



# HiSeq<sup>®</sup> システムアプリケーション



# さらなる可能性が広がるシステム

次世代シーケンサーの到来は、壮大なスピードでゲノム研究を前進させました。最初の完全なヒトゲノムがシーケンスされたのは、2003年でした。その後、わずか10年の間に、数百人分ものシーケンスが終了しており、世界中で様々な研究室がコラボレーションを行っています。

全ての人々がシーケンスを利用できるように、イルミナでは革新をすすめています。現在、次世代シーケンサーはこれまで10年かかったヒトゲノム解析を、HiSeqシステムを使えばわずか1日で実施できるようになりました。

1ランで複数ゲノムの解析から最速のヒト全ゲノム解析まで、HiSeqは優れた柔軟性をもたらします。

これまではゲノムセンターのみに限られていた大規模なプロジェクトやアプリケーションが、このシステムで実施できる機会が広がりました。これまで以上に、研究をさらに進化させることが可能となりました。

## どのアプリケーションでも、 どの研究でも、どの予算でも。

サンプル調製からデータ解析まで、イルミナはアプリケーションを使いやすくすることにフォーカスしています。

これにより研究者は研究に集中することができます。

ターゲットリシーケンスや遺伝子発現、全ゲノムシーケンス、エピゲノム、そしてその他のアプリケーションにわたるまで、包括的なソリューションを提供しています。

研究の目的や研究室の規模、予算に合ったサポートをいたします。

# 全てのアプリケーションで シンプルなワークフロー

統合的なソリューションと簡単な操作。サンプル調製からデータ解析まで、HiSeqシステムは次世代シーケンサーの中でも最も迅速で、操作性に優れたワークフローを誇ります。  
全ての規模の研究室で、コスト効率よく迅速に様々なプロジェクトを実施することができます。

## 簡単なサンプル調製と濃縮

DNAおよびRNAサンプル調製に対応した迅速でシンプルな試薬キット製品群

## 高い適応性を発揮するシーケンサー

研究にあわせてシステムの出力を調節し、Rapidモードでの迅速ランか、標準モードで複数サンプルを処理

## 実績のあるデータ解析ソリューション

統合的なシステムとデータ解析ソフトウェアと相補的なオープンソースと商業ツールで、生データから意味のある結果を取得



HiSeqシステムはサンプル調製からデータ解析までを統合することで、業界でも最も簡単なワークフローを提供いたします。

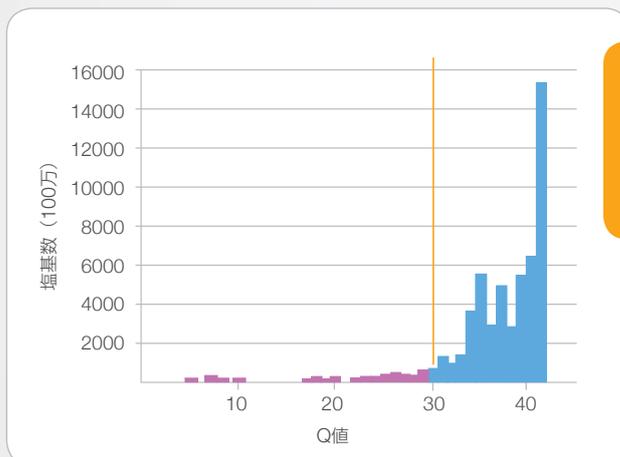
# 実績のあるTruSeq<sup>®</sup> テクノロジー

どのカバレッジでも最も高精度なデータを産出

高い信頼を誇るイルミナの次世代シーケンサーは世界で最も広く使われています。  
実績のあるTruSeqテクノロジーがその理由で、業界で最も高品質なデータを提供しています。

どの研究プロジェクトにおいても高標準の品質を可能にするために、  
TruSeqテクノロジーは最も精度の高いデータを産出し、  
幅広いゲノム解析アプリケーションをサポートしています。

## 重要な答えをもたらす最も高品質なデータ



HiSeq 2500は最も高い  
Q30以上のデータ割合  
とデータ量を誇ります。

この例ではフローセル1枚、27時間でシーケンスを実施したヒトゲノムを示しています。Q30以上 (99.9%) の塩基は92%を超えています。

## 全ゲノムシーケンス

あなたの研究室で迅速に、そしてコスト効率よくゲノムをシーケンス。  
HiSeq 2500のRapidモードで1日1ゲノムの迅速な解析。  
あるいは標準モードで複数サンプルを1ランで実施。  
どちらのモジュールも、高精度なデータ品質を産出し、  
最も正確で完全な全ゲノムシーケンス結果をもたらします。

## ターゲットリシーケンス

PCR産物から全エクソームまで、研究のデザインに合わせた  
包括的なターゲットリシーケンスの製品群から選んでいただけます。  
コスト効率よく拡張性高く探索、検証、スクリーニングが可能です。

## 全トランスクリプトームシーケンス

高スループットの遺伝子発現プロファイリングから、  
深いトランスクリプトーム解析まで、HiSeqでは比類のない  
RNA解析ソリューションを提供します。  
各転写産物やアイソフォームの発現量を測定や、  
新しい遺伝子の探索、転写制御のnon-coding RNAの同定を行います。

## De novoシーケンス、メタゲノム

高出力データとロングリード、そしてペアエンドシーケンスを  
組み合わせることで、HiSeqはどのゲノムサイズの生物種においても、  
強力な*de novo*シーケンスのツールとなります。  
微生物集団全体をシーケンスするメタゲノム解析では、  
重要な分類および機能情報を探索することができます。



遺伝子制御

## エピジェネティクスと遺伝子制御

1回のHiSeqランで様々なエピジェネティクス制御の現象を捉え、  
包括的な生物学の道筋を得ることができます。  
ChIP-SeqによるDNAタンパク質相互作用、遺伝子制御、  
また1塩基の解像度でDNAメチル化の定量を実施できます。



ChIP-Seq



RNA-Seq



ターゲットリシーケンス



リシーケンス



微生物ゲノム



カスタム濃縮



Small RNA  
シーケンス



de novo  
シーケンス



# 幅広いシーケンスアプリケーション

全ゲノムシーケンスから Small RNA シーケンスまで、HiSeq システムは高精度で迅速、そしてコスト効率の良い次世代シーケンサーのソリューションを提供します。

アプリケーション	推奨リード長	イルミナソリューション		
<b>全ゲノムシーケンス</b>				
ゲノムサイズの大きな生物種	100bp x2	●	●	
ゲノムサイズの小さな生物種	36bp x1、100bp x2	●	●	
<b>ターゲットリシーケンス</b>				
エクソーム	75bp x2		●	
カスタム	75bp x2		●	
アンプリコン	150-25bp x2		●	●
<b>トランスクリプトームシーケンス</b>				
RNA-Seq (遺伝子発現プロファイル)	50bp x1	◆	◆	◆
RNA-Seq (全トランスクリプトーム)	50-100bp x2	◆	◆	◆
Small RNAシーケンス	36bp x1	◆		
<b>遺伝子制御</b>				
ChIP-Seq (転写因子ターゲット)	36-50bp x1	●		
ChIP-Seq (ヒストン修飾)	50bp x1	●		
全ゲノムバイサルファイトシーケンス	100bp x2			イルミナで実証済みのプロトコール
制限酵素処理バイサルファイトシーケンス	100bp x2			イルミナで実証済みのプロトコール

## DNA

- TruSeq DNA サンプル調製キット
- Nextera XT DNA サンプル調製キット
- TruSeq ChIP サンプル調製キット
- Nextera DNA サンプル調製キット
- Nextera Rapid エクソームキャプチャー
- TruSeq カスタムアンプリコン
- Nextera Rapid カスタムキャプチャー

## RNA

- ◆ TruSeq RNA サンプル調製キット
- ◆ TruSeq Small RNA サンプル調製キット
- ◆ TruSeq Stranded mRNA サンプル調製キット
- ◆ TruSeq Stranded Total RNA サンプル調製キット

## 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  
[www.illumina.co.jp](http://www.illumina.co.jp)

代理店

本製品の使用目的は研究に限定されます。

© 2013 Illumina, Inc. All rights reserved.

Illumina, illumina Dx, BaseSpace, BeadArray, BeadXpress, cBot, CSPPro, DASL, DesignStudio, Eco, GAlIx, Genetic Energy, Genome Analyzer, GenomeStudio, GoldenGate, HiScan, HiSeq, Infinium, iSelect, MiSeq, Nextera, 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。予告なしに仕様を変更する場合があります。

Pub. No. 770-2012-J003 08MAR2013

illumina®