

更に進化した

ヒトWholeエクソームキャプチャー用DNAプローブ溶液



# SeqCap EZ

## Human Exome Library v2.0

シークキャプチャー ヒューマンエクソームライブラリ v2.0

1レーン (3Gb)のシークエンスで結果を出す!

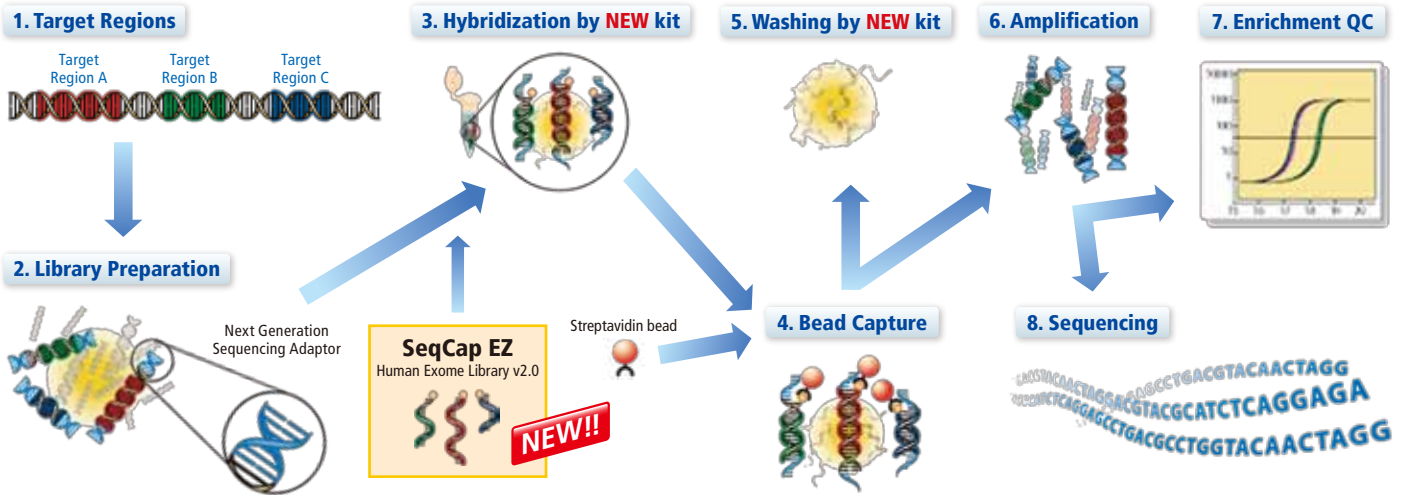
ターゲットコンテンツを44.1Mbに増加!

ワークフローの簡略化で更に使いやすく!



図1

液相エクソンキャプチャー法で行ったターゲットシークエンスの結果を比較。一例としてFMR1遺伝子のエクソンのシークエンスカバレッジを図示しています。SeqCap EZ Human Exome Library v2.0では、均一的なシークエンス結果が得られますので、結果的にシークエンス規模を縮小することができます。



**SeqCap EZ Human Exome v2.0 パフォーマンスデータ**

ユニークにマップされたペアリード数	18.8 ± 1.9百万
シーケンス量	2.8Gb ± 0.3
ターゲット領域にマップされたリードの割合	83.1% ± 1.0
ターゲット領域内の塩基の平均カバレッジ	50.6× ± 4.8
1×以上の塩基の割合	96.5% ± 0.4
4×以上の塩基の割合	93.2% ± 0.4
8×以上の塩基の割合	88.8% ± 0.8
既知のHeterozygous SNPsを検出した割合	93.4% ± 0.7
既知のHomozygous SNPsを検出した割合	94.6% ± 0.2

表1 1レーンでシーケンスを行った場合の結果概要

HapMap NA12762サンプルからSeqCap EZ Human Exome Library v2.0でエクソームを抽出し、Illumina GAllx, 2x75 paired-endの1レーンを使用してシーケンスを行いました。データはSOAP\*で解析し、既知のSNPデータと比較しました。16回の同様の実験を行った平均値と標準偏差を示しています。

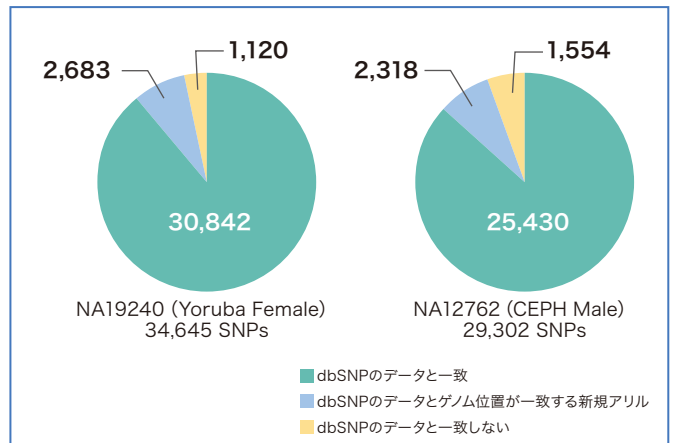


図2 1レーンでシーケンスを行った場合のSNP検出感度

2種のHapMapサンプルからエクソームを抽出し、1レーンずつのpaired-endシーケンスを行いました。データはSOAP\*で解析し、dbSNP131のデータと比較してSNPの検出を評価しています。

\* Short Oligonucleotide Analysis Package



製品番号	製品名	反応回数	希望販売価格 (税抜)
5 860 482	SeqCap EZ Human Exome Library v2.0, 4 Reactions	4反応	450,000円
5 860 504	SeqCap EZ Human Exome Library v2.0, 48 Reactions	48反応	2,700,000円
5 634 261	NimbleGen SeqCap EZ Hybridization and Wash Kit, 24 Reactions	24反応	17,000円
5 634 253	NimbleGen SeqCap EZ Hybridization and Wash Kit, 96 Reactions	96反応	36,000円

SeqCap EZ Human Exome Library v2.0は、HG19を元にヒトの>30,000遺伝子の全エクソン合計36.5Mbをターゲットとして、最終的に44.1Mbがカバーされるよう設計されています (CCDS (Sept 2009)、miRBase (v.14, Sept 2009)、RefSeq (Jan 2010) など)。

本資料に記載の情報・説明・仕様等は予告無く変更される事がございます。