mix

↓
1,800 rpmで2分間懸濁を行った後、室温でさらに2分間インキュベーションします

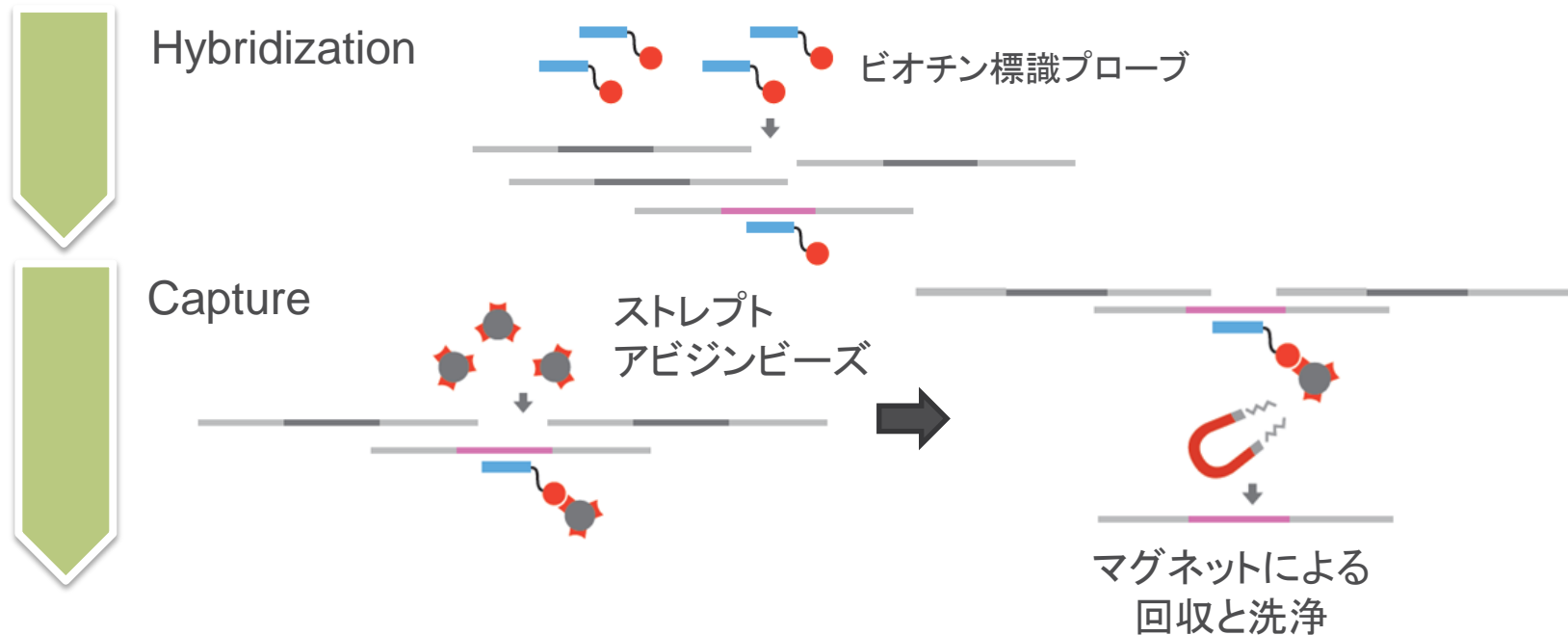
↓
マグネットスタンドに立て、上清 21 μ lを回収します。ビーズを吸わないようにP20を用いて10.5 μ l x 2に分けて回収する

↓
回収した上清 21 μ lに4 μ l Elution Target Buffer 2を加える

二度目のHybridization & Captureへ

2回目のHybridization & Capture

- ▶ 1回目のHybridization & Captureと同じ工程で2回目のHybridizationの実施を行う。
- ▶ NaOHの溶出後に、AMPureXPのビーズ精製を行い、PCRの工程に進む



PCR Amplification

濃縮したライブラリーをPCRにより増幅させる

試薬	容量
Captureしたライブラリー	25 μ l
PCR Primer Cocktail (PPC)	5 μ l
Enhanced PCR Mix (EPM)	20 μ l

- (1) 98°C 30秒
(2) 10サイクル
 — 98°C 10秒間
 — 60°C 30秒間
 — 72°C 30秒間
(3) 72°C 5分間
(4) 10°C ホールド

↓
AMPureXPを用いた精製

↓
ライブラリー完成

定量

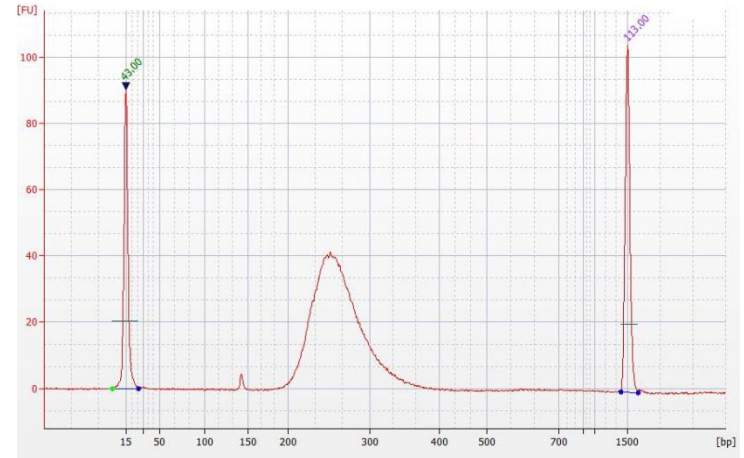
qPCRによる定量

・市販のイルミナライブラリー定量キットを用いる。KAPA、タカラバイオ、NEBなどから販売されています。

・イルミナのガイダンスに従い、実施を行う。
Sequencing Library qPCR Quantification Guide (part # 11322363)

http://support.illumina.com/downloads/sequencing_library_qpcr_quantification_guide_11322363.html

定性



調製したライブラリー1 μ lを用いて、Agilent 2100 Bioanalyzer (**High Sensitivity チップ**)もしくは同等品を用いて評価を行い、**260 bp程度**のピークがあることを確認

TruSeq RNA Accessライブラリー調製キットのワークフロー 各工程での注意点のまとめ

インプットRNA の決定

- ・断片化したRNAは、200 nt以上の塩基割合 (DV_{200})を基準に、インプット量を決定
- ・FFPE検体からの、RNA抽出は推奨キットを用いる

ショットガン ライブラリー調製

- ・Fragment RNAの工程はFFPE由来のRNAではスキップ
- ・ライブラリーQCを行い、260 bp程度にピークがあるかどうかを確認する

コード領域の キャプチャ

- ・ライブラリープールは、各ライブラリー200 ngずつで、4-plexまでで混合
- ・ハイブリダイゼーションを実施する際の試薬の入れる順番に注意。(Library → Buffer → Oligo)
- ・ハイブリダイゼーションと洗浄での温度条件はマニュアルに従う

ライブラリー QC

- ・qPCRによる定量とAgilent 2100 Bioanalyzer、もしくは同等品による定性

必要準備品 特に注意が必要なものを紹介

試薬名・消耗品	ベンダー	カタログ番号	コメント
Agencourt AMPure XP kit	Beckman Coulter Genomic	BC-A63881 (60 ml) BC-A63880 (5 ml)	核酸精製
SuperScript II Reverse Transcriptase	Thermo Fisher Scientific	18064-014 (10,000 U) 18064-071 (4x 10,000 U)	逆転写酵素
MIDI プレート(96-well storage plates, round well, 0.8 ml)	Thermo Fisher Scientific	AB-0859	

装備品	ベンダー	カタログ番号	コメント
Agilent 2100 Bioanalyzer もしくは同等品	アジレントテクノロジーズ		DNA1000, High Sensitivity, RNA 6000 nanoチップを使用
Qubit Fluorometer	Thermo Fisher Scientific		Qubit dsDNA BRアッセイキット を使用
Magnetic stand-96	Ambion	AM10027	96穴PCRプレート、MIDIプレート 対応品
High Speed Micro Plate Shaker BioShake XP/iQ	ワケンビーテック	XP: Q-1808-0505 iQ: Q-1808-0506	プレートシェーカー (1,800 rpmが可能なもの)
Hybex Microsample Incubator	イルミナ	SC-60-503	ヒートブロック
MIDI plate insert for heating system	イルミナ	BD-60-601	ヒートブロック用インサート

詳細な必要準備品はお問い合わせください

シーケンス推奨条件

- ▶ 融合遺伝子検出のため、Paired-End Sequence 2x 75の実施を推奨
- ▶ 検体あたり2,500万クラスター (5,000万リード)以上のリード取得を推奨

使用システム・試薬	Runあたりの推奨サンプル数
MiSeq v3試薬	1
NextSeq 500 Mid Output試薬	~5
NextSeq 500 High Output試薬	~16
HiSeq 2500・1500 Rapid Run試薬	~24
HiSeq 2500・1500 High Output試薬	~160

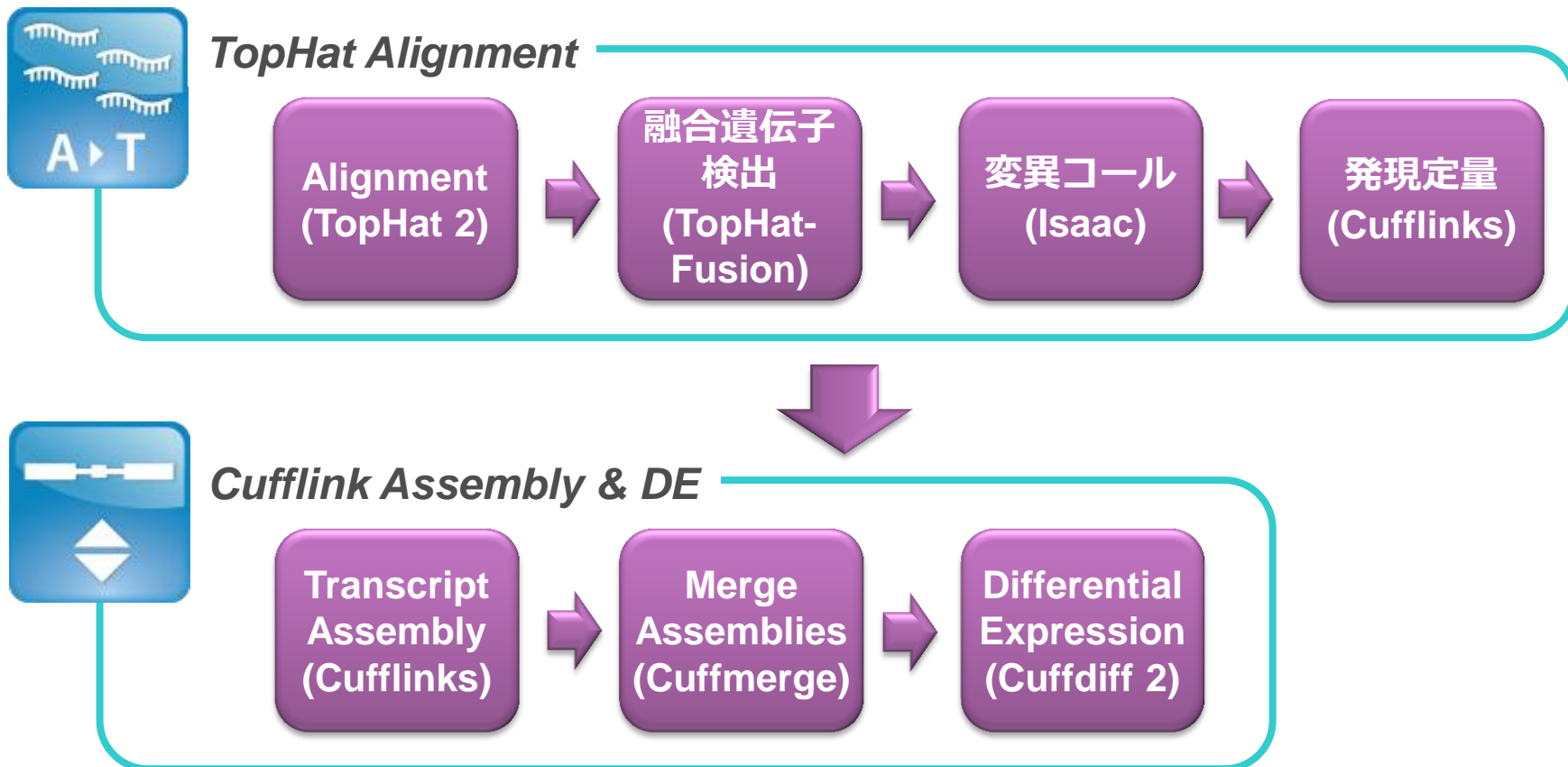
*TruSeq RNA Accessは4-plexまでの濃縮で実施 (基本ライブラリーは4の倍数で調製されます)

* TruSeq RNA AccessはSet AとSet Bを二つあわせて24インデックス解析が可能

RS-301-2001 TruSeq RNA Access Library Prep Kit - Set A (12インデックス, 48サンプル)

RS-301-2002 TruSeq RNA Access Library Prep Kit - Set B (12インデックス, 48サンプル)

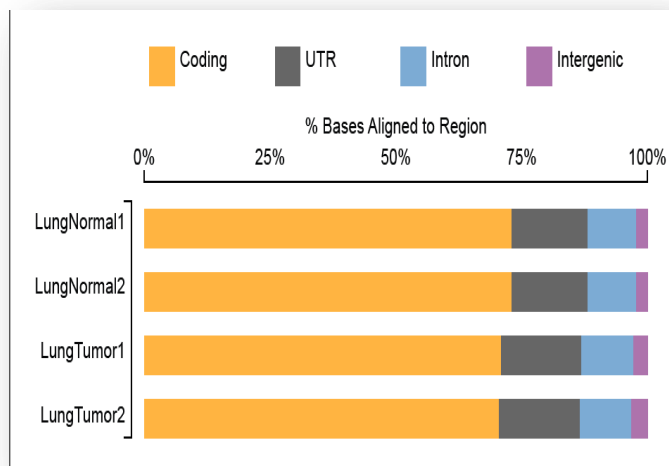
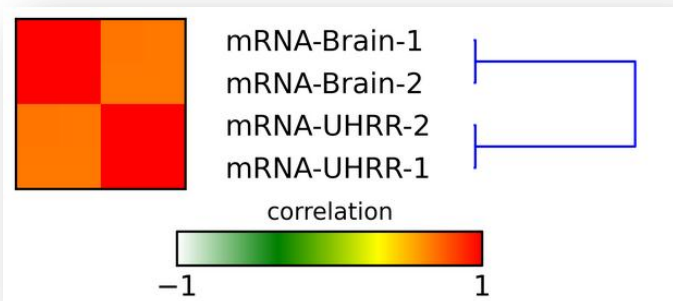
BaseSpaceのTopHat AlignmentとCufflink Assembly & DE Appを用いれば、発現解析と融合遺伝子の検出が可能



使用ソフトウェアのバージョン

TopHat2 v2.0.7, Bowtie 0.12.9, Cufflinks 2.1.1, Isaac Variant Caller 2.0.5, Picard tools 1.72

BaseSpaceのTopHat AlignmentとCufflink Assembly & DE Appを用いれば、発現解析と融合遺伝子の検出が可能



Filters

$|\log_2(\text{ratio})|$

0.0 43.0

Significant

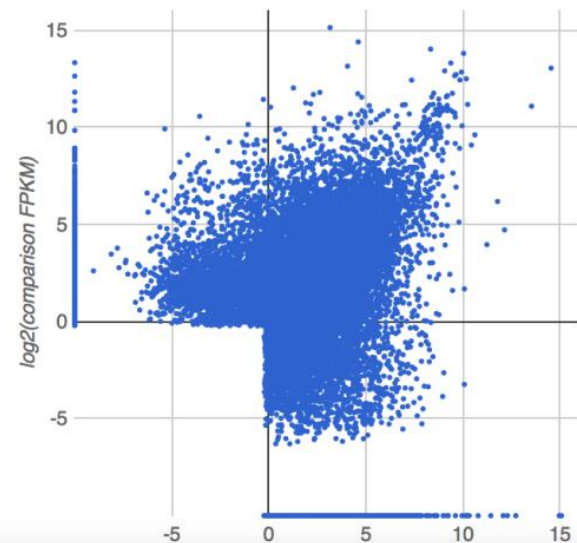
Choose a value...

Status

OK

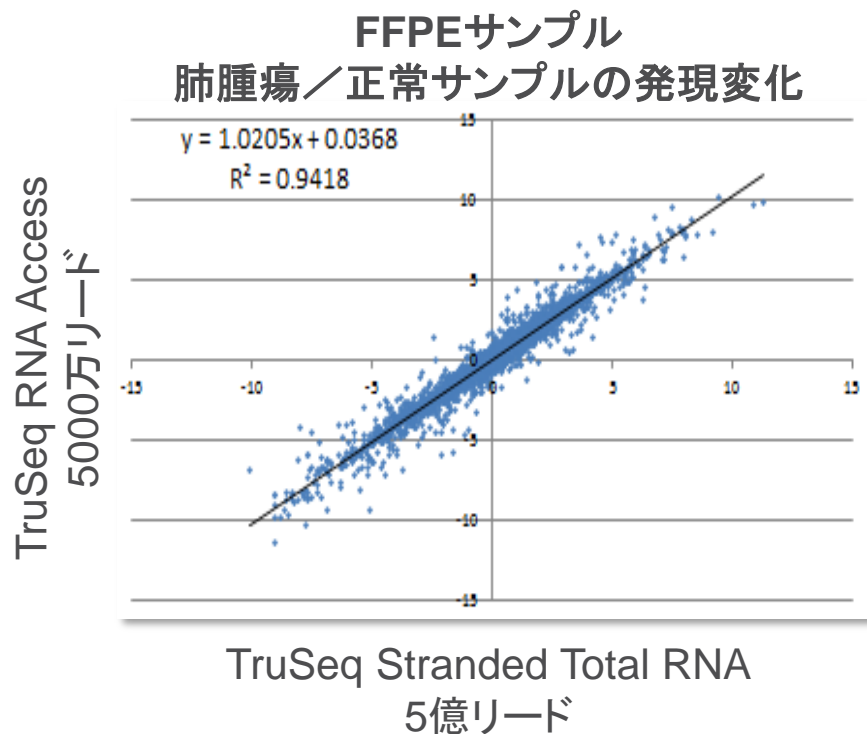
Gene

Test ID	Gene	Locus	Status	$\log_2(\text{control FPKM})$	$\log_2(\text{comparison FPKM})$	$\log_2(\text{Ratio})$	q Value	Significant
XLOC_000987	-	chr1:152020810-152021644	OK	-10	2.99	-12.99	0.164383	x
XLOC_001014	S100A9	chr1:153330329-153333503	OK	4.61	14.4	-9.79	0.582102	x
XLOC_001015	-	chr1:153359119-153359585	OK	-10	2.23	-12.23	0.22233	x
XLOC_001017	S100A1	chr1:153591275-153618799	OK	7.09	-10	17.09	0.264328	x
XLOC_001018	CHTOP	chr1:153591275-153618799	OK	4.99	4.67	0.32	0.954448	x
XLOC_001019	SNAPIN	chr1:153631120-153643504	OK	4.61	4.11	0.5	0.957225	x

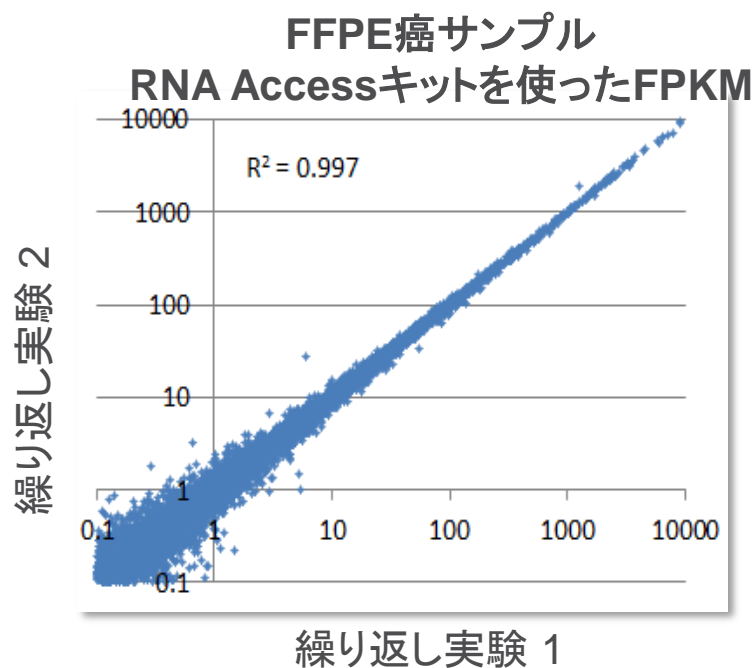


TruSeq RNA Accessを用いれば、正確な遺伝子発現解析と高い再現性実験が可能

正確な遺伝子発現解析
従来法との比較

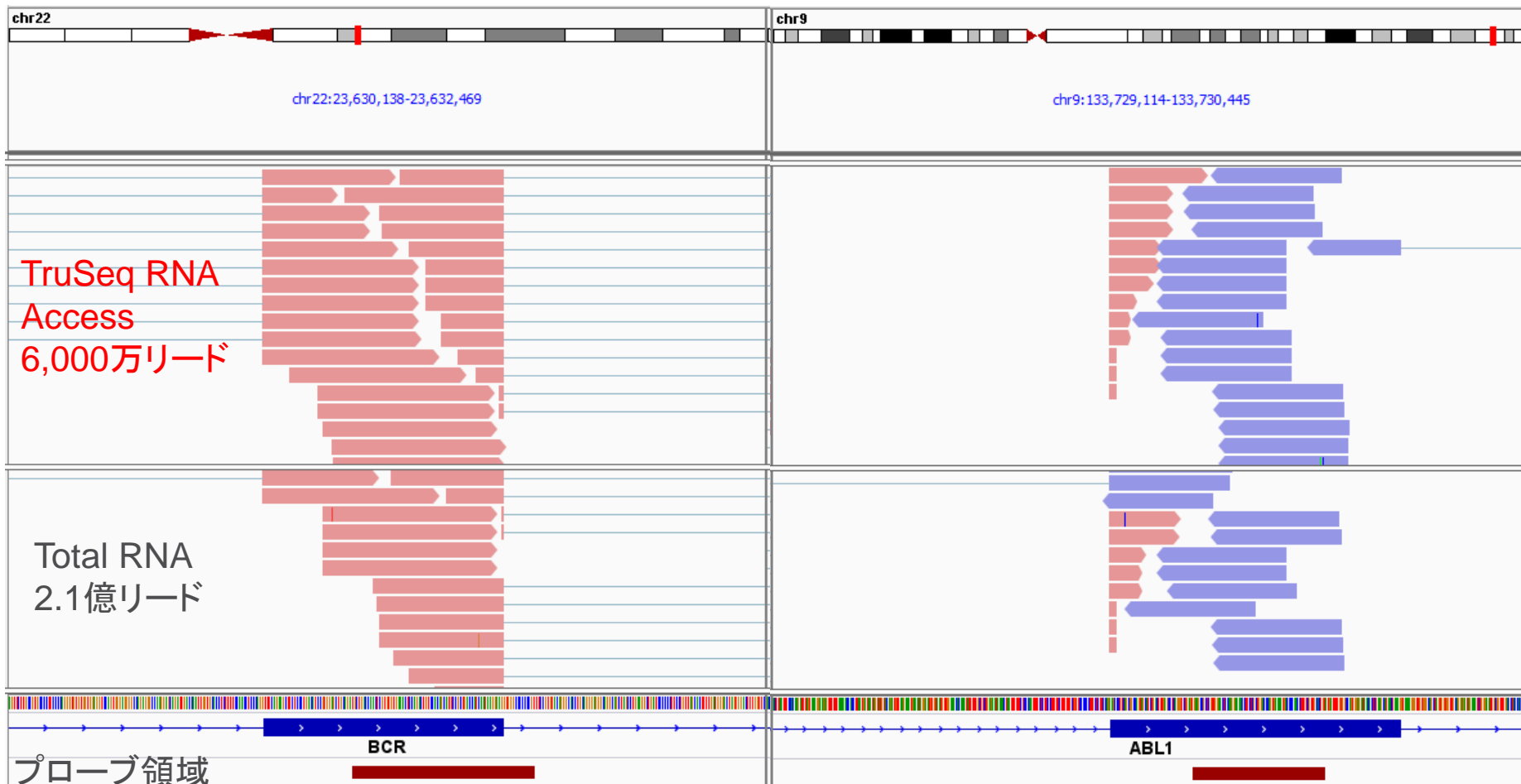


高い再現性



- ▶ FFPE肺癌サンプル (DV₂₀₀=50) のトータルRNA 40ngからTruSeq RNA Accessライブラリー調製キットを用いてライブラリーを調製

TruSeq RNA Accessは融合遺伝子の検出も可能



- ・ 融合遺伝子特異的なプローブをデザインする必要なし
- ・ 新規融合遺伝子の検出も可能

TruSeq RNA Access

10年前のFFPEサンプルからRNA-Seqにより新規融合遺伝子を検出

GENES, CHROMOSOMES & CANCER 54:500–505 (2015)

Identification of a Novel *PARP14-TFE3* Gene Fusion from 10-Year-Old FFPE Tissue by RNA-Seq

Weihua Huang,¹ Michael Goldfischer,² Sabina Babyeva,¹ Yong Mao,³ Konstantin Volyanskyy,³ Nevenka Dimitrova,³ John T. Fallon,¹ and Minghao Zhong^{1*}

¹Department of Pathology, New York Medical College, Westchester Medical Center, Valhalla, NY

²Department of Pathology, Hackensack University Medical Center, Hackensack, NJ

³Clinical Informatics Solutions and Services (CISS), Philips Research North America, Briarcliff Manor, NY

Xp11 (*TFE3*) translocation renal cell carcinoma (RCC) is officially recognized as a distinct subtype of RCC in the 2004 WHO classification. This neoplasm is characterized by several chromosomal translocations between the *TFE3*-involving Xp11.2 breakpoint and various fusion partners. To date, five partner genes have been identified, that is, *PRCC* in 1q21, *PSF* in 1q34, *ASPL* in 17q25, *CLTC* in 17q23, and *NONO* in Xq12; and three additional translocations have been reported with no partner gene being defined: t(X;3)(p11;q23), t(X;10)(p11;q23), and t(X;19)(p11;q13). Here, we report the identification of a novel *TFE3* fusion partner, *PARP14* in chromosome band3q21. We used RNA-seq on a 10-year-old FFPE (formalin-fixed, paraffin-embedded) tissue sample, which carried t(X;3)(p11;q23) as detected in the original cytogenetic study. The fusion transcript connected the 5'-end of the first two exons of *PARP14* to the 3'-end of five exons of *TFE3*, which was verified by reverse transcription PCR (RT-PCR) and Sanger sequencing. Similar to other *TFE3* fusions previously reported, the predicted *PARP14-TFE3* product retains the nuclear localization and DNA-binding domains of *TFE3*. This finding expands the list of *TFE3* translocation partner genes and re-emphasizes the essential oncogenic role of *TFE3* fusion proteins in this tumor. Our result also clearly demonstrated the feasibility of identifying chromosomal translocation by RNA-seq in clinical FFPE, which are easily accessible and associated with valuable clinical information. © 2015 Wiley Periodicals, Inc.

イルミナが提供するFFPE検体向けソリューション

網羅的解析

ターゲット解析

RNA

RNA-Seq解析

TruSeq Targeted RNA

- ・FFPE由来20 ng Total RNAからのRNA-Seq解析
- ・正確な遺伝子発現解析と融合遺伝子の検出が可能

特定遺伝子発現解析

TruSeq Targeted RNA

- ・50 ng Total RNAからの特定遺伝子の発現解析
- ・MiSeq 1 Runで384サンプル100遺伝子の遺伝子発現解析が可能
- ・1日でライブラリー調製可能
- ・カスタム設計可能

DNA

エクソーム解析

TruSeq Exome

- ・100 ngからのエクソームシーケンス
- ・FFPE検体に対応した新製品

ターゲットディープシーケンス

TruSeq Amplicon Low Input

- ・わずか20 ngからの特定領域のディープシーケンス
- ・5%の頻度の体細胞変異を検出
- ・1日でライブラリー調製可能
- ・カスタム設計可能

情報解析もノープロブレム BaseSpaceを使えばだれでも簡単に解析



- ▶ クラウド上に構築された情報解析パイプライン
- ▶ 1テラバイトまで無償で利用することが可能です
- ▶ イルミナの提供するコアアプリ、その他多くのアプリを基本無償で利用できます
- ▶ 誰でも利用可能です、イルミナのシーケンサーをお持ちでない方も。

クリックによる解析が可能

データのシェアも簡単

ラン・解析データの管理

BaseSpace
BWA Enrichment v2.0
Illumina, Inc.

Analysis Name: BWA Enrichment v2.0 12/18/2014 9:58:4

Save Results To: Select Project(s)

Sample(s): Select Sample(s)

Reference Genome: Human (UCSC hg19)

Targeted Regions: Nextera Rapid Capture Exome v1.2

Custom Targeted Manifest: Select File(s)

Aligner: BWA-MEM BWA-backtrack (legacy)

Base Padding: 150

Annotation: RefSeq Ensembl

▶ Advanced Options

SHARING SETTINGS
2X151 Rhodobacter Resequencing

INVITE A COLLABORATOR

Email address

Add a personal message (optional)

Invite

COLLABORATORS (1)

esmith@illumina.com Read Only

Cancel Save Settings

Charts STATUS Extracted: 160 Called: 160 Scored: 160

Flowcell Chart H27HHBB...

Data By Cycle H27HHBBXX All...

QScore Distribution H27HHBBXX All...

Data By Lane H27HHBBXX Rea...

QScore Heatmap H27HHBBXX All...

Oncology Breakthrough ウェビナーシリーズのご案内

2015/06/25

Oncology Breakthrough: ウェビナーシリーズ1 がん臨床研究におけるイルミナの取り組み

イルミナ株式会社 クリニカル・スペシャリスト
桜庭 喜行



NGSサンプル調製
- DNA
癌

2015/07/29

Oncology Breakthrough-ウェビナーシリーズ2 癌研究におけるマルチオミックスデータの活用

イルミナ株式会社 シニアシーケンススペシャリスト
鈴木 健介



NGSサンプル調製
- DNA
癌

2015/09/09

Oncology Breakthrough-ウェビナーシリーズ3 がん研究者のためのFFPEサンプルからの変異解析

イルミナ株式会社 マーケティング本部
熊井 広哉



NGSサンプル調製
- DNA
癌

2015/11/09

Oncology Breakthrough-ウェビナーシリーズ4 MiSeqとTruSight Tumor 15ではじめる20ngからの体細胞変異解析

イルミナ株式会社 シニアシーケンススペシャリスト
鈴木 健介



NGSサンプル調製
- DNA
癌

2015/12/08 16:00-16:30

Oncology Breakthrough-ウェビナーシリーズ5 低品質、微量FFPEサンプルへの対処方法: TruSeq RNA Accessを用いた融合 遺伝子検出

イルミナ株式会社 シニアシーケンススペシャリスト
鈴木 健介

登録はこちら

NGSサンプル調製
- DNA
癌

http://www.illumina.co.jp/events/webinar_japan/webinar.ilmn

参考/データベース

▶ イリミナホームページ

- [Sequencing](#)

▶ TS Webinar

- 2015/3/20
TruSeq DNA & RNAキットを用いたライブラリー作製におけるトラブルシューティング
 - 2015/6/12
RNA-seq - 研究目的に合わせたアプリケーションの選び方 -
 - 2015/10/02
BaseSpace で行う RNA-seq 入門 ~ TopHat/Cufflinks 編 ~
 - 2015/11/06
FFPEサンプルを用いたシーケンス
- ## ▶ User Guide, Q&A, Best Practices
- MyIlluminaより各種キットサポートページの情報をご確認ください

ご清聴ありがとうございました

本日セッション終了後のご質問は、
techsupport@illumina.comにお問い合わせください



Questions?