

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

内容

- ▶ FFPEサンプルからの次世代シーケンスにおける注意点
 - FFPEからの遺伝子解析の問題点
 - 遺伝子解析のための検体およびFFPE処理
 - DNAの品質管理
 - RNAの品質管理（RINとDV₂₀₀）
- ▶ FFPEサンプルに対するイルミナターゲットシーケンステクノロジー
 - ライゲーションベースアンプリコンによるアーチファクトへの対処
 - マルチプレックスPCRによる少量DNAへの対応
 - FFPEサンプルからのRNAシーケンスの実現による断片化への対応

FFPEからの遺伝子解析

▶ FFPEとは

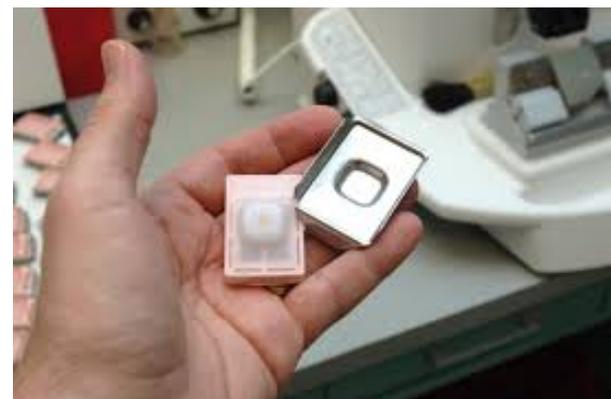
- 生検または手術により採取した組織を、ホルマリンに浸漬して固定した後、パラフィンに包埋した組織ブロック
 - Formalin Fixation and Paraffin Embedding (FFPE)
 - ホルマリン固定パラフィン包埋

▶ FFPEの利用目的

- 病理診断、病理組織標本作成
- 遺伝子解析

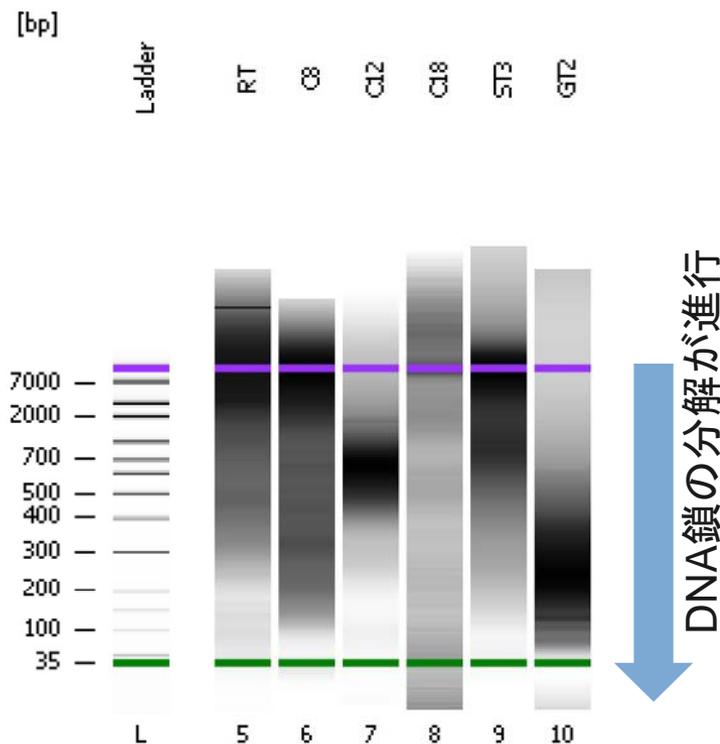
▶ FFPEの利用価値

- 室温または低温で長期間保存可能
- レトロスペクティブ解析に有用

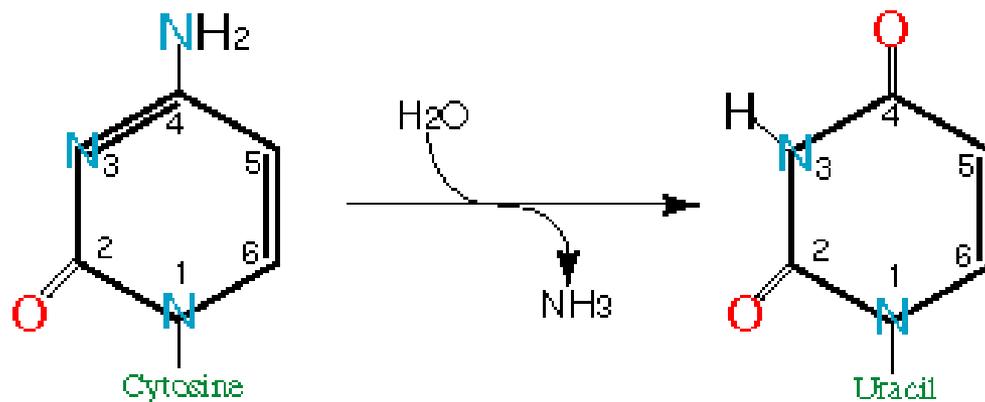


FFPEからの遺伝子解析の問題点

▶ 劣化によるDNA断片化



▶ ヌクレオチドの損傷



加水分解反応により脱アミノ化が起こり、
シトシンがウラシルに置換
→PCR増幅でアーチファクトなC>T変異

検体の保存と取扱い

- ▶ 検体は、病理用とは別に遺伝子解析用として超低温（ -70°C 以下）凍結して、断片化を防ぐ
- ▶ 検体の固定前処理およびホルマリン固定処理は低温かつ短時間で行う
- ▶ 組織をあらかじめ適度な厚さ（4~5mm）にして固定時間を短縮
- ▶ 10%ホルマリンは室温で1時間に1mm程度の浸透するため、大きい組織では固定液が浸透しやすい適度な厚さ（1~2cm）に入割して固定時間を短縮

短期保存	長期保存	不適切な検体	対処方法	備考
4°C~室温で 長期間可能		ホルマリン固定	10%中性緩衝ホルマリン使用 適切な固定時間・温度 DNA断片の長さを短く設定	<ul style="list-style-type: none"> • 固定時間の目安 <ul style="list-style-type: none"> —手術材料：室温18~36時間 —生検材料：室温3~6時間程度 • 室温もしくは低温（4°C）保存 • ブロックからの薄片組織切片委は、RNAの質的劣化は薄片後10日間まで認められない。
		病変部以外が多く含まれる	凍結組織切片作成、 マイクロダイセクション	

参照：遺伝子関連検査検体品質管理マニュアル（MM5-A1）JCCL

FFPEを遺伝子解析に利用する際の注意点

- ▶ ホルマリン固定による核酸の低分子化（検出DNA断片長を短く）
- ▶ ホルマリン固定によるDNA損傷（アーチファクトへの対応）
- ▶ ホルマリン固定条件の不均一性（条件の把握）
- ▶ 病変細胞以外の混入（マイクロダイセクション利用）
- ▶ 薄片時の検体間の相互汚染（検体ごとのマイクロトーム刃交換）
- ▶ 少ないDNA量（PCR反応）
- ▶ PCR反応による不正確な増幅（品質管理）

参照：遺伝子関連検査検体品質管理マニュアル（MM5-A1）JCCL

FFPEサンプルから抽出された核酸の品質管理

▶ DNA

- ゲル電気泳動
- 分光光度計 (A_{260}/A_{280})
- 既知DNA断片長のPCR増幅
- **リアルタイムPCR**

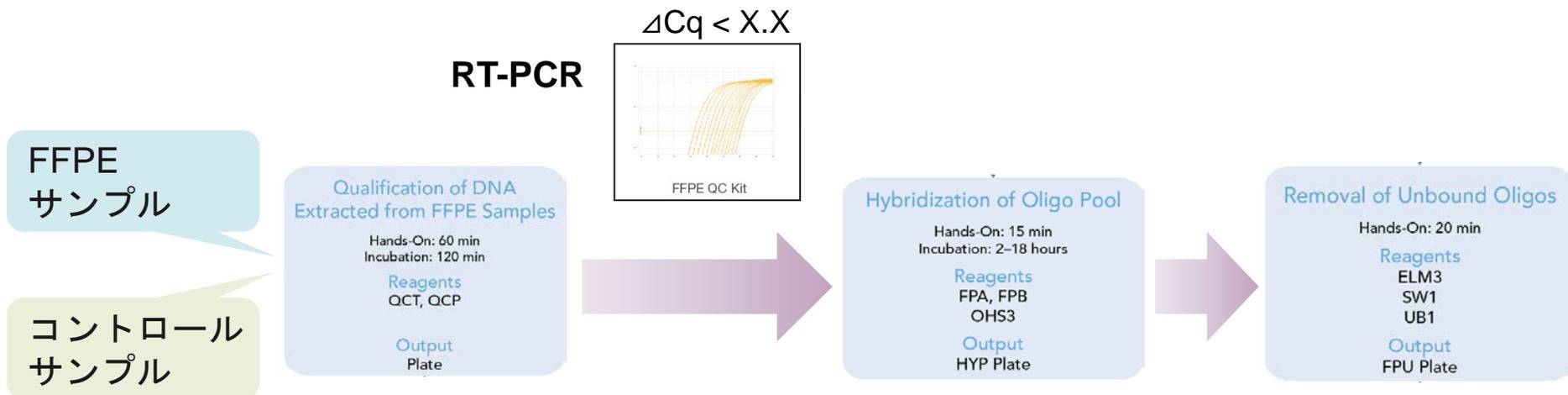
▶ RNA

- ゲル電気泳動
- RNA Integrity Number (RIN)
- **DV₂₀₀**

参照：遺伝子関連検査検体品質管理マニュアル（MM5-A1）JCCL

リアルタイムPCRを使用したDNAの品質管理

- ▶ リアルタイムPCRを使用してFFPEサンプルから抽出したDNAがPCR増幅可能な状態かを測定
- ▶ FFPE DNAとコントロールDNAとの増幅能の比較により、Cq値をサンプルごとに計算し、 ΔCq 値を求め、サンプル調製に使用可能かどうかを判定
- ▶ リアルタイムPCRの測定結果に応じて、FFPE DNAの使用量を調整



バイオアナライザを使用したRNAの品質管理

▶ RNA Integrity Number (RIN)

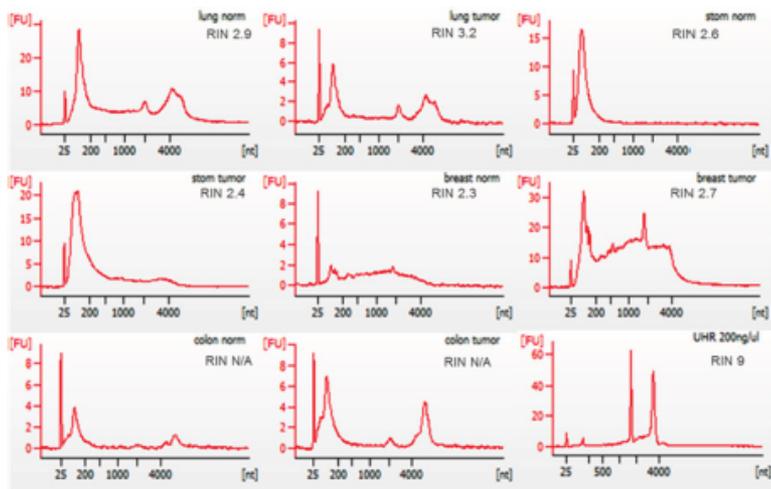
- バイオアナライザの電気泳動プロファイル上で、RNA の分解を以下で確認
 - (1) 28S/18S ピーク比の減少
 - (2) rRNA ピークと内部標準 (lower marker) 間シグナルの上昇
- バイオアナライザのソフトウェアが自動的に rRNA のピーク (18S・28S) を認識し、28S/18S 比を計算
 - ただし、分解が進んだ RNA 試料の評価を行なう際、rRNA ピークのベースラインをマニュアル操作で調製する必要が生じる場合がある。
 - 即ち、RNA の分解度評価に主観が入る場合がある。
- RIN は泳動プロファイル全体を考慮して算出した 1 ~ 10 の数値により、RNA を分解度で分類するソフトウェア
 - RIN ソフトウェアにより客観的な分解度評価を行うことができる上、rRNA 比に比べて再現性が高く、RNA 濃度による影響も受けにくい。

参照：アジレント社HP RNA Integrity Number (RIN) – RNAの品質の客観的評価

RINとライブラリー収量の相関性

- ▶ RINはRNA品質の優れた判定基準ではあるが、ライブラリー収量予測には不足

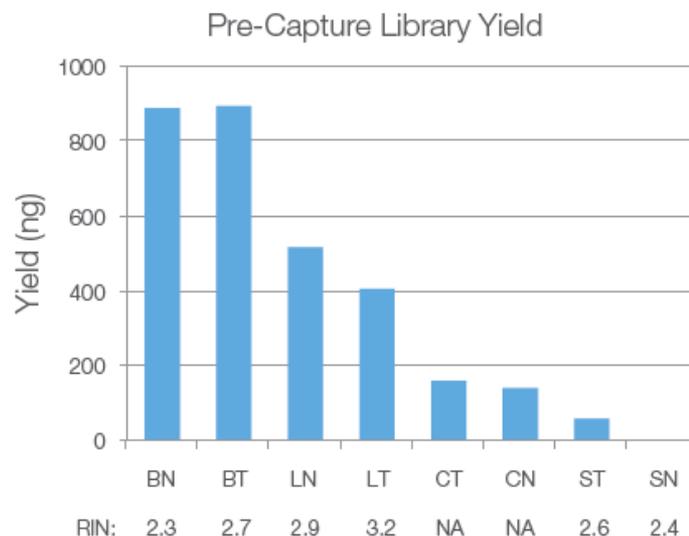
Figure 2: RNA Quality from FFPE Samples



RNA isolated from FFPE samples was examined using an Agilent Bioanalyzer. RNA Integrity Numbers (RINs)⁵ were calculated from the Bioanalyzer traces.

Figure 3: RIN versus DV₂₀₀ and Library Yield

A



RIN値とライブラリー収量（濃縮前）の相関が認められなかった

TruSeqRNA Access LibraryPrep Guide , Part # 15049525 Rev. B <Technical Note>

http://support.illumina.com/content/dam/illumina-support/documents/documentation/chemistry_documentation/samplepreps_truseq/truseqrnaaccess/truseq-rna-access-library-prep-guide-15049525-b.pdf

ライブラリー収量と相関性の高い新たな指標

- ▶ DV_{200} = 200塩基以上のフラグメントの割合(%)
 - BioAnalyzer または Fragment Analyzerを使って簡単に算出

Figure 2 Example: High Quality FFPE ($DV_{200} = 77\%$)

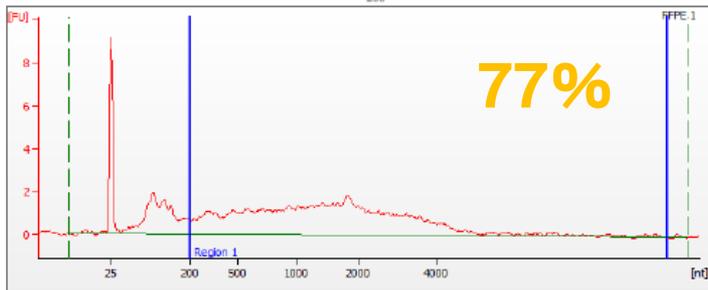


Figure 4 Example: Low Quality FFPE ($DV_{200} = 30\%$)

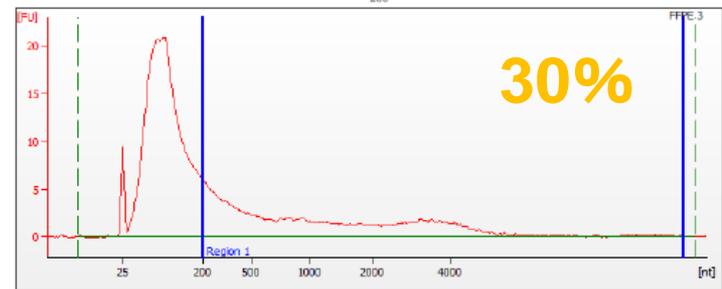


Figure 3 Example: Medium Quality FFPE ($DV_{200} = 55\%$)

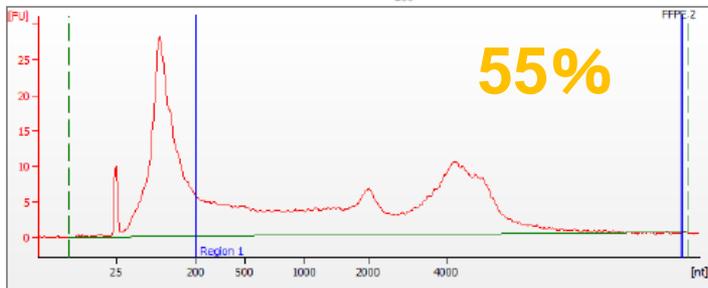
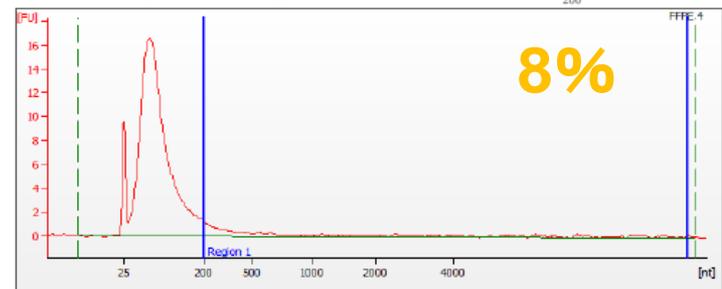


Figure 5 Example: FFPE Quality Not Recommended for Use ($DV_{200} = 8\%$)

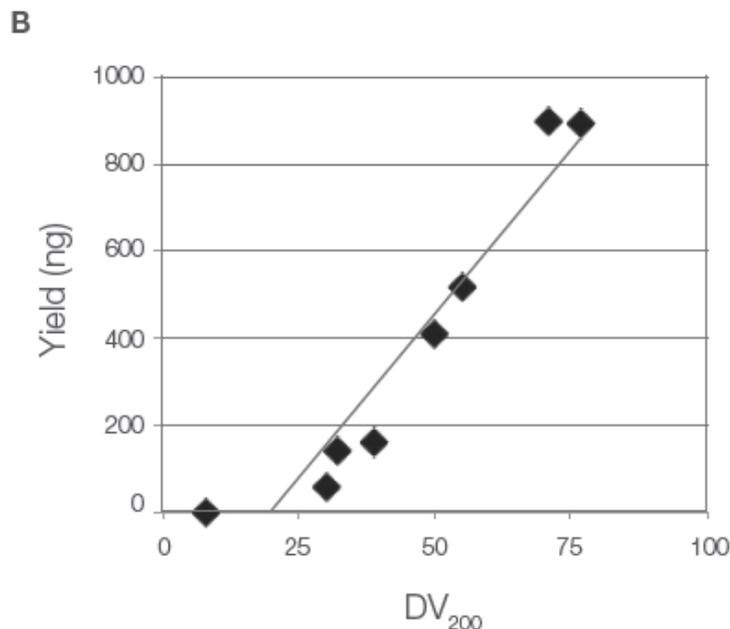


TruSeqRNA Access LibraryPrep Guide , Part # 15049525 Rev. B <Technical Note>

http://support.illumina.com/content/dam/illumina-support/documents/documentation/chemistry_documentation/samplepreps_truseq/truseqrnaaccess/truseq-rna-access-library-prep-guide-15049525-b.pdf

DV₂₀₀とライブラリー収量の相関性

- ▶ 高い相関性が見られ、ライブラリー収量予測に有用



DV₂₀₀とライブラリー収量（濃縮前）には、高い相関が認められた（R²=0.91）

Table 1: RIN and DV₂₀₀ Values From FFPE Samples

Sample	RIN	DV ₂₀₀ [*]
Breast Normal	2.3	77
Breast Tumor	2.7	71
Lung Normal	2.9	55
Lung Tumor	3.2	50
Colon Normal	N/A	32
Colon Tumor	N/A	39
Stomach Tumor	2.4	30
Stomach Normal	2.6	8

^{*}The "DV₂₀₀" is the percentage of RNA fragments > 200 nucleotides. Although RIN values for these samples lie within a relatively narrow range (2.3–3.2), the size distribution of the RNA varies greatly among the samples.

RIN値に対して、さまざまなDV₂₀₀が認められた

TruSeqRNA Access LibraryPrep Guide , Part # 15049525 Rev. B <Technical Note>

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

DV₂₀₀に基づくRNAインプット量の決定

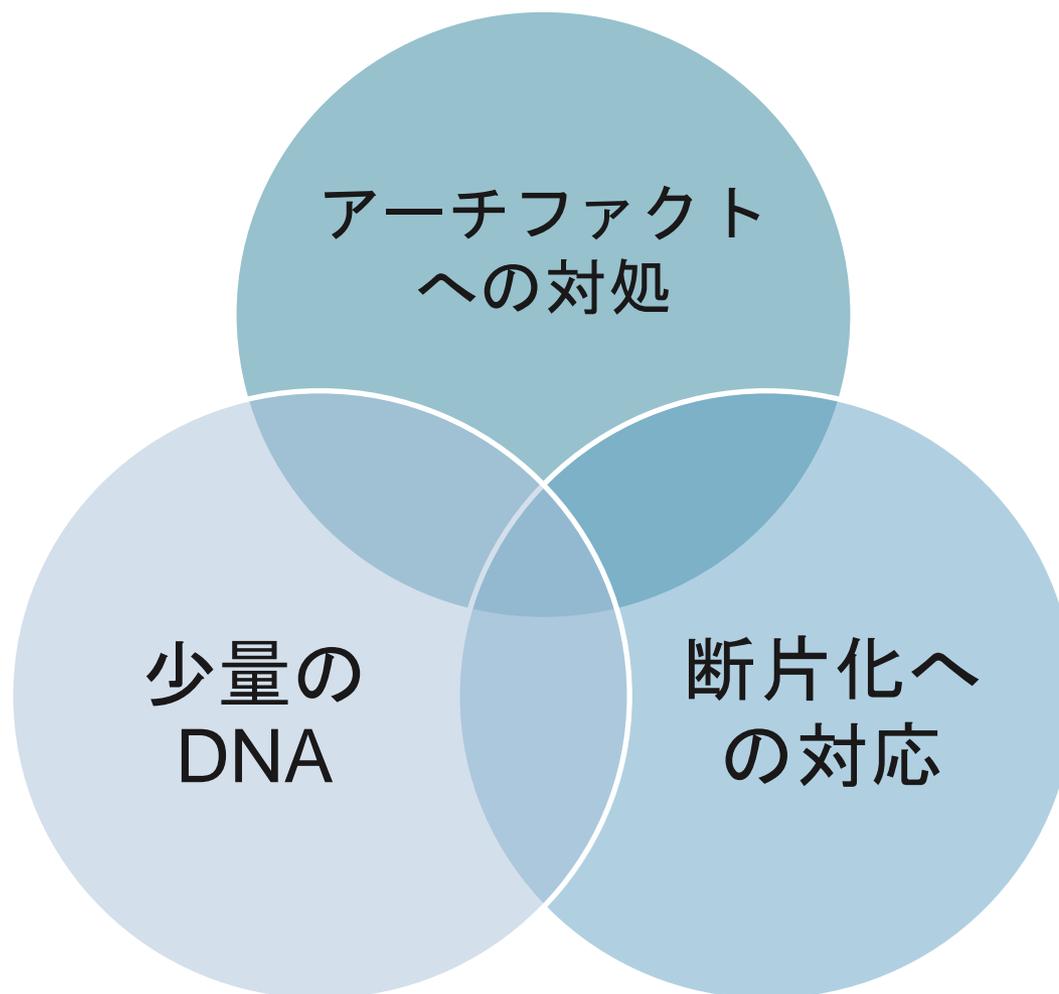
Table 1 FFPE RNA Input Recommendations

Quality	DV ₂₀₀	Input Requirement Per Reaction
High	> 70%	20 ng
Medium	50–70%	20–40 ng
Low	30–50%	40–100 ng
Too Degraded	< 30%	Not recommended

TruSeqRNA Access LibraryPrep Guide , Part # 15049525 Rev. B <Technical Note>

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

FFPEからの遺伝子解析の課題



イルミナ癌パネルラインナップ (FFPE対応)

	TruSight Tumor (26 genes)	TruSight Cancer Hotspot Panel	TruSeq Custom Amplicon Low Input	TruSight Tumor (15 genes)
用途	Somatic mutation detection in solid tumors	Somatic mutational hotspots in a broad spectrum of cancers	Somatic mutational detection in a broad spectrum of cancers	Somatic mutational hotspots in specific cancers
製品番号	FC-130-2001/ TG-130-2001	FC-135-2002, FC-135-2001 (& FC-121-9999 for FFPE QC)	FC-134-2001, FC-134-2002 (& FC-121-9999 for FFPE QC)	OP-101-1001, OP-101-1002
手法	Amplicon (double stranded)	Amplicon	Amplicon	Multiplex PCR
ターゲットサイズ	21kb (174 amplicons, 26 genes)	>35kb (212 amplicons, 48 genes)	(16 - 1536 amplicons)	44kb (250 amplicons, 15 genes)
DNA 量	30 - 300ng	10ng~	10ng~	20ng
FFPE 対応	Yes	Yes	Yes	Yes
リード長	2x121bp	2x150bp	2x150bp	2x150bp
カバレッジ	At least 1000x per amplicon	~1000x average coverage	~1000x average coverage	At least 500x per amplicon
キットサイズ	48 samples	16, 96 samples	16, 96 samples	24 samples
対応機種/ サンプル数	MiSeq: 6 samples NextSeq: 34 samples /48 samples HiSeq: 48 samples	MiSeq: up to 96 samples NextSeq: up to 96 samples HiSeq: up to 96 samples	MiSeq: up to 96 samples NextSeq: up to 96 samples HiSeq: up to 96 samples	MiSeq: 8 samples
アライメント/ バリエーションコール	MiSeq Reporter with Amplicon - DS workflow; AmpliconDS for HAS AmpliconDS	MiSeq Reporter with Somatic Variant Caller BaseSpace App TruSeq Amplicon	MiSeq Reporter with Somatic Variant Caller BaseSpace App TruSeq Amplicon	MiSeq Reporter Predefined Report
フィルタリング/ アノテーション	VariantStudio	VariantStudio	BaseSpace App / Onsite	VariantStudio
	固形腫瘍	腫瘍全般	カスタム	固形腫瘍

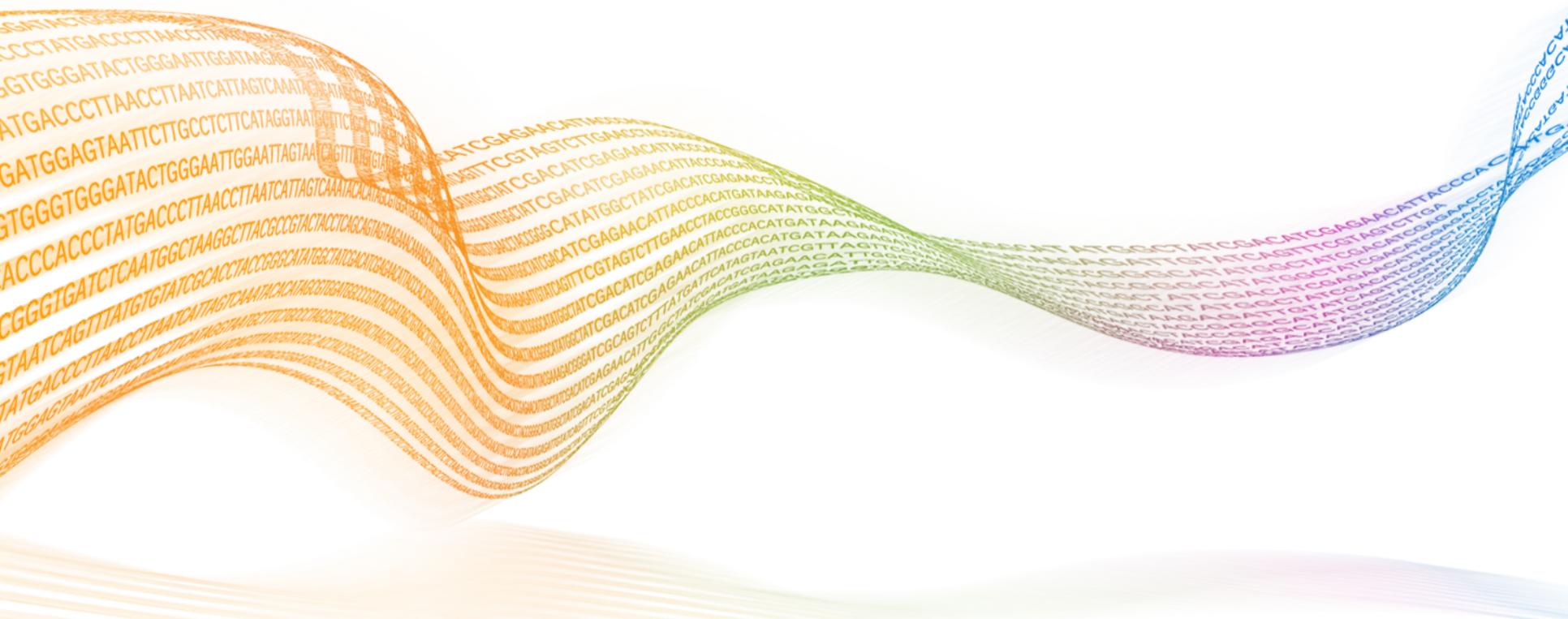
Coming soon

内容

- ▶ FFPEサンプルからの次世代シーケンスにおける注意点
 - FFPEからの遺伝子解析の問題点
 - 遺伝子解析のための検体およびFFPE処理
 - DNAの品質管理
 - RNAの品質管理（RINとDV₂₀₀）
- ▶ FFPEサンプルに対するイルミナターゲットシーケンステクノロジー
 - ライゲーションベースアンプリコンによるアーチファクトへの対処
 - マルチプレックスPCRによる少量DNAへの対応
 - FFPEサンプルからのRNAシーケンスの実現による断片化への対応

ライゲーションベースアンプリコンによる アーチファクトへの対処

TruSight Tumor (26 genes)



TruSight Tumor (26 genes)

腫瘍の治療応答性と抵抗性に関連する低頻度の体細胞変異を検出

特長:

- ▶ マイナーアレルを高精度に検出
- ▶ FFPEサンプルに最適化
- ▶ 固形腫瘍に由来するコンテンツで高いカバレッジを実現
- ▶ 175ヶ所のエクソン領域に存在する変異検出が一度に可能になり体細胞変異解析を高速化
- ▶ マイナーアレル頻度5%以下の体細胞変異の解析が可能な精度を実現



TruSight Tumor (26 genes)

腫瘍の治療応答性と抵抗性に関連する低頻度の体細胞変異を検出

特長:

- ▶ マイナーアレルを高精度に検出
- ▶ FFPEサンプルに最適化
- ▶ 固形腫瘍に由来するコンテンツで高いカバレッジを実現
- ▶ エクソン領域全体をカバー
 - CAP と NCCNガイドラインと後期臨床試験から選抜したコンテンツを採用

- CAP (College of American Pathologists : 米国臨床病理医協会) 臨床検査施設の精度管理面で世界的権威
- NCCN (National Comprehensive Cancer Network : 米国総合癌センターネットワーク) 全米を代表とする 21 のがんセンターで結成されたガイドライン策定組織



TruSight Tumor (26 genes)

腫瘍の治療応答性と抵抗性に関連する低頻度の体細胞変異を検出

特長:

- ▶ マイナーアレルを高精度に検出
- ▶ FFPEサンプルに最適化
- ▶ 固形腫瘍に由来するコンテンツで高いカバーレッジを実現
- ▶ 損傷したサンプルから最少のDNAスタート量で正確なベースコールを可能にする優れたサンプル成功率



TruSight Tumor (26 genes)

業界推奨および新規追加コンテンツから構成される26遺伝子

コンテンツは医療現場からの情報を元に注意深く選抜

- NCCN と CAP の推奨遺伝子
- バリエントを含むエクソン全体をカバー
- エクソンはp53のような癌抑制遺伝子をカバー

26 遺伝子は固形腫瘍にフォーカス

AKT1	CDH1	FBXW7	GNAS	MET	PTEN
ALK	CTNNB1	FGFR2	KIT	MSH6	SMAD4
APC	EGFR	FOXL2	KRAS	NRAS	SRC
BRAF	ERBB2	GNAQ	MAP2K1	PDGFRA	STK11
				PIK3CA	TP53

対象とする癌および組織タイプ
肺、大腸、メラノーマ、胃、卵巣
固形腫瘍（白血病/リンパ腫ではない）

エクソン全体をカバー（特定のバリエント部分だけではない）
26 遺伝子に含まれる82 エクソン, 175 アンプリコン

TruSight Tumor (26 genes)

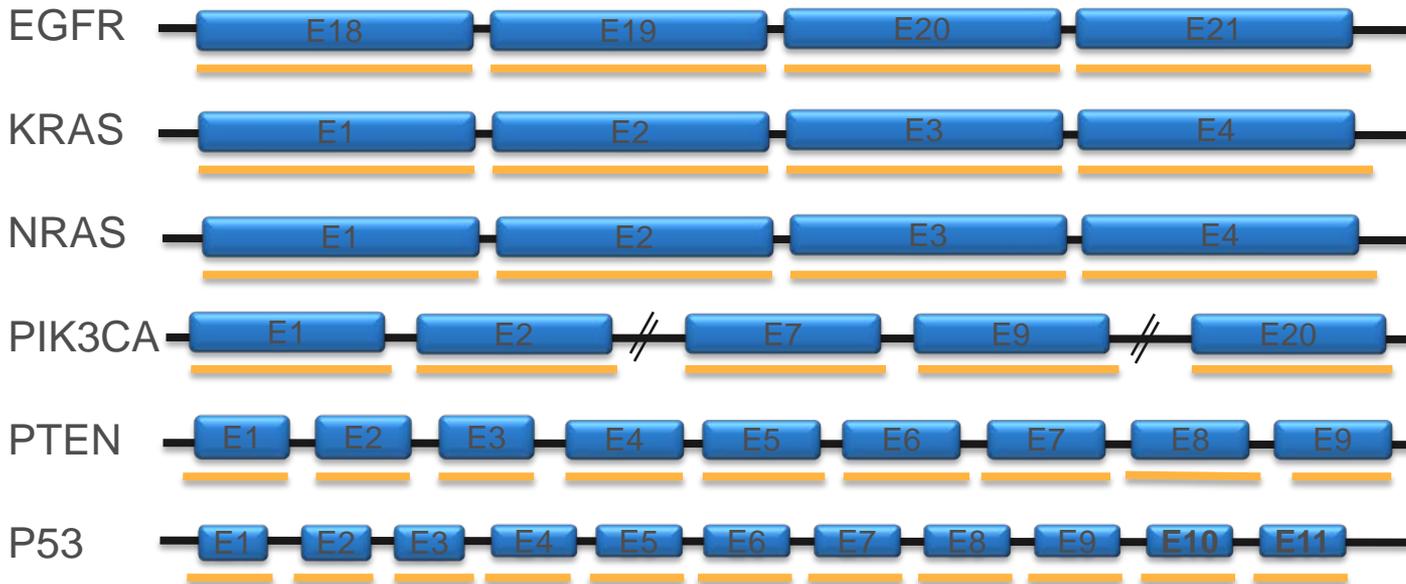
組織タイプによってアレンジされた26遺伝子

新規または臨床試験 業界ガイドライン

肺癌	大腸癌	メラノーマ	胃癌	卵巣癌					
EGFR	KRAS	KRAS	BRAF	BRAF	KIT	KIT	PDGFRA		
AKT1	PIK3CA	AKT1	PIK3CA	GNAQ	KRAS	AKT1	FGFR2	AKT1	ERBB2
ALK	PTEN	APC	PTEN	MAP2K1	NRAS	PIK3CA	p53	PTEN	p53
BRAF	p53	CTNNB1	SRC	PIK3CA	PTEN				
CTNNB1	MAP2K1	EGFR	p53						
MET	NRAS	FBXW7	MET						
		NRAS							

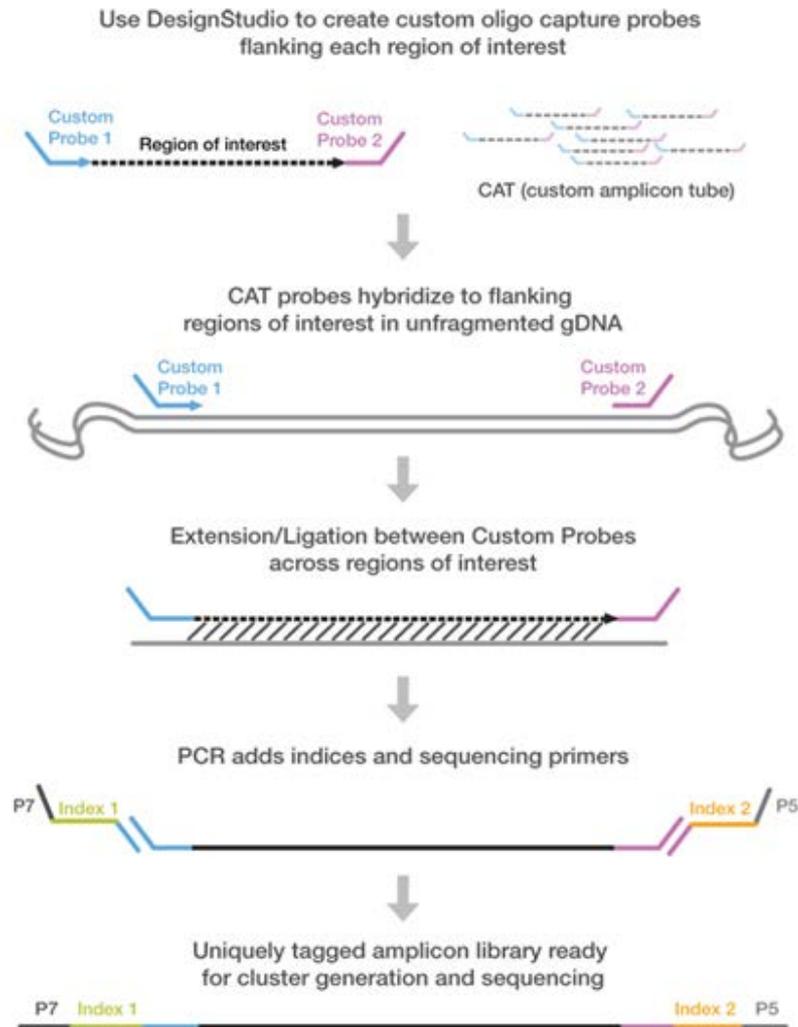
ホットスポットだけでなく関連性の高い領域を幅広くカバー

COSMICデータベースで変異が登録されている領域が含まれるエクソン全体



— アンプリコン領域
■ エクソン領域

ライゲーションベースアンプリコン



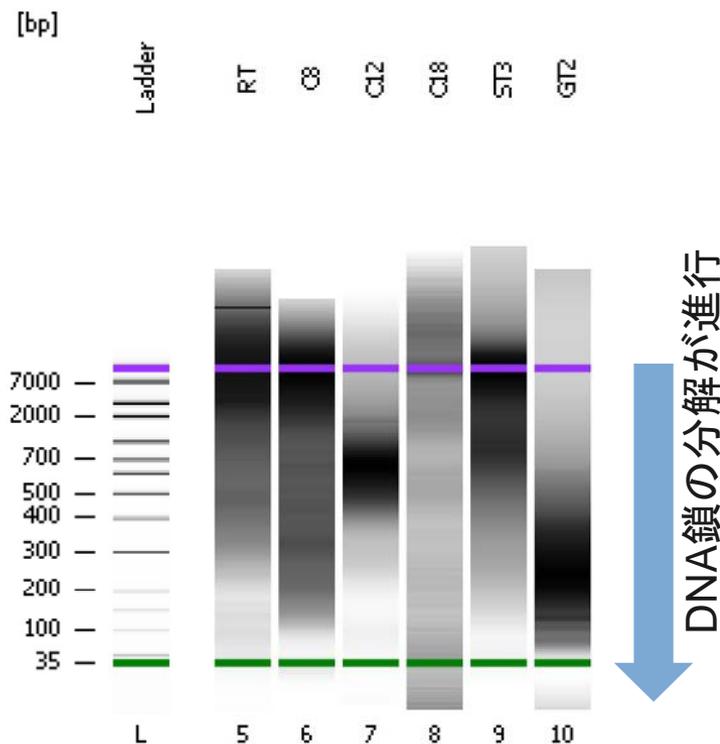
プローブの
ハイブリダイゼーション

伸長とライゲーション

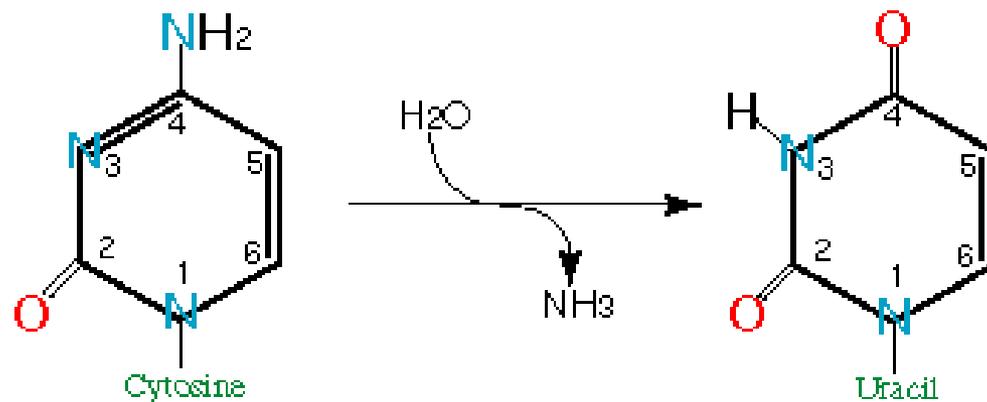
PCR増幅

FFPEからの遺伝子解析の問題点

▶ 劣化によるDNA断片化



▶ ヌクレオチドの損傷

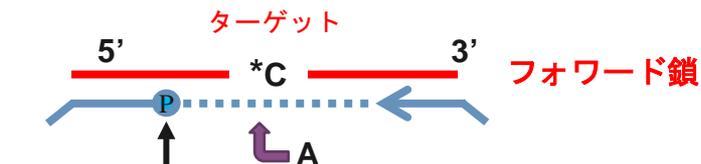


加水分解反応により脱アミノ化が起こり、
シトシンがウラシルに置換
→PCR増幅でアーチファクトなC>T変異

アーチファクトへの対処

二本鎖を別々にアッセイ (Dual stranded Assay)

フォワードのみ(脱アミノ塩基)



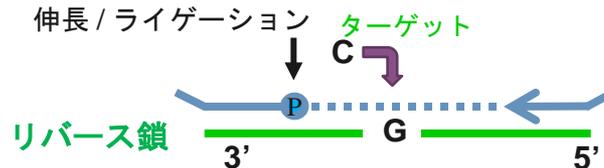
伸長、ライゲーション

PCR 増幅



フォワード鎖由来のPCR産物

リバースのみ (未修飾塩基)



PCR 増幅



リバース鎖由来のPCR産物

ストランド毎にインデックスした
ライブラリーをプール



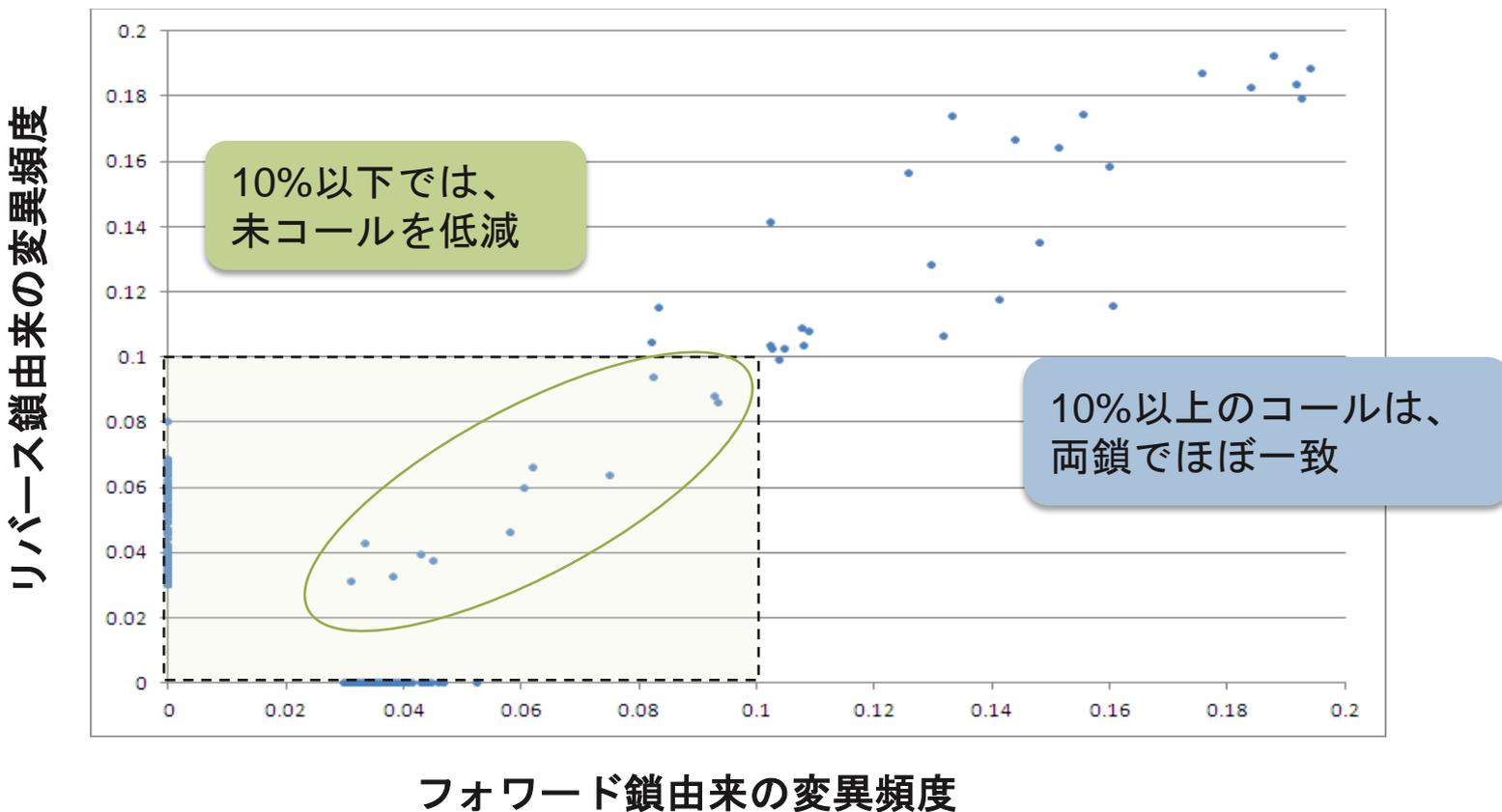
インデックスのデマルチプレックス
リードのアラインメント
両方のストランドで体細胞変異をコール

両方のストランドで見つかったものだけを
真のバリエーションとして採用

補足

各サンプル、1ランで2種類のTruSight Tumor Oligo Panel (FPA、およびFPB) で解析を実施する必要がある (1サンプルあたり2ライブラリーを使用)。MiSeq Reporterで適切に解析を実施するためには、1サンプル (2ライブラリー) を同じフローセル上で解析する必要がある。

バリエーションコールの改善



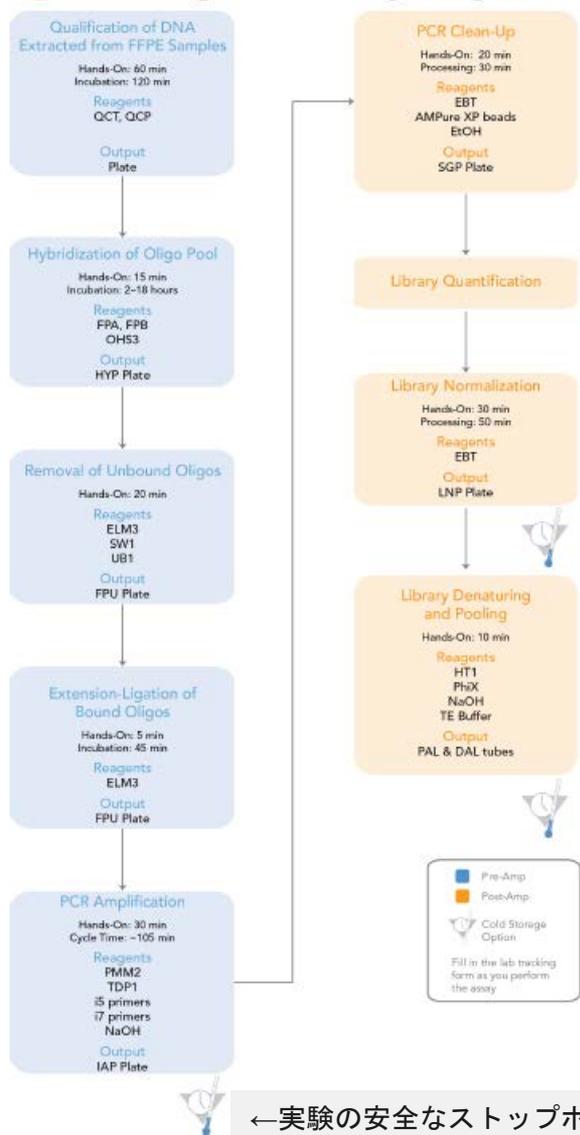
- 感度を向上（低頻度変異の検出）するには？ → ディープシーケンス
- 精度を向上（偽陽性の低減）させるには？ → ストランド別に分けてシーケンスして比較

確認されたバリエーション

FFPEサンプル

遺伝子名	検証済みの変異	参照配列	実際の配列	変異タイプ	頻度
BRAF	V600K	AC	TT	Dinucleotide	76.1%
BRAF	V600E	A	T	SNP	2.9%
BRAF	V600M	C	T	SNP	3.25%
EGFR	E746_A750del	AGGAATTAAGAGAAGC	A	Deletion	4.6%
EGFR	L747_S752del_insV	GAATTAAGAGAAGCAACATC	GT	In/Del	18%
EGFR	delE746_S752insV	GAATTAAGAGAAGCAACATC	GT	In/Del	60.4%
EGFR	delL747_T751insP	ATTAAGAGAAGCAA	AC	In/Del	37.5
EGFR	L858R	T	G	SNP	2.2%
KIT	S501insAY	C	CTGCCTA	Insertion	32.5%
KIT	V559del	GGTT	G	Deletion	27.5%
KRAS	G12D	C	T	SNP	4.9%
KRAS	G13D	C	T	SNP	10.3%
KRAS	D173D	A	G	SNP	16.5%
PDGFRA	D842_D845del	AGACATCATGCAT	A	Deletion	36%
PIK3CA	E545K	G	A	SNP	4.2%

TruSight Tumor (26 genes) ワークフロー



	1日目	2日目	3日目		
10:00	<div style="border: 1px solid gray; padding: 5px;"> ■ Pre-PCRエリアでの実験作業 ■ Post-PCRエリアでの実験作業 反応中あるいは待ち時間 </div>	Removal of Unbound Oligos	MiSeq Run (2x121 cycles, ~20hr)	10:00	
10:10					10:10
10:20					10:20
10:30				10:30	
10:40				10:40	
10:50				10:50	
11:00				11:00	
11:10				11:10	
11:20				11:20	
11:30				11:30	
11:40				11:40	
11:50		11:50			
12:00		12:00			
12:10		12:10			
12:20		12:20			
12:30		12:30			
12:40		12:40			
12:50		12:50			
13:00	Start (Lab set up)	PCR	Data Check	13:00	
13:10				13:10	
13:20				13:20	
13:30	OHS3 試薬の解凍	PCR Clean-Up		13:30	
13:40				13:40	
13:50				13:50	
14:00				14:00	
14:10				14:10	
14:20				14:20	
14:30				14:30	
14:40				14:40	
14:50			14:50		
15:00			15:00		
15:10	Hybridization of Oligo Pool	MiSeq 試薬準備	15:10		
15:20		Library Normalization	15:20		
15:30		Library Denaturing and Pooling	15:30		
15:40			15:40		
15:50	Incubate for 14 ~ 18 hr @95°C->40°C (Heat block)	Library Denaturing and Pooling	15:50		
16:00				16:00	
16:10		MiSeq Run (2x121 cycles, ~20hr)	16:10		
16:20			16:20		
16:30			16:30		
16:40			16:40		
16:50			16:50		
17:00			17:00		

製品情報

カタログ番号	製品名	キット価格 (円)	サンプルあたり
FC-130-2001	TruSight Tumor (48 Samples)	¥1,130,000	¥23,542

別途、TruSeq Custom Amplicon Index Kit も要購入
 カタログ番号：FC-130-1003、キット価格：178,000円

	7000xカバレッジ、121PE推奨 (175アンプリコン)			1サンプル2ライブラリー必要	
	MiSeq	NextSeq 500		HiSeq 2500	
	V3	中出力	高出力	Rapid	
クラスター数	25M	130M	400M	300M	
フローセルあたりのサンプル数	6	34	48	48	
フローセルあたりのコスト	¥401,250	¥1,081,417	¥1,850,000	¥1,784,000	
サンプルあたりのコスト	¥66,875	¥31,806	¥38,542	¥37,167	*index数による制限

キャンペーン情報

12/11 (金) まで

カタログ番号	製品名	キット価格 (円)	サンプルあたり
FC-130-2001	TruSight Tumor (48 Samples)	¥1,130,000 →¥813,600	¥23,542 →¥16,950

The screenshot shows the Illumina website's 'Oncology Breakthrough' page. At the top, there's a navigation bar with 'illumina' logo and various menu items. Below the navigation, the main heading is 'Oncology Breakthrough' with a sub-heading '次世代シーケンサーの活用が確。最新癌研究のブレイクスルー' (Next-generation sequencing is confirmed for use. Breakthrough in the latest cancer research). There's a search bar and social media links. A central image shows a woman in a lab coat. To the right, there's a '製品検索' (Product Search) section with a dropdown menu and a 'ログイン' (Login) form. Below the main content, there are several icons representing different research areas: '最新発表はここから' (Latest publications from here), 'Oncology Breakthrough', 'イルミナ サポートプログラム' (Illumina Support Program), and '生産性のパワーを拡大' (Expand productivity power). At the bottom, there's a section for 'イルミナ School' (Illumina School) with various topics like '癌ゲノム' (Cancer Genomics), '遺伝性疾患' (Genetic Diseases), '微生物ゲノム' (Microbial Genomics), '創薬におけるゲミクス' (Genomics in Drug Discovery), 'アグリゲノム' (Agricultural Genomics), 'リプロダクティブヘルス' (Reproductive Health), and '法医学ゲノム' (Forensic Genomics). A yellow arrow points from the 'Oncology Breakthrough' banner to the campaign details on the right.

The poster is for the '2015 Oncology Breakthrough RNA Access & TruSight Tumor FFPE 対応ライブラリー調製キット お試しキャンペーン' (2015 Oncology Breakthrough RNA Access & TruSight Tumor FFPE Compatible Library Preparation Kit Trial Campaign). It features a background image of a person in a lab coat. The main text reads: 'FFPE サンプルの mRNA 解析に最適な RNA Access ライブラリー調製キット、FFPE 処理によるアーチファクトに対応した TruSight Tumor を約 30%OFF でご提供' (Optimal RNA Access library preparation kit for mRNA analysis of FFPE samples, TruSight Tumor compatible with artifacts from FFPE processing, provided at approximately 30% OFF). Below this, there's a section for '対象製品' (Target Products) listing 'TruSeq RNA Access · TruSight Tumor'. The '内容' (Content) is '対象製品を約 30% OFF でご提供' (Provide target products at approximately 30% OFF). The '期間' (Period) is '2015年8月3日(月) から2015年12月11日(金) まで (弊社受注分まで)' (From August 3, 2015 (Monday) to December 11, 2015 (Friday) (up to our order volume)). The 'プロモーションコード' (Promotion Code) is 'OBFFPE (ご注文時に備考欄にお書きください)' (OBFFPE (please write in the remarks field when ordering)). The 'お問い合わせ先' (Contact) is '03-4578-2800'. At the bottom, there's a 'キャンペーンの最新情報はウェブから' (Get the latest campaign information from the web) and the website 'www.illumina.co.jp'. The Illumina logo is at the bottom right.

少量のDNAへの対応

TruSight Tumor (15 genes)



TruSight Tumor (15 Genes)

- ▶ **15の癌関連遺伝子の関連領域をターゲット**
 - NCCN (National Comprehensive Cancer Network), ESMO (European Society for Medical Oncology), KOLS, トップ製薬企業がコンテンツを決定
- ▶ **サンプルから結果までをサポート**
 - 詳細なQCステップと定型化されたバリエアントレポート
- ▶ **Oncologyのニーズに合ったワークフロー**
 - 少ないFFPEサンプルインプット量 (20ng) と短いTAT (~36時間)
- ▶ **高感度、高い信頼性でバリエアントを検出**
 - 500x 以上のカバレッジで、5%のアリル頻度の体細胞変異を同定



Breast
Melanoma
Colon
Prostate
Lung
Ovary
Gastric

TruSight Tumor Panel (15 Genes)

遺伝子コンテンツ

コンテンツ		
AKT1	GNA11	NRAS
BRAF	GNAQ	PDGFRA
EGFR	KIT	PIK3CA
ERBB2	KRAS	RET
FOXL2	MET	TP53

特長

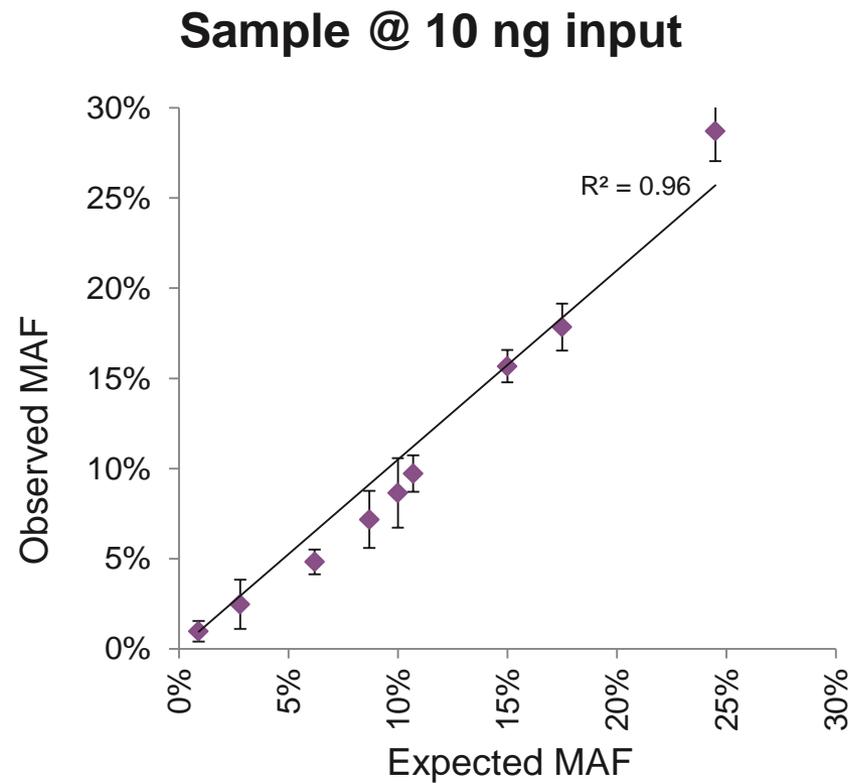
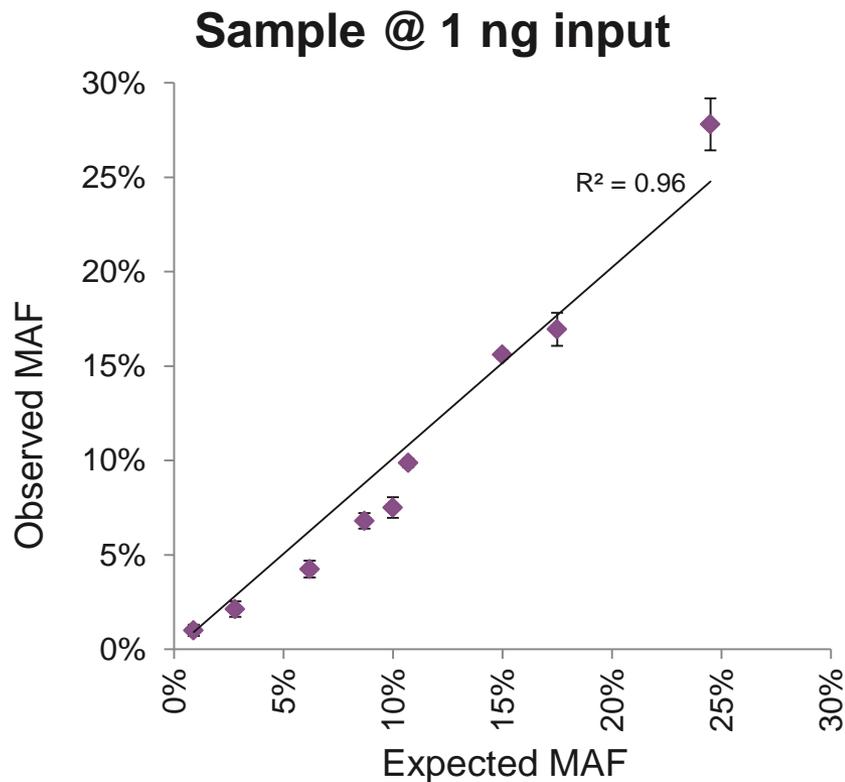
- ▶ 個々の繰り返し試験を置き換えることができるフォーカスした遺伝子コンテンツ
- ▶ 業界ガイダンス(NCCN, ESMO)、KOL、製薬企業とともに遺伝子コンテンツを決定
- ▶ 最適化されたワークフローで、サンプルからデータ解析までを包括的にサポート
- ▶ 固形癌と関連のある体細胞変異を高感度に検出
- ▶ 分解したFFPE組織サンプルからでも少ないインプット量に最適化済み

TruSight Tumor Panel (15 Genes)

製品仕様	
パネルサイズ	44 kb
コンテンツ	250 アンプリコン
アンプリコンサイズ	平均 ~150–175 bp
DNA インプット量	20 ng
ライブラリー調製時間	7 時間, 3.5 時間ハンズオンタイム
シーケンスラン時間	27 時間 (MiSeq システム)
シーケンスラン	151 × 2 bp
スループット	8 サンプル
変異頻度	5%
カバレッジ	≥ 93.5% の塩基が ≥ 500x のカバレッジを実現

少量のDNAへの対応

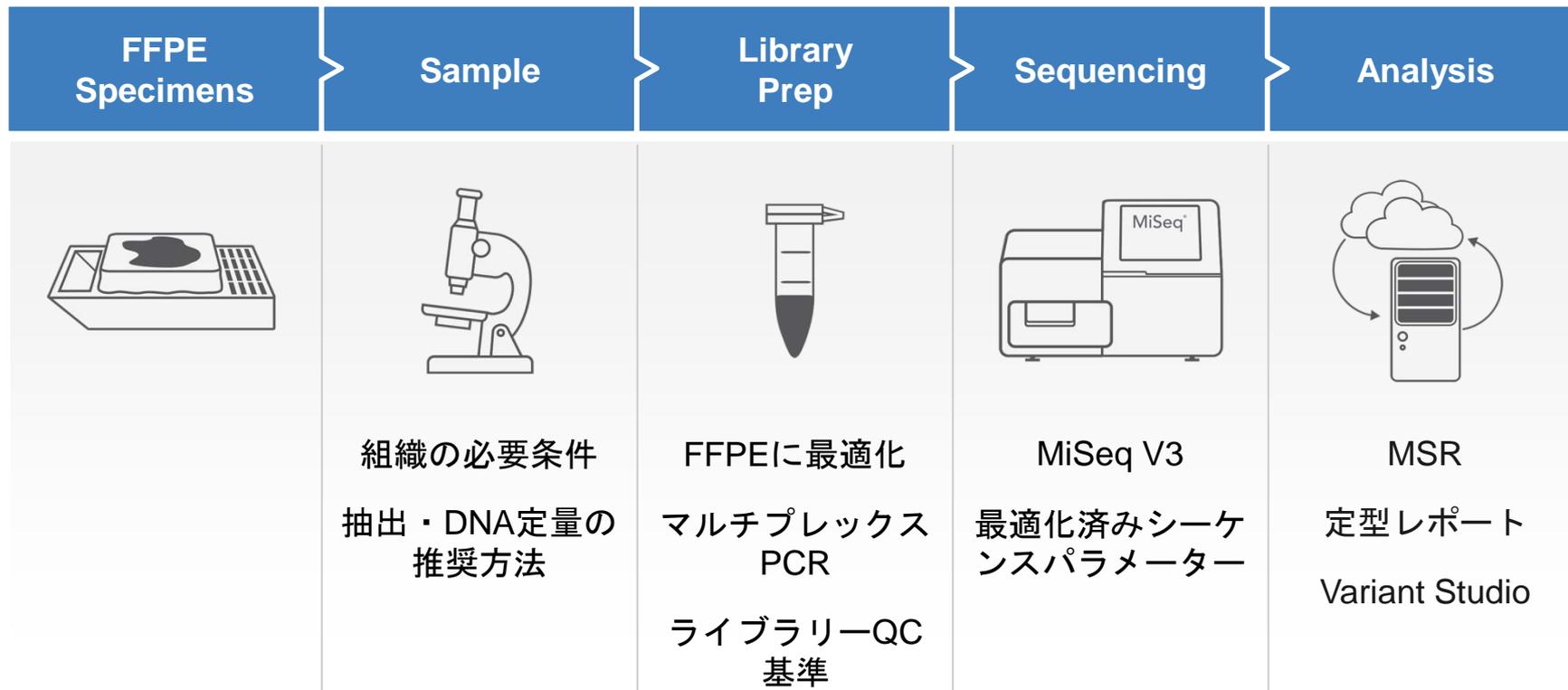
FFPEサンプル



FFPEサンプルからの1ngのDNAから5%のバリエント検出

TruSight Tumor Panel (15 Genes)

サンプルから結果までのワークフローソリューション



ライブラリー調製だけでなく、トータルソリューションの提供が可能に

結果のレポート

定型レポートによりバリエーションコールを誰でも簡単に

シンプルかつユーザーフレンドリーなサンプルから結果までのソリューション

誰でも簡単に操作できる
自動のソリューション

効率的な固定化された
バリエーションフィルタリング
と分類

FOR RESEARCH USE ONLY. NOT FOR USE IN DIAGNOSTIC PROCEDURES.

TruSight® Tumor Panel (15 Genes)

AMHSminor

Sample ID: AMHSminor Report Definition: TST_15Genes-ReportDefinition-v1
Run Name: Report Generated On: 2015-06-07 20:59
Run ID: 141219_M00894_0164_000000000-ACK09

Variants identified as specified in the report definition

Detected SNVs, Insertions, and Deletions

Gene	Amino Acid Change	Variant Type	Nucleotide Change	Variant Frequency	Transcript
KRAS	p.Gly13Asp	missense variant	c.38G>A	0.541	ENST00000256078
PIK3CA	p.Glu545Lys	missense variant	c.1633G>A	0.495	ENST00000263967
EGFR	p.Leu861Gln	missense variant	c.2582T>A	0.532	ENST00000263967

No Calls

Gene	Chromosome	Coordinate	Failed Filter
NRAS	chr1	115252203	Low Coverage,Low Genotype Quality
NRAS	chr1	115252204	Low Coverage,Low Genotype Quality
TP53	chr17	7579651	Low Variant Frequency
TP53	chr17	7579654	Low Variant Frequency
TP53	chr17	7579660	Low Variant Frequency
TP53	chr17	7579666	Low Variant Frequency
TP53	chr17	7579671	Low Variant Frequency
TP53	chr17	7579679	Low Variant Frequency
TP53	chr17	7579684	Low Variant Frequency,Low Genotype Quality

illumina®

1 of 2

FOR RESEARCH USE ONLY. NOT FOR USE IN DIAGNOSTIC PROCEDURES.

TruSight® Tumor Panel (15 Genes)

AMHSminor

Sample ID: AMHSminor Report Definition: TST_15Genes-ReportDefinition-v1
Run Name: Report Generated On: 2015-06-07 20:59
Run ID: 141219_M00894_0164_000000000-ACK09

Report Details

Library IDs: A04-AMHSminor-MxA-54056-1001,B04-AMHSminor-MxB-54056-1001
Library Index Pairs: R702/A501,R702/A502
Instrument Name: M00894
Sequencing Start Date: 2014-12-19 00:00
Sequenced By User: svc_cpuser
RTA Version: 1.18.54
MSR Version: 2.6.1.16
MCS Version: 2.4.1.3

Detected Variants

Please refer to the MiSeq Reporter TruSight Tumor Panel (15 Genes) Workflow reference guide for more information regarding the filtered variant results displayed in this report. Refer to the corresponding sample genome VCF file for additional unfiltered variant information.

illumina®

2 of 2

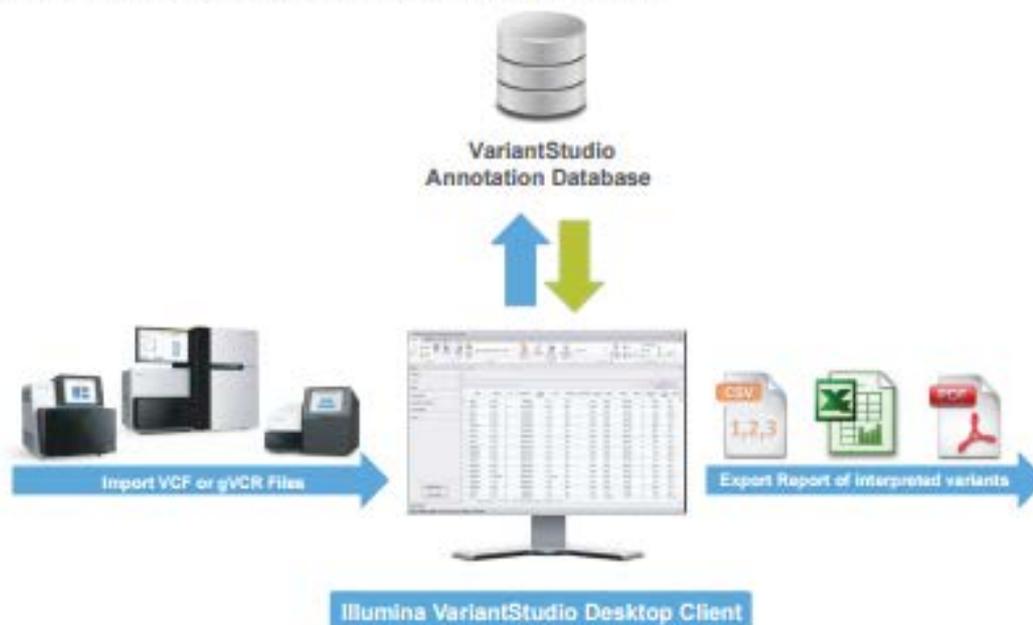
レポートのソリューション

VariantStudio

ユーザーによるフィルタリング

- VariantStudioを用いて、既定レポートに追加してフィルタリングの実施が可能
- VCFファイルからカスタムのレポート作成が可能

Figure 1: Comprehensive Analysis and Interpretation of Variant Data



The VariantStudio tool is a powerful software application for analyzing and interpreting variant data. This tool aggregates information from a collection of databases to streamline annotation. It also provides flexible filtering options for analyzing variant data and tools to enable classification and reporting of actionable variants.

製品情報

日本癌学会学術総会：初日 10/8（木）販売開始

カタログ番号	製品名	キット価格（円）	サンプルあたり
OP-101-1001	TruSight Tumor Kit (15 Genes)	¥749,000	¥31,208 (トータルコスト)
OP-101-1002	TruSight Tumor Panel (15 Genes)	¥450,000	18,750円 (ライブラリーのみ)

500xカバレッジ、150PE推奨（250アンプリコン）

	MiSeq
	V3
クラスター数	25M
フローセルあたりのサンプル数	8
フローセルあたりのコスト	¥249,667
サンプルあたりのコスト	¥31,208

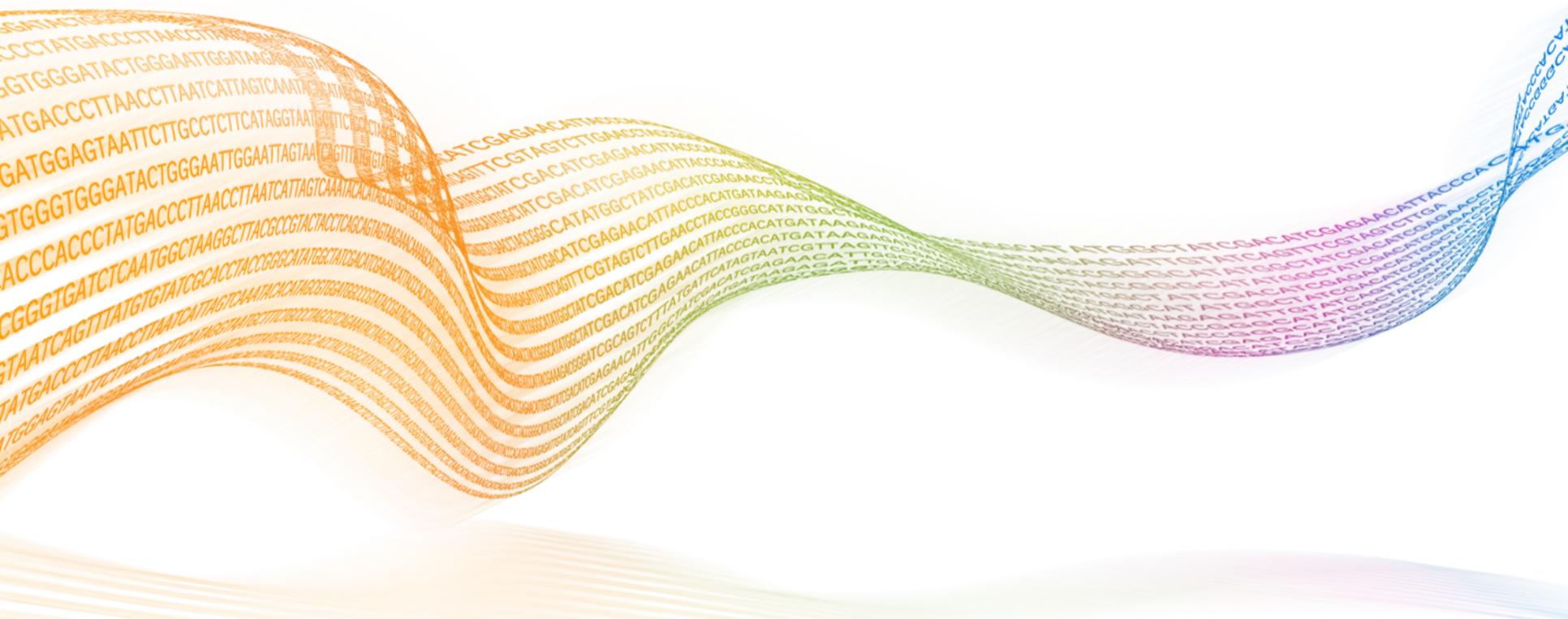
イルミナ癌パネルラインナップ (FFPE対応)

	TruSight Tumor (26 genes)	TruSight Cancer Hotspot Panel	TruSeq Custom Amplicon Low Input	TruSight Tumor (15 genes)
用途	Somatic mutation detection in solid tumors	Somatic mutational hotspots in a broad spectrum of cancers	Somatic mutational detection in a broad spectrum of cancers	Somatic mutational hotspots in specific cancers
製品番号	FC-130-2001/ TG-130-2001	FC-135-2002, FC-135-2001 (& FC-121-9999 for FFPE QC)	FC-134-2001, FC-134-2002 (& FC-121-9999 for FFPE QC)	OP-101-1001, OP-101-1002
手法	Amplicon (double stranded)	Amplicon	Amplicon	Multiplex PCR
ターゲットサイズ	21kb (174 amplicons, 26 genes)	>35kb (212 amplicons, 48 genes)	(16 - 1536 amplicons)	44kb (250 amplicons, 15 genes)
DNA 量	30 - 300ng	10ng~	10ng~	20ng
FFPE 対応	Yes	Yes	Yes	Yes
リード長	2x121bp	2x150bp	2x150bp	2x150bp
カバレッジ	At least 1000x per amplicon	~1000x average coverage	~1000x average coverage	At least 500x per amplicon
キットサイズ	48 samples	16, 96 samples	16, 96 samples	24 samples
対応機種/ サンプル数	MiSeq: 6 samples NextSeq: 34 samples /48 samples HiSeq: 48 samples	MiSeq: up to 96 samples NextSeq: up to 96 samples HiSeq: up to 96 samples	MiSeq: up to 96 samples NextSeq: up to 96 samples HiSeq: up to 96 samples	MiSeq: 8 samples
アライメント/ バリエーションコール	MiSeq Reporter with Amplicon - DS workflow; AmpliconDS for HAS AmpliconDS	MiSeq Reporter with Somatic Variant Caller BaseSpace App TruSeq Amplicon	MiSeq Reporter with Somatic Variant Caller BaseSpace App TruSeq Amplicon	MiSeq Reporter Predefined Report
フィルタリング/ アノテーション	VariantStudio	VariantStudio	BaseSpace App / Onsite	VariantStudio
	固形腫瘍	腫瘍全般	カスタム	固形腫瘍

Coming soon

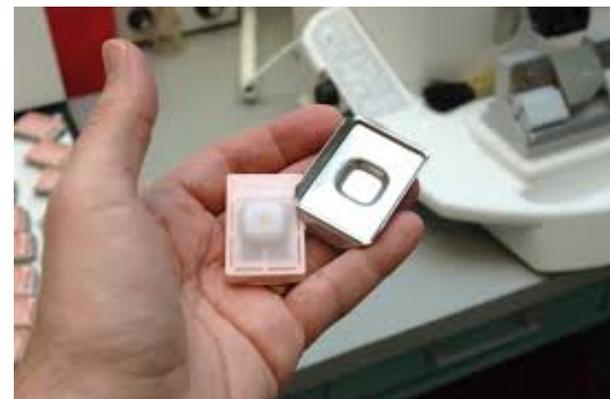
断片化への対応

TruSeq RNA Access

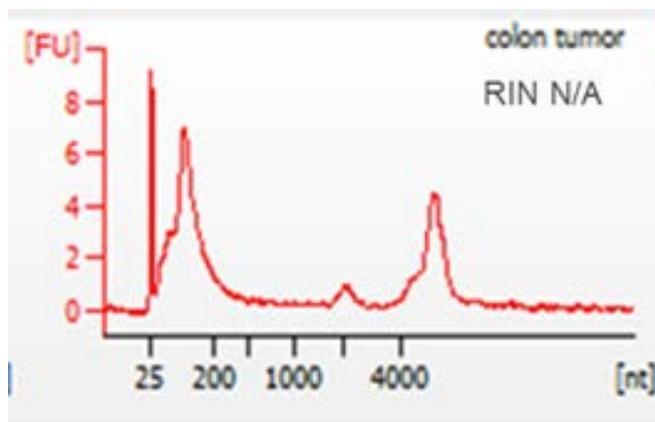


FFPEからの遺伝子解析の問題点

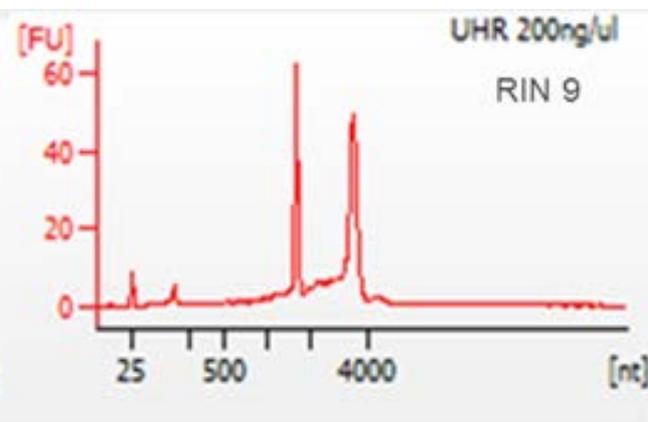
- ▶ パラフィンブロックの中には莫大な量の価値あるデータが埋もれているが . . .
 - FFPE由来のDNAは、ホルマリン固定の過程で断片化されたり化学的に修飾されたりする
 - FFPE由来のRNAも、断片化が進んでおり、一般的poly Aを利用したキャプチャーによるRNAシーケンスの手法を用いることができない



FFPE

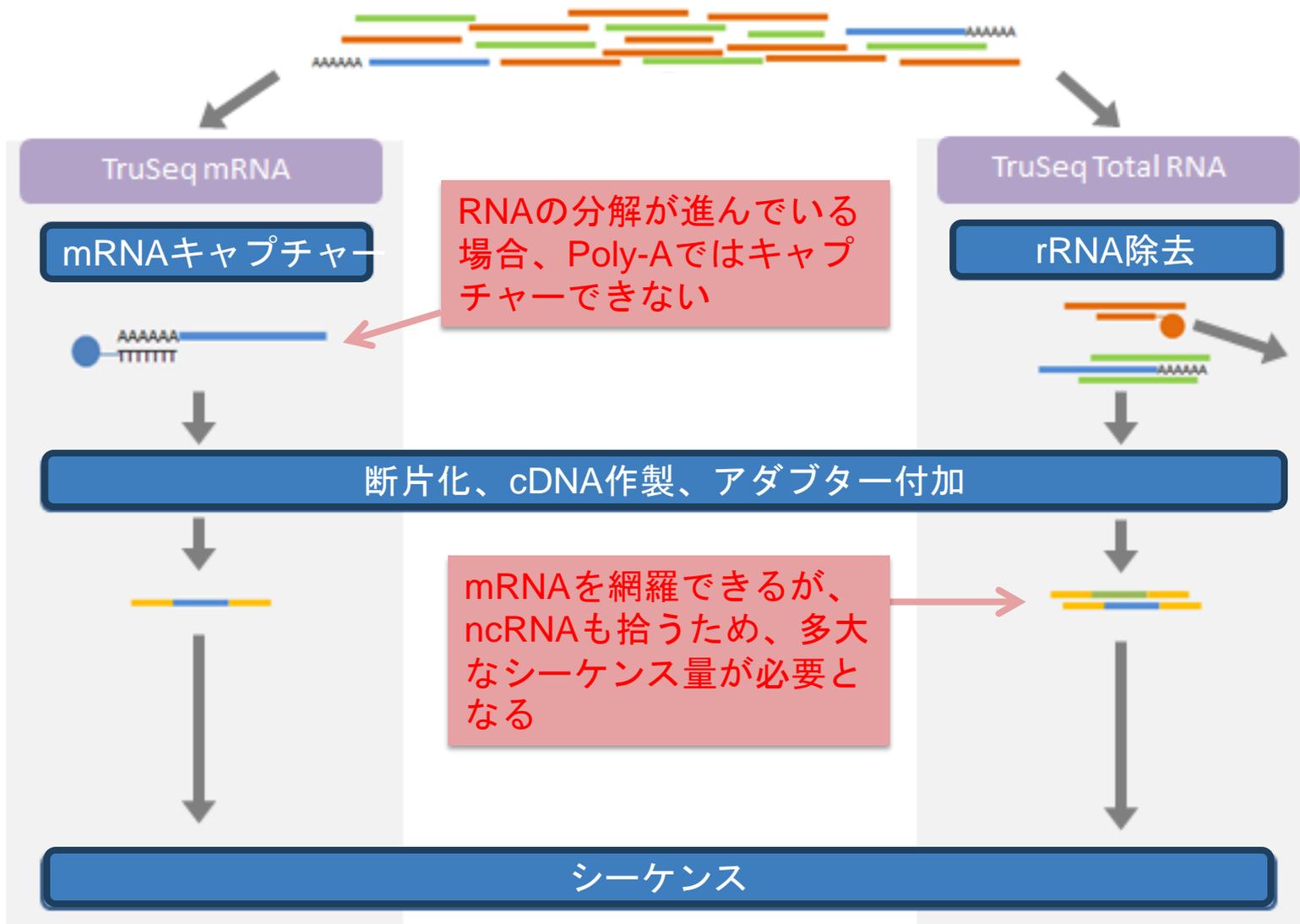


Fresh/Frozen



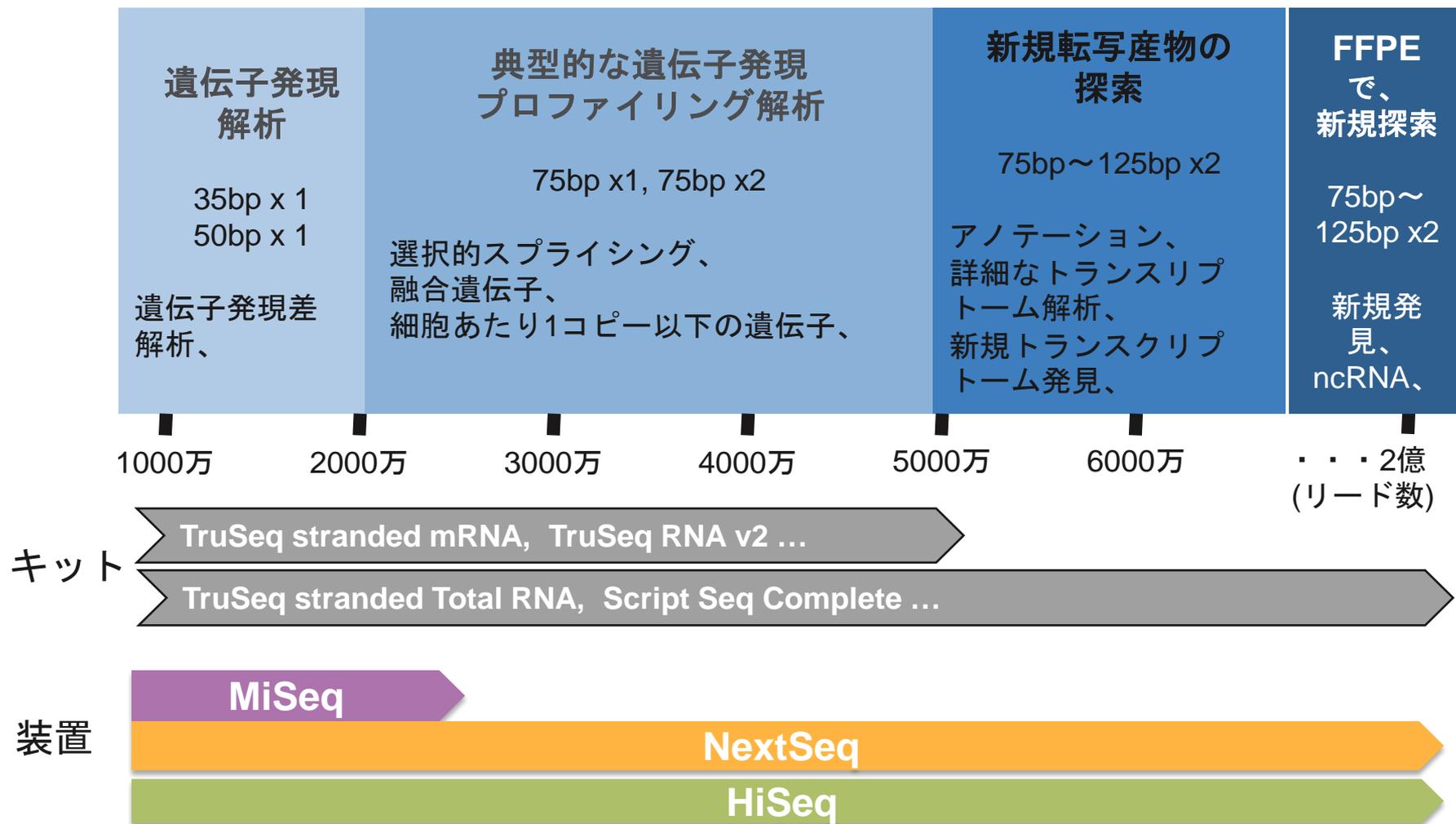
FFPEからのRNAシーケンスの課題

トータルRNA



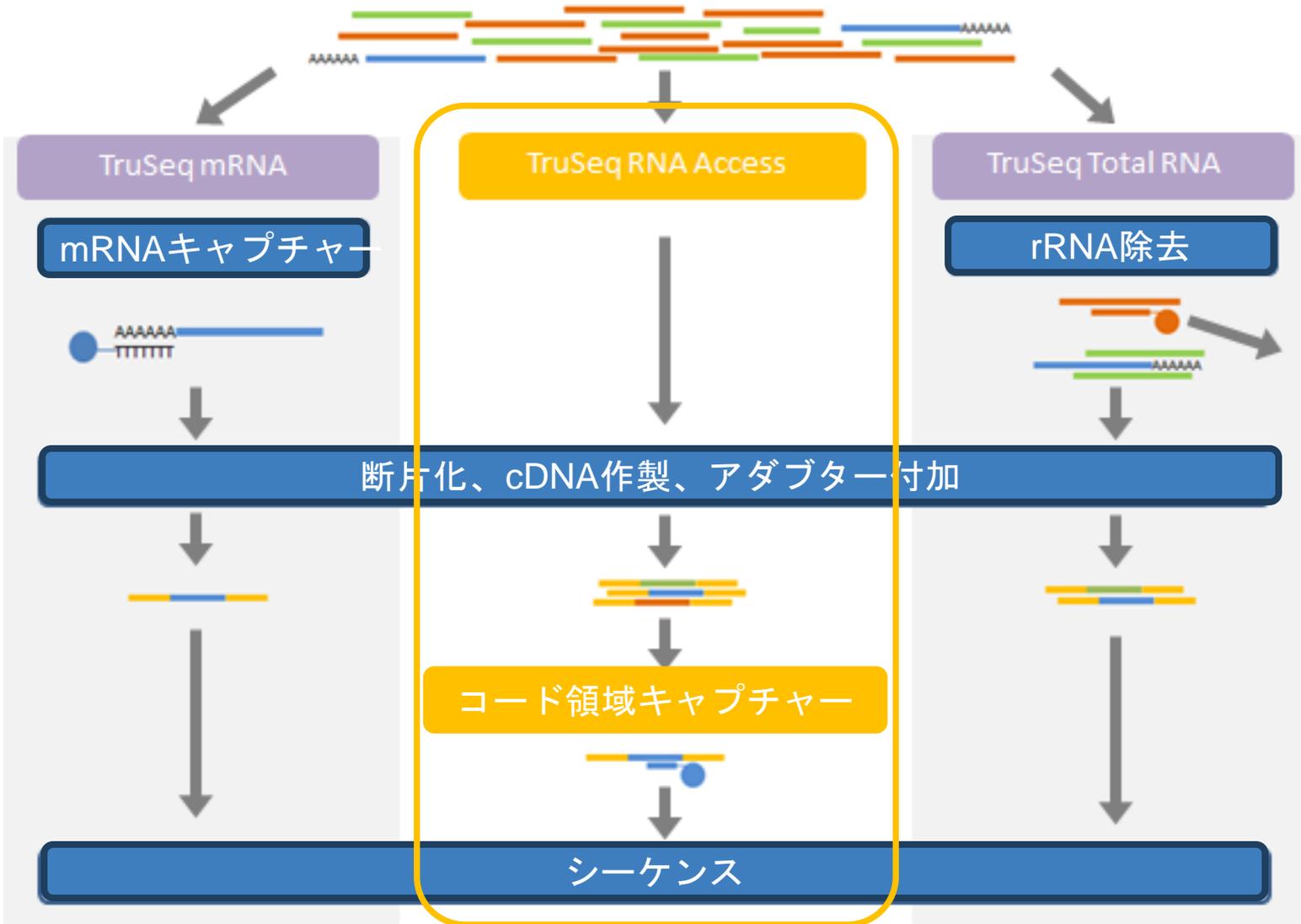
RNAシーケンスの実験デザイン

サンプルあたりのコスト:



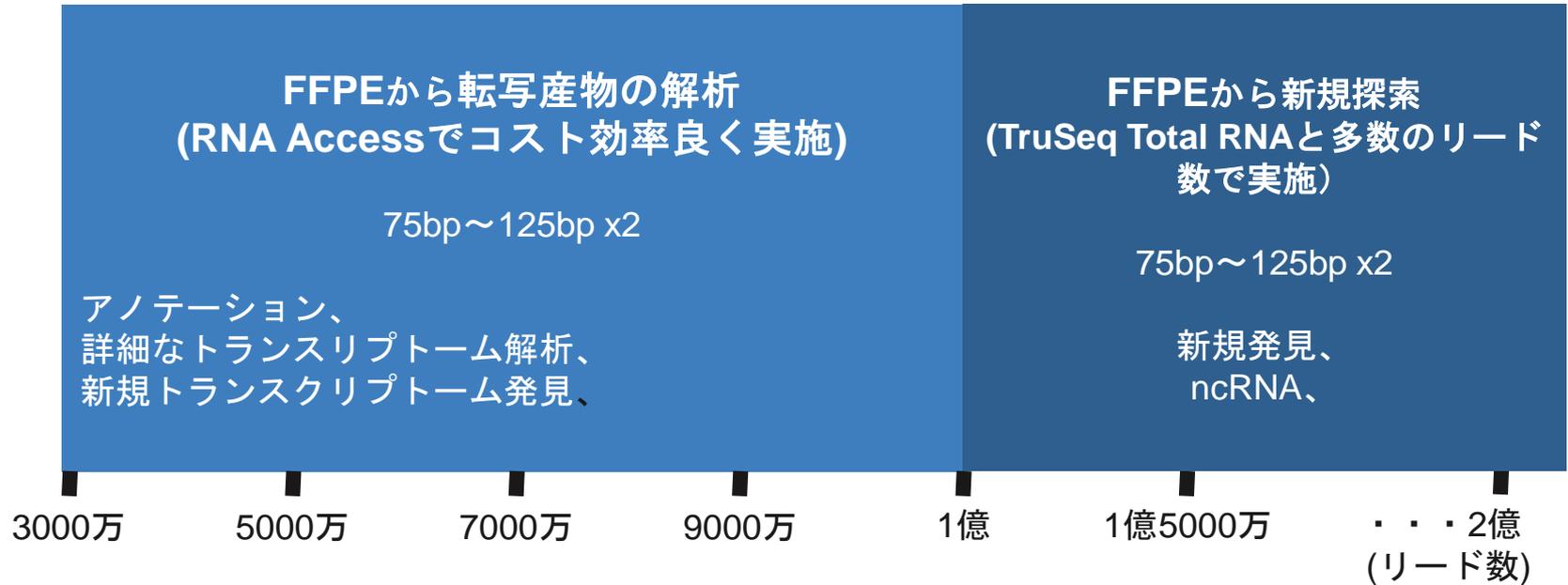
FFPEからのRNAシーケンスの実現

トータルRNA



FFPEからのRNAシーケンスの実験デザイン

サンプルあたりのコスト:



TruSeq RNA Accessライブラリー調製キット

FFPEサンプルからのRNA解析に最適

特長:

- ▶ ヒトのトランスクリプトームの内 **コーディング領域だけを濃縮**することで、シーケンス量をそれほど必要としない
- ▶ FFPEサンプルを含む劣化したサンプルの解析に最適
- ▶ トータルRNAわずか**10ng**（**FFPEサンプルでは20ng**）からスタート

項目	詳細
キャプチャー領域	コーディングエクソン
ターゲットエクソン数	214,126
RefSeq カバレッジ	98.3%
RNAライブラリー方法	Stranded Coding RNA
キットサイズ	48 サンプル 12 濃縮反応
インデックス数	24
ライブラリー調製時間	2.5 日
ハンズオンタイム	11 時間
対応シーケンスシステム	イルミナシーケンサー (全て)

TruSeq RNA Accessライブラリー調製キット

FFPEサンプルからのRNA解析に最適

- ▶ 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
- ▶ RIN値 2程度の分解度合いまで解析可能
 - 通常のStranded Total RNAはRIN値4以上が必要

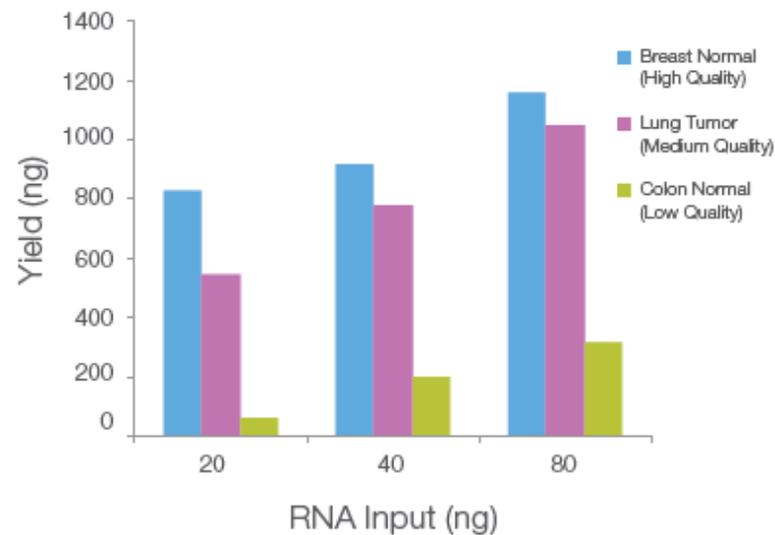
分解していてもDV200値が十分であれば、20ngからライブラリーが調製可能

Table 2: Recommended RNA Input Based on DV₂₀₀

Quality**	DV200	Recommended Input Quantity
High	> 70 %	20 ng
Medium	50 – 70%	20 – 40 ng
Low	30 – 50%	40 – 100 ng
Too Degraded	< 30 %	Not Recommended

DV₂₀₀に基づく推奨インプット量

A



各種FFPEサンプルからTruSeq RNA Accessを用いてライブラリーを調製

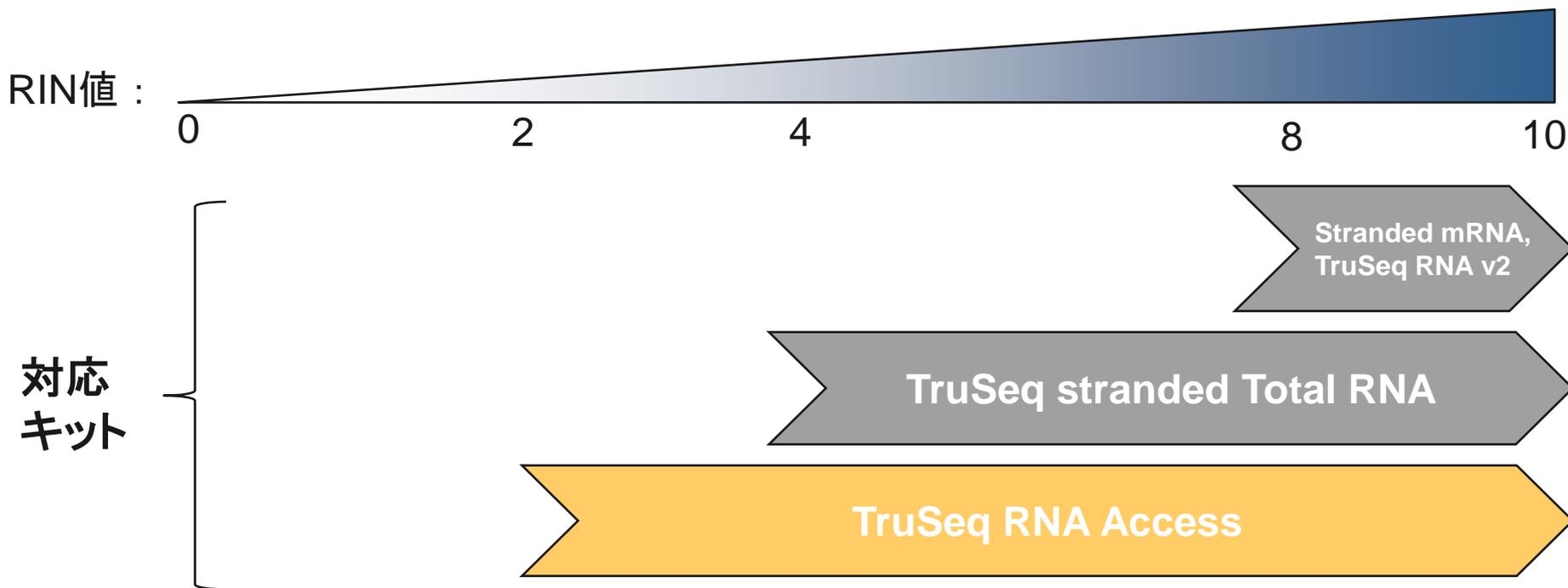
TruSeqRNA Access LibraryPrep Guide , Part # 15049525 Rev. B <Technical Note>

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

RNAの分解度と対応ライブラリー調製キット

- TruSeq Stranded mRNA、TruSeq RNA v2は分解度合いの軽い(RIN >8) RNAに対応
- TruSeq Stranded Total RNAは中程度の分解度合い (RIN >4) のRNAまで対応
- TruSeq RNA Access*は分解が進んだ (RIN ~2) のRNAまで対応

*FFPEではない、分解したヒトRNAに対しても利用可能



TruSeq RNA Accessのメリット

- ▶ mRNAだけをキャプチャーしてシーケンスするため、効率よく解析ができる
- ▶ トランスクリプトーム解析（mRNA & ncRNA）と比べて、少ないリード量で解析でき、多くのサンプルを処理できる

各プラットフォームごとのサンプル数

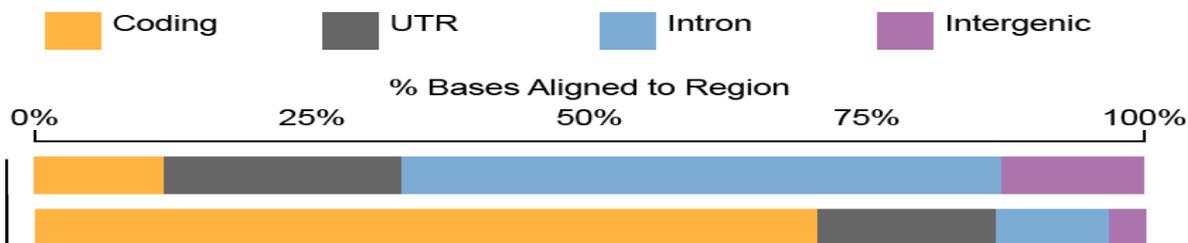
製品名	対象	リード数	NextSeq 500		HiSeq 2500	
			中出力	高出力	Rapid	高出力
フローセルタイプ						
TruSeq Total RNA (FFPE)	mRNA & ncRNA	>2億	1	4	3	20
TruSeq RNA Access (FFPE)	mRNA	5,000万	5	16	12	80

RNAライブラリー調製の違いによるデータ比較



コーディング領域 (mRNA) だけを効率よくシーケンス

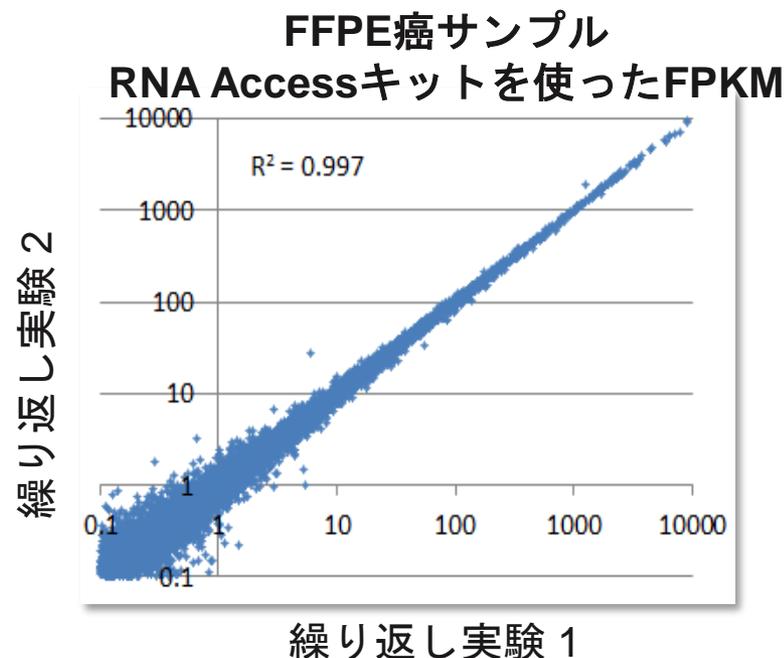
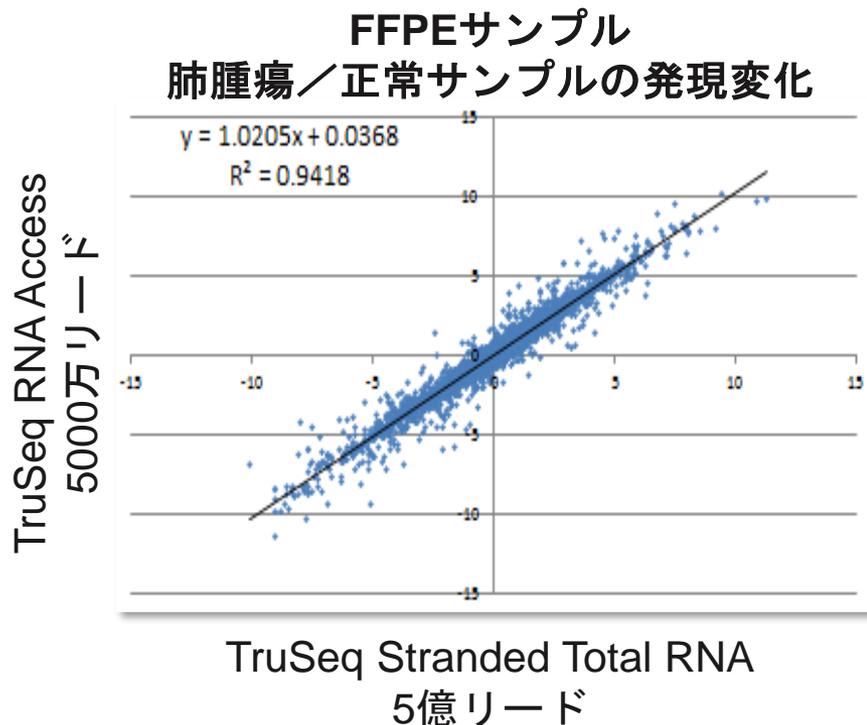
TruSeq Stranded Total RNA
TruSeq RNA Access



広いダイナミックレンジで、定量的にキャプチャー

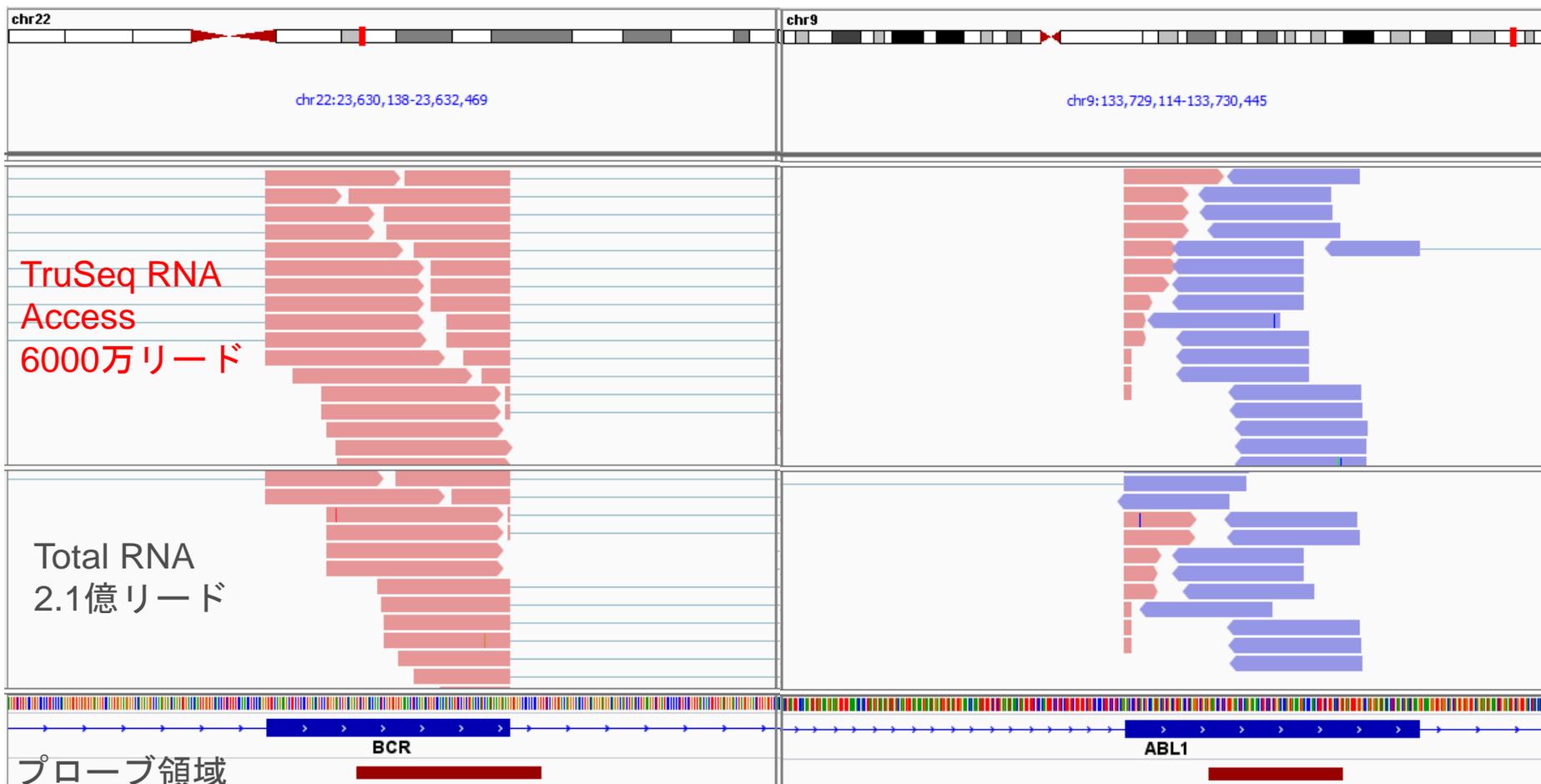
これまでの手法との比較

再現性



- ▶ FFPE肺癌サンプル ($DV_{200}=50$) 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

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

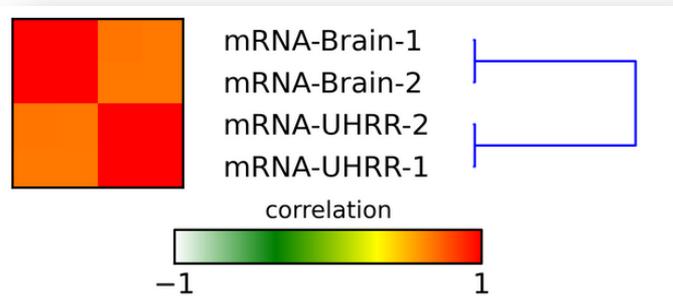
²Department of Pathology, Hackensack University Medical Center, Hackensack, NJ

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

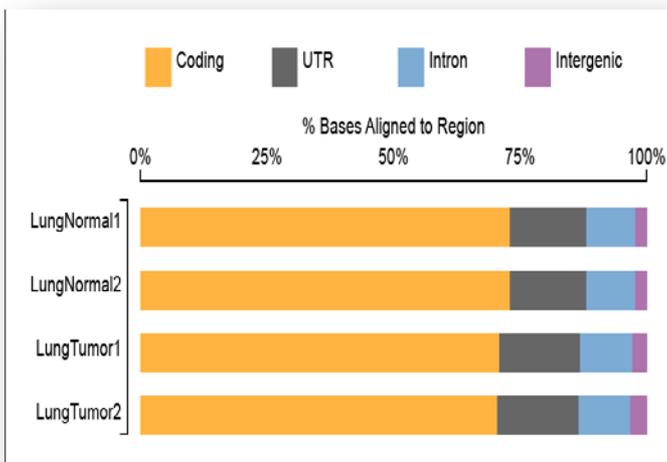
Xp11 (*TFE3*) translocation renal cell carcinoma (RCC) is officially recognized as a distinct subtype of RCC in the 2004 WHO classification. This neoplasm is characterized by several chromosomal translocations between the *TFE3*-involving Xp11.2 breakpoint and various fusion partners. To date, five partner 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.

既存のRNA-Seq解析パイプラインを利用可能

- ▶ BaseSpace コアアプリを使えばRNA-Seqの結果が簡単に得られる



相関ヒートマップとデンドログラム



Filters

$|\log_2(\text{ratio})|$ ①

0.0 43.0

Significant

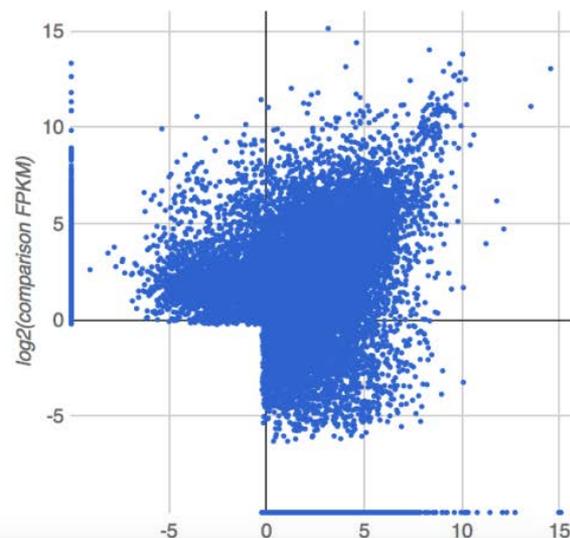
Choose a value... ②

Status

OK

Gene

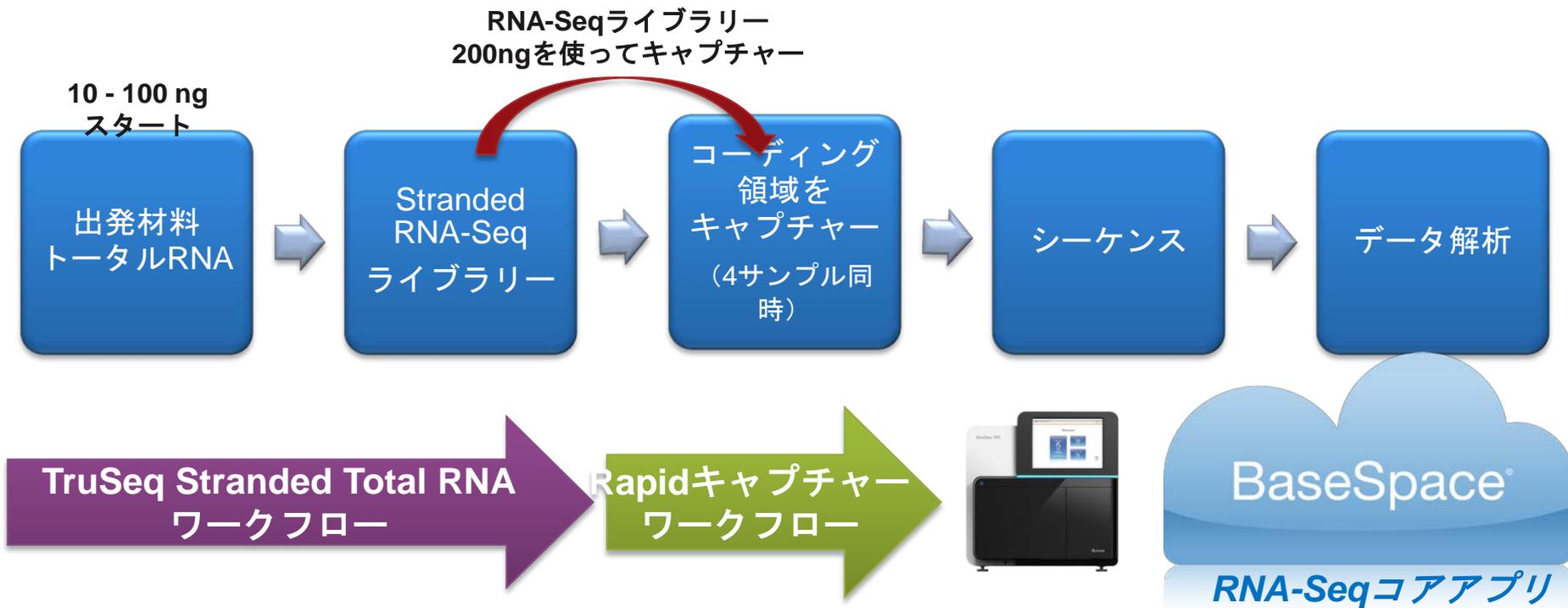
③



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

\log_2 ratioで発現レベルを絞込 (1), 有意差水準 (2), 遺伝子名 (3), 絞り込んだリストを.csv形式で出力

TruSeq RNA Accessワークフロー



製品情報

TruSeq RNA Access

カタログ番号	製品名	価格	サンプル単価
RS-301-2001	TruSeq RNA Access Library Prep Kit - Set A (48 samples, 12 indexes)	¥1,350,000	¥28,125
RS-301-2002	TruSeq RNA Access Library Prep Kit - Set B (48 samples, 12 indexes)	¥1,350,000	¥28,125

5000万 リード/サンプル (75bp x 2)	MiSeq	NextSeq 500		HiSeq 2500	
フローセルの種類	V3	中出力	高出力	Rapid ラン	高出力 v4
フローセルあたりのサンプル数	1	5	16	12	80
フローセルあたりのコスト	¥177,125	¥316,625	¥900,000	¥844,500	¥4,363,000
サンプルあたりのコスト	¥177,125	¥63,325	¥56,250	¥70,375	¥54,538

キャンペーン情報情報

TruSeq RNA Access

12/11 (金) まで

カタログ番号	製品名	価格	サンプル単価
RS-301-2001	TruSeq RNA Access Library Prep Kit - Set A (48 samples, 12 indexes)	¥1,350,000 →¥972,000	¥28,125 →¥20,250
RS-301-2002	TruSeq RNA Access Library Prep Kit - Set B (48 samples, 12 indexes)	¥1,350,000 →¥972,000	¥28,125 →¥20,250

illumina

最新情報・お問い合わせ | MyIllumina | Tools

アプケーション システム インフォマティクス 臨床研究 実証サービス サイエンス サポート カンパニー

Search

最新ニュース検索 | Follow us

Oncology Breakthrough

次世代シーケンサーの活用が鍵。
最新癌研究のブレイクスルー

詳細はこちら▶

製品検索

システムに属したキットを探す

ライブラリー調製キット・FFPE対応ライブラリー調製キット
試薬・消耗品一覧はこちら

ログイン

Username/Email
Password
オプション選択

ログイン

Facebook
illumina株式会社
Facebook

最新発表はここから
期間限定なお家のやすく

Oncology Breakthrough

イルミナ
サポートプログラム

生産性の
パワーを拡大

製品、技術、サイエンスの知識を強化する技術教育コース Click!!

イルミナ School

ウェビナー・ラボトレーニング・講習会 開催中!

イルミナニュース

- 2015/09/09【イルミナウェビナー】
がん研究者のためのFFPEサンプルからの改良解析
- 2015/09/15【ラボウェビナー】
SAV (Sequencing Analysis Viewer) でのRunの評価と改善のための提案
- 2015/09/10
IlluminaとイルミナがリポダクティブヘルスのNGS診断システムを共同開発
- 2015/08/20
イルミナ・ドイッグルム・シュワッハ、Merk KGaA、およびGenesys Global Family Allianceを設立し、生薬補助剤における優れた技術の開発へ
- 2015/08/10
イルミナがAriosa Diagnostics, Inc.およびRoche Molecular Systems, Inc.と新たに特許協定を結ぶ

お得な情報が満載
イルミナキャンペーン

詳細はこちら▶

キャンペーン期間 2015/12/11 (金) まで

Oncology Breakthrough RNA Access & TruSight Tumor FFPE 対応ライブラリー調製キット お試しキャンペーン

FFPE サンプルの mRNA 解析に最適な
RNA Access ライブラリー調製キット、
FFPE 処理によるアーチファクトに対応した
TruSight Tumor を約 30%OFF でご提供

FFPE サンプルには、異変が検出されることが多くありますが、FFPE から抽出した DNA には損傷が起きているため、その解析には十分な注意が必要です。FFPE サンプル由来の RNA もまた、期待外れなどにより解析結果も異なるサンプルの一つでした。このような解析/結果は FFPE サンプルに最適なソリューションである RNA Access と TruSight Tumor を期間限定でお試しいたがいただけます。是非この機会をご利用ください。

対象製品 TruSeq RNA Access ・ TruSight Tumor

内容 対象製品を約 30% OFF でご提供
※ 期間中限定での提供となります。

期間 2015年6月3日(月) から2015年12月11日(金) まで(弊社受注分まで)

プロモーションコード : OBFFPE (ご注文時に備考欄に必ずお入れください)

お問い合わせ先 03-4578-2800

イルミナ株式会社 購入に関するお問い合わせ (営業) / 製品仕様に関するお問い合わせ マーケティング部 (営業)

キャンペーンの詳細はウェブから www.illumina.co.jp

illumina

内容

- ▶ FFPEサンプルからの次世代シーケンスにおける注意点
 - FFPEからの遺伝子解析の問題点
 - 遺伝子解析のための検体およびFFPE処理
 - DNAの品質管理
 - RNAの品質管理（RINとDV₂₀₀）
- ▶ FFPEサンプルに対するイルミナターゲットシーケンステクノロジー
 - ライゲーションベースアンプリコンによるアーチファクトへの対処
 - マルチプレックスPCRによる少量DNAへの対応
 - FFPEサンプルからのRNAシーケンスの実現による断片化への対応

イルミナiSchool

illumina 子発申請用資料お申し込み お問い合わせ MyIllumina

アプリケーション システム インフォマティクス 臨床研究 受託サービス サイエンス サポート Search

カンパニー メールニュース登録 | Folic

Oncology Breakthrough

次世代シーケンサーの活用が鍵。最新癌研究のブレイクスルー

詳細はこちら ▶

製品検索

システムに適したキ
ライブラリー調製&
レクター
試薬・消耗品一覧は

ログイン

Username/Email
Password
オプション選択
ログイン

Facebook
illumina Facebook

西日本 ユーザーミーティング
Oncology Breakthrough
イルミナ サポートプログラム
生産性の パワーを拡大

製品、技術、サイエンスの知識を強化する技術教育コース **Click!**
イルミナ iSchool
ウェビナー・ラボトレーニング・講習会 開催中!

癌 ゲノム
遺伝性 疾患
微生物 ゲノム

イルミナニュース

illumina 子発申請用資料お申し込み お問い合わせ MyIllumina Tools

アプリケーション システム インフォマティクス 臨床研究 受託サービス サイエンス サポート カンパニー Search

サポート ▶ イルミナサポートプログラム ▶ イルミナサポートプログラム - イルミナ iSchool

ユーザーサポート プロダクトケア

イルミナiSchoolはウェビナー、講習会、トレーニングの形式で、知識レベルにあわせた多様なコースをご提供しています。製品導入をご検討されている方、および製品をお使いのユーザーを対象としています。ウェビナーと講習会は無料でご参加いただけます。

	ウェビナー	講習会	トレーニング
概要	インターネットを介した短時間(30分から1時間)のオンラインセミナーです。録画しており、いつでも閲覧いただけます。	トピックにより半日から2日をめどに開催されるセミナー形式の座学コースです。内容によっては、ハンズオンで行うデータ解析実習を含みます。	システム操作からハンズオンのライブラリー調製まで、トピックにより2-3日のコースをご用意しています。
初級	NGSIに興味がある、これから使いたいと	製品の使い方	ベーシック
			システム操作

今回のセッションの録画版

▶ www.illumina.com/webinar

The screenshot shows the Illumina website's navigation menu. The 'Support' tab is highlighted with a yellow box. Under the 'Support' tab, the 'Webinar' link is also highlighted with a yellow box. The website header includes the Illumina logo, a search bar, and navigation links for '子算申請用資料お申し込み', 'お問い合わせ', 'MyIllumina', and 'Tools'. The main navigation bar contains links for 'アプリケーション', 'システム', 'インフォマティクス', '臨床研究', '受託サービス', 'サイエンス', 'サポート', and 'カンパニー'. The 'サポート' (Support) section is expanded, showing various categories such as 'シーケンサー', 'マイクロアレイ', 'リアルタイムPCR', and 'イルミナ iSchool'. The 'Webinar' link is located under the 'イルミナ iSchool' category.

illumina®

子算申請用資料お申し込み お問い合わせ MyIllumina Tools

アプリケーション システム インフォマティクス 臨床研究 受託サービス サイエンス **サポート** カンパニー

Search

シーケンサー
システム
試薬キット
ソフトウェア
製品プロトコール他: 日本語
製品プロトコール他: 英語
製品資料: 日本語
製品資料: 英語
試薬・消耗品一覧
シーケンスサンプル調製キットセレクター

マイクロアレイ
システム
試薬キット
ソフトウェア
製品プロトコール他: 日本語
製品プロトコール他: 英語
製品資料: 日本語
製品資料: 英語
試薬・消耗品一覧

リアルタイムPCR
保守契約
保守契約情報
保守契約申込書
作業のお問い合わせ
規制および品質
製品安全データシート
Safety Data Sheets (SDS)

イルミナ iSchool
トレーニング
ウェビナー
イルミナラボトレーニング
ツール
追加のサポートリンク
チュートリアル
FTPログイン
Share My Desktop
サポートのお問い合わせ

ご参加ありがとうございました。

