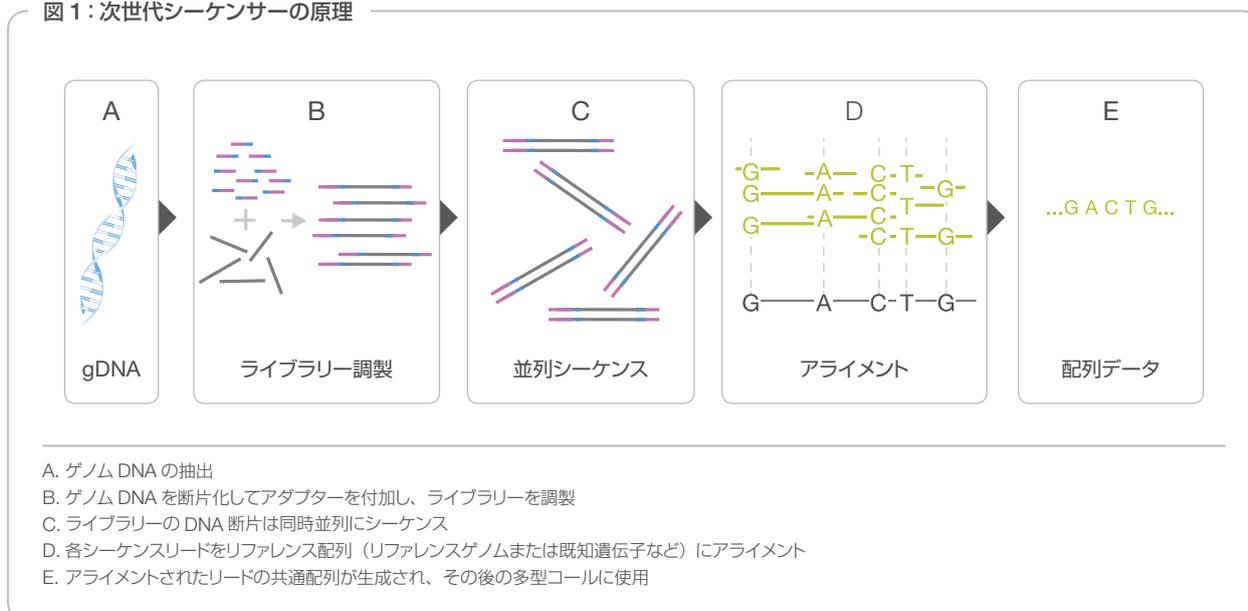






図 1：次世代シーケンサーの原理



## 迅速で簡単なライブラリー調製

TruSight® HLA シーケンスパネルを使用することで、迅速で簡単な 2 ステップの手順でライブラリー調製を行えます。まず高度に特異的なロングレンジ PCR 増幅を行い、次に HLA 領域の高い多様性と配列相同性を利用して、改変 Nextera® プロトコルで NGS 用のライブラリーを調製します。Nextera ワークフローでは研究室の標準的な機器を使用し、断片化と配列アダプターのタグメンテーションを同時に行います。調製されたライブラリーのシーケンスは MiSeq システムでそのまま行えます。

## 拡張性のある解析に適したマルチプレックス

イルミナの MiSeq NGS システムは、拡張性が高いため、研究室で求められるスループットに対応します。1 台のシステムで NGS 解析を実施するため、トレーニングやサポートも行いやすく、担当者は技術的専門知識をすぐに獲得できます。また MiSeq はさまざまな数のサンプルに簡単に対応できるため、機器のダウンタイムを抑え、研究室のスループットを増大します。

ゲノムのターゲット領域、たとえば特定の遺伝子座や目的の遺伝子のシーケンスを行うときには、低アウトプット設定を使用して 1 ランで処理するサンプル数を減らせます。または、マルチプレックス化して多数のサンプルを処理する設定も選べます。マルチプレックス化により多数のサンプルのシーケンスを 1 回で同時に行えます(図 2)。その場合、「バーコード」配列を各サンプルに加えて、データ解析中にサンプルの区別を行えるようにします。

NGS は、マルチプレックスをうまく活用することで、多数のサンプルから HLA タイピングデータを得るまでの時間を大幅に短縮します。CE ベースのシーケンス法で数百のアンプリコンについて HLA タイピングと解析を行う場合、数週間かかることがありますが、NGS を使用すればシーケンスと解析を数日で完了させることができます。高度に自動化された、扱いやすいプロトコルにより、サンプルから超高解像度データの取得、そしてタイピングを行うまでのプロセスが、かつてないほど迅速で簡単になります。







## 精確でフェーズが明瞭化された HLA タイピング

K Hosomichi ら<sup>6</sup>は、MiSeq システムと Nextera DNA サンプル調製キットを使用することで、精確でフェーズが明瞭な HLA 遺伝子のシーケンスを行えることを明らかにしました。6 つの全長 HLA 遺伝子を含む PCR アンプリコンを使用してライブラリーを調製し、このライブラリーのシーケンスを MiSeq システムで行いました。ペアエンドリードが長いいため、新しいアリルを発見するだけでなく、フェージングを決定することができました。これは従来の HLA タイピング法にはない利点です。

# 最適な製品をお選びください

TruSight HLA パネルおよび MiSeq システムは、1 回のアッセイ、ひとつのワークフロー、ひとつの機器で、多数のサンプルに対して同時に、8 種類の遺伝子座をシーケンスし、明確なフェージングを行うことで、サンプルからレポート作成が可能な HLA タイピングを行えます。すべての遺伝子座についてサンプルごとに不明瞭さを軽減する作業を行っていた時代は終わります。TruSight HLA パネルによって、初めて超高解像度タイピングの結果が得られるようになります。

詳細については [www.illumina.co.jp/hlaseq](http://www.illumina.co.jp/hlaseq) をご覧ください。

## 参考文献

1. Junemann S, Sedlazeck FJ, Prior K, Albersmeier A, Uwe J, et al. (2013) Updating benchtop sequencing performance comparison. *Nat Biotechnol.* 31: 294–296.
2. Ross MG, Russ C, Costello M, Hollinger A, Lennon NJ, et al. (2013) Characterizing and measuring bias in sequence data. *Gen Biol.* 14: R51.
3. Loman NJ, Misra RV, Dallman TJ, Constantinidou C, Gharbia SE, et al. (2012) Performance comparison of benchtop high-throughput sequencing platforms. *Nat Biotechnol* 30: 434–439.
4. Quail MA, Smith M, Coupland P, Otto TD, Harris SR, et al. (2012) A tale of three next generation sequencing platforms: comparison of Ion Torrent, Pacific Biosciences and Illumina MiSeq sequencers. *BMC Genomics* 13: 341.
5. Liu L, Li Y, Li S, Hu N, He Y, et al. (2012) Comparison of next-generation sequencing systems. *J Biomed Biotechnol.* 2012: 251364.
6. Hosomichi K, Jinam TA, Mitsunaga S, Nakaoka H, Inoue I (2013) Phase-defined complete sequencing of the HLA genes by next-generation sequencing. *BMC Genomics* 14: 355.

