

# Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment

cfDNAの微量変異を検出する  
高速かつ柔軟なソリューション

- 血漿から抽出されたわずか20 ngのcfDNAから0.2%の低アレル頻度バリエーションを検出
- 2.5～3時間のハンズオンタイムを含む約8.5～9.5時間で、任意のパネルからシーケンス用ライブラリーを調製
- DRAGEN™二次解析を用いたデータ解析、高い分析感度でバリエーションをコール
- Illumina Connected Insightsによるユーザー定義の解釈と研究レポートの生成が可能

illumina®

## はじめに

血漿中の循環セルフリーDNA (cfDNA) は、がん、心血管疾患、臓器移植における重要な非侵襲性疾患バイオマーカーとして注目されています。がん研究の分野では、リキッドバイオプシーからのcfDNAのシーケンスにより、腫瘍の不均一性に関する貴重な洞察が得られ、バイオマーカープロファイリングが可能になり、組織が容易に入手できない場合には組織生検サンプルの補完または代替として機能します。通常、血漿サンプルには目的の細胞から少量しかcfDNAが含まれないため、まれな体細胞バリエーションを検出するにはロバストで高感度なアッセイが必要です。固定遺伝子パネルはバリエーションの同定は可能ですが、新しいターゲットを研究に加える、目的の遺伝子を変更するなどの場合には有用性が限られています。

表1: Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichmentの概要

パラメーター	仕様
DNAの種類	血漿または全血からのcfDNA
DNAインプット量 <sup>a</sup>	10~30 ng
サンプルマルチプレックス	192種類のユニークデュアルインデックス
重複マーキング	非ランダムな分子バーコード (UMI)
濃縮プレキシティ	1プレックスまたは4プレックス
対応するシーケンスシステム	NextSeq 550システム NextSeq 2000システム、P3またはP4フローセル NovaSeq 6000システムまたはNovaSeq 6000Dx システム (研究モード) <sup>b</sup> 、P3またはP4フローセル NovaSeq Xシリーズ、1.5Bまたは10Bフローセル
合計ワークフロー時間 <sup>c</sup>	約8.5~9.5時間 <sup>d</sup>
合計ハンズオンタイム	約2.5~3時間

a. 20 ngのcfDNAインプットが推奨されます。  
b. 近日中に利用可能。  
c. ライブラリー調製、濃縮、ノーマライゼーションステップが含まれます。  
d. 一本鎖プローブと二本鎖プローブそれぞれのワークフロー時間。

Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichmentは、多用途のライブラリー調製ソリューション (表1) であり、次世代シーケンス (NGS) テクノロジーの力を活用して、cfDNAサンプル中の微量バリエーションを高感度に検出します。この単一のベンダーソリューションは、ライブラリー調製キット、カスタムパネル、およびNovaSeq™ Xシリーズを含むイルミナのミッド~ハイスループットシーケンスシステムで構成されます。データ解析は、DRAGEN for ILMN cfDNA Prep with Enrichmentアプリを使用して実施します。Illumina Connected Insightsを使用すると、ユーザー定義の解析と解釈が可能になります。

## 効率化されたワークフロー

Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichmentは、統合されたcfDNAシーケンスワークフローの一部であり、優れた性能とデータ品質をもたらします。スケーラブルなワークフローは、血漿または全血から抽出されたcfDNAから始まり、イルミナのミッド/ハイスループットシステムでのシーケンス、およびDRAGEN for ILMN cfDNA Prep with Enrichmentアプリを使用した高精度のバリエーションコールへと続きます (図1)。この使いやすいソリューションは、幅広いコンテンツサイズにわたって高い性能を発揮し、自動化対応で、サンプルマルチプレックスに対応しているため効率的な拡張が可能になります。

## 高速かつ柔軟なライブラリー調製

Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichmentは、1回のハイブリダイゼーションステップで迅速なライブラリー調製を行うライゲーションベースのアッセイです (図2)。Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichmentは、イルミナからの任意の濃縮オリゴヌクレオチドと互換性があります。イルミナの無料のオンラインDesignStudio™ツールを使用して、ターゲット遺伝子リストを指定してカスタム濃縮パネルを設計します。DesignStudioツールは、一本鎖DNA (ssDNA) 濃縮プローブおよび二本鎖DNA (dsDNA) 濃縮v2プローブに対応しています。コンテンツのポータビリティを高めるために、Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichmentは、Integrated DNA TechnologiesのssDNAプローブおよびTwist BioscienceのdsDNAプローブと組み合わせても使用できます。本キットは、55~2,000 kb ssDNAおよび70~2,000 kb dsDNAのパネルコンテンツに対応し、柔軟な研究デザインを可能にします。シーケンス用ライブラリーは約2.5~3時間のハンズオンタイムを含む約8.5~9.5時間で調製でき、cfDNAの抽出からシーケンスまでを1日で行うことができます。本キットは、一般的に使用されるカラムまたはビーズベースの精製方法を使用して末梢血または血漿から直接抽出されたcfDNAに適合し、最大限の効率と柔軟性を実現します。



図1: 単一パートナーからのcfDNAから結果まで: イルミナは、ライブラリー調製、シーケンスおよびデータ解析にわたって、cfDNAシーケンスの効率的なワークフローをサポートします。

a. Illumina Connected Insights製品ラインは、他社のナレッジソースへのアプリケーションプログラミングインターフェース (API) コールを通じてユーザー定義の解析に対応します。

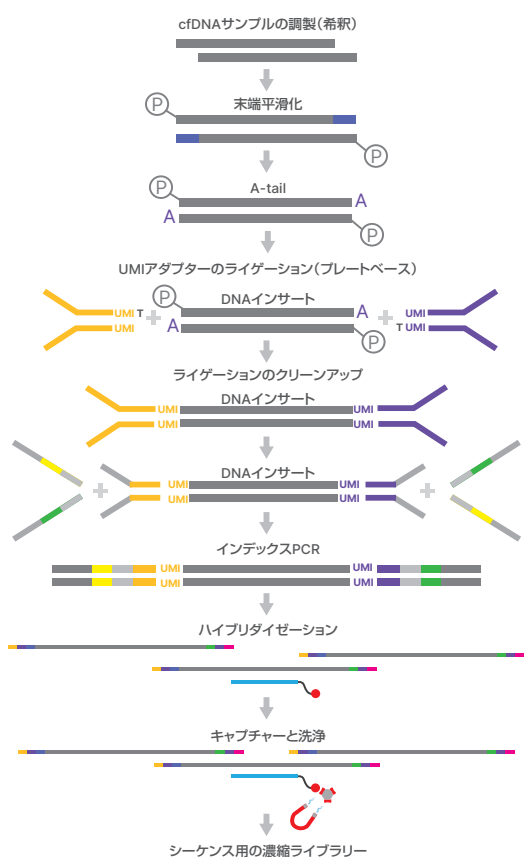


図2: Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichmentゲミストリー: はじめに、cfDNAフラグメントを修復し、非ランダムな分子バーコード (UMI) を連結します。マルチプレックス用のユニークデュアルインデックスがPCR増幅中に組み込まれます。次に、1回のハイブリダイゼーションステップで、ビオチン化プローブを用いてターゲットの対象領域のライブラリーを濃縮します。濃縮したライブラリーを増幅し、ノーマライズし、イルミナのミッド/ハイスループットのシーケンスシステムでシーケンスします。

さまざまな濃縮パネルのサイズとフォーマットでIllumina Cell-Free DNA Prep with Enrichmentの互換性を実証するために、小型、中型、大型濃縮パネルを用いて20 ngのcfDNAからライブラリーを調製しました (表2)。調製したライブラリーはNextSeq™ 550システム、NovaSeq 6000システム、またはNovaSeq Xシステムでシーケンスしました。データ解析は、BaseSpace™ Sequence HubのDRAGEN for ILMN cfDNA Prep with Enrichmentアプリを使用して実施しました。結果より、Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichmentは、さまざまなサイズとフォーマットの濃縮パネル全体で、1,500 xを超えるUMI Collapsingカバレッジ深度およびカバレッジの高い均一性 (1,000 xを超えるカバレッジのあるターゲットの割合で評価) が実現することが示されました (図3)。

表2: 濃縮パネルデザインに使用したパラメーター

パネル	サイズ	プローブフォーマット	バリエーションタイプ
小型-A <sup>a</sup>	55 kb	80 bp ssDNA	SNV, Indel
小型-B <sup>a</sup>	180 kb	80 bp ssDNA	SNV, Indel
中型-A <sup>b</sup>	250 kb	120 bp dsDNA	SNV, Indel, 融合遺伝子
中型-B <sup>c</sup>	300 kb	80 bp ssDNA	SNV, Indel, 融合遺伝子, CNV
大型 <sup>d</sup>	2,000 kb	80 bp ssDNA	SNV, Indel, 融合遺伝子, CNV

- a. プローブは、目的の遺伝子のコード領域全体にわたって20 bp重複してタイリングしました。
- b. プローブは、目的の遺伝子のコード領域全体にわたって端から端までタイリングしました。融合ブレークポイントは、2xのタイリングで重複するプローブでターゲットしました。
- c. プローブは、目的の遺伝子のコード領域全体および融合ブレークポイント全体にわたって20 bp重複してタイリングしました。小さなCDS領域 (MYCなど) を持つ遺伝子のCNV検出では、イントロン全体にわたって低密度でプローブを補充しました。
- d. ウェットラボの最適化によるカスタム設計。  
SNV: 1塩基変異, Indel: 挿入/欠失, CNV: コピー数バリエーション。

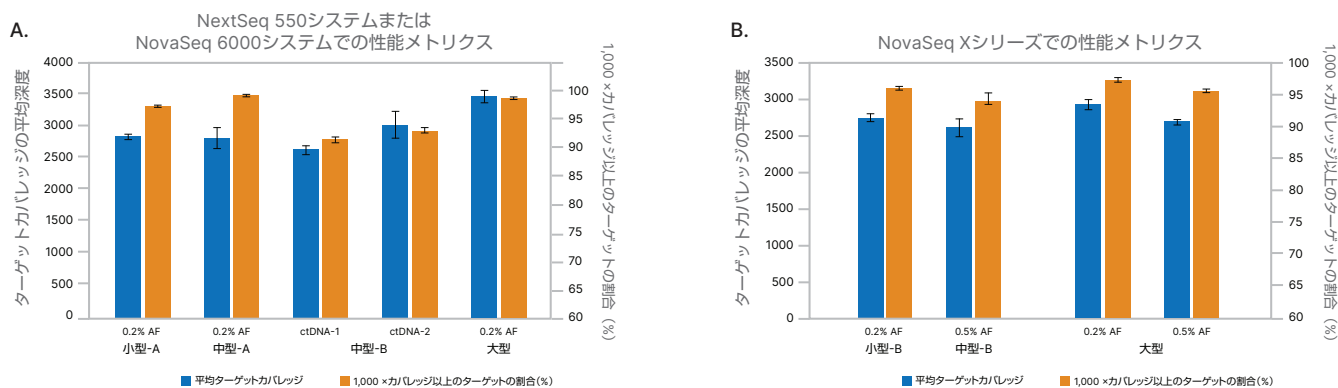


図3：幅広いパネルサイズに対応：複数のライブラリーレプリケート（4～8）は、Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichmentを使用して、血漿からの20 ng cfDNA、VAF 0.2%のSNVを添加した全血サンプルからの20 ng cfDNA、またはSeraseq ctDNA Complete Mutation Mix AF0.5% 20 ng cfDNA（SeraCare\*、カタログ番号：0710-0531）から調製しました。データ解析は、BaseSpace Sequence HubのDRAGEN for ILMN cfDNA Prep with Enrichmentアプリを使用して実施しました。（A）ライブラリーは、小型、中型、大型パネルに対してそれぞれ1,000万、4,600万、5,400万、4億5,000万のシングルリードでNextSeq 550システム（小型-Aパネル）またはNovaSeq 6000システム（中型-A、中型-Bおよび大型パネル）でシーケンスしました。小型-Aおよび中型-Aパネルは約30,000×でシーケンスし、大型パネルは約35,000×のオンターゲットカバレッジでシーケンスしました。（B）小型-Bおよび中型-Bパネルライブラリーは10Bフローセルの個々のレーン上で、大型パネルライブラリーは1.5Bフローセル上でNovaSeq Xシステムでシーケンスしました。平均リード深度は小型-B、中型-B、大型パネルに対してそれぞれ、3,200万、5,400万および3億4,000万のシングルリードでした。すべてのパネルは、約30,000×のオンターゲットカバレッジでシーケンスしました。\* SeracareはLGC Diagnosticsの一部です。

## 高感度の低頻度バリエーション検出

Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichmentは、ライブラリー調製ケミストリーの改善が特徴であり、ライブラリー変換効率が向上し、バリエーションアレル頻度（VAF）がわずか0.2%の微量バリエーションを検出します。Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichmentで達成された高品質の結果を実証するために、イルミナのサイエンティストが、1塩基変異（SNV）、コピー数バリエーション（CNV）、および融合遺伝子をコールする能力を評価する試験を実施しました。Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichmentを使用して調製したライブラリーはNextSeq 550システム、NovaSeq 6000システム、またはNovaSeq Xシステムでシーケンスしました。バリエーションコールは、BaseSpace Sequence HubのDRAGEN for ILMN cfDNA Prep with Enrichmentアプリを使用して実施しました。この結果より、スモールバリエーションの場合、わずか20 ngのcfDNAから0.2%のVAFで変異を検出でき、90%以上の分析感度（表3、図4～5）および99.98%の分析特異度を備えていることが実証されました。

Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichmentはサンプルのマルチプレックスに対応し、1プレックスおよび4プレックスの濃縮ライブラリーに対して正確なSNV、挿入/欠失（Indel）、CNV、および遺伝子融合コール率を提供することが実証されています。（図5～7）。

表3：高精度での微量バリエーションの検出

バリエーションタイプ	分析感度 <sup>a</sup>
スモールバリエーション (0.2% VAF)	≥ 90%
Indel (0.5% VAF)	≥ 90%
遺伝子増幅 (1.3倍変化)	≥ 95%
遺伝子検出 (0.6倍変化)	≥ 95%
遺伝子再構成 (0.5% VAF)	≥ 95%

a. 分析感度は、指定されたバリエーションレベルでの検出割合 (%) として定義されます。

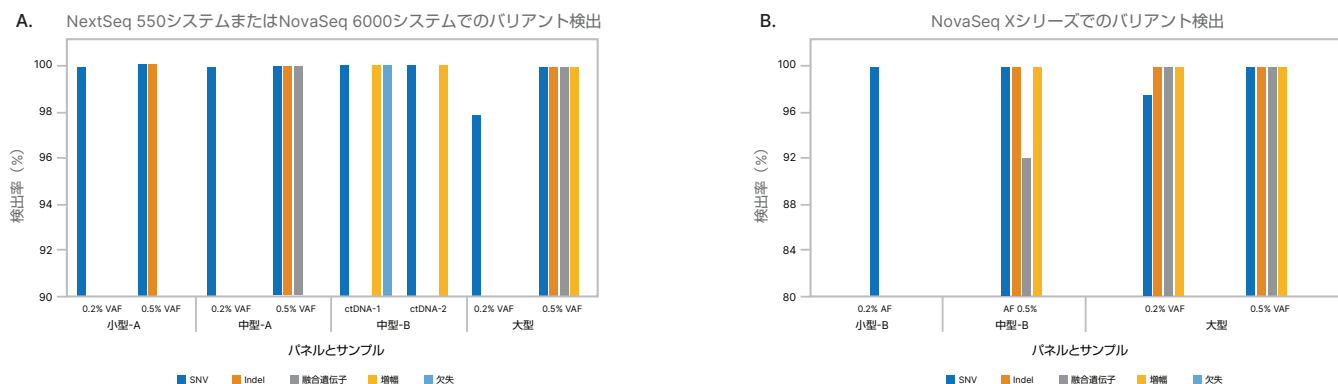


図4：低VAFでのバリエーション検出：Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichmentライブラリーは、血漿からの20 ng cfDNA、VAF 0.2%のSNVを添加した全血サンプルからの20 ng cfDNA、またはSeraSeq ctDNA Complete Mutation Mix AF0.5% (SeraCare、カタログ番号：0710-0531)からの20 ng cfDNAを使用して調製しました。バリエーションコールは、BaseSpace Sequence HubのDRAGEN for ILMN cfDNA Prep with Enrichmentアプリを使用して実施しました。(A) 調製したライブラリーは、小型、中型、大型パネルに対してそれぞれ1,000万、4,600万、5,400万、4億5,000万のシングルリードの平均リード深度でNextSeq 550システム (55-kb ssDNA小型-Aパネル) またはNovaSeq 6000システム (250-kb中型-A、300-kb中型-Bおよび2,000-kb大型パネル) でシーケンスしました。小型-A、中型-Aおよび中型-Bパネルは約30,000 ×でシーケンスし、大型パネルは約35,000 ×のオンターゲットカバレッジでシーケンスしました。(B) 小型-Bおよび中型-Bパネルライブラリーは10Bフローセルの個々のレーン上で、大型パネルライブラリーは1.5Bフローセル上でNovaSeq Xシステムでシーケンスしました。平均リード深度は小型-B、中型-B、大型パネルに対してそれぞれ、3,200万、5,400万および3億4,000万のシングルリードでした。すべてのパネルは、約30,000 ×のオンターゲットカバレッジでシーケンスしました。

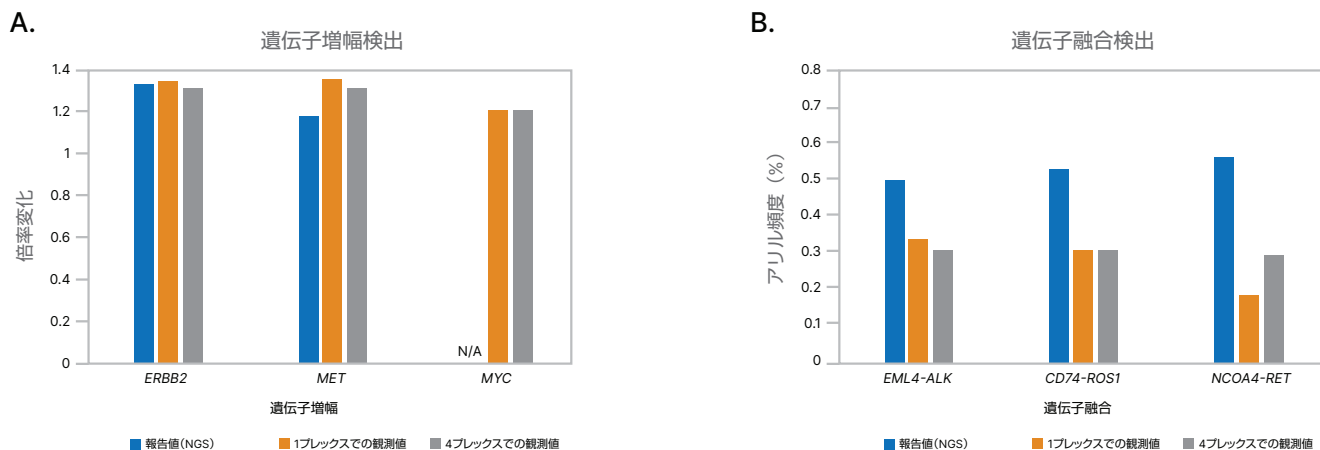


図5：微量の遺伝子増幅と融合遺伝子の検出：Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichmentは、カスタムコンテンツを含む1プレックスおよび4プレックス濃縮ライブラリーの両方を使用して、(A) 遺伝子増幅および (B) 遺伝子融合の検出に優れた性能を示します。ライブラリーはSeraSeq ctDNA Complete Mutation Mix AF0.5% (SeraCare、カタログ番号：0710-0531)の20 ng cfDNAから調製しました。4つのライブラリーを80-bp ssDNA 2,000-kbサイズのパネル (1プレックス) で個別に濃縮し、同じ4つのライブラリーをマルチプレックス (4プレックス) フォーマットで同じパネルで再度濃縮しました。ライブラリーは、NovaSeq 6000システムでシングルリード4億の平均リード深度 (オンターゲットカバレッジ35,000 ×以上) でシーケンスしました。データ解析は、BaseSpace Sequence HubのDRAGEN for ILMN cfDNA Prep with Enrichmentアプリを使用して実施しました。リファレンスサンプル中の3つの遺伝子増幅および融合遺伝子は、示した倍率変化およびアレル頻度で、1プレックスおよび4プレックスの濃縮ライブラリーすべてのレプリケートで検出されました。融合遺伝子に関するVAFの不一致は、試験方法間の違いに起因するものです。注：SeraCareはNGS法でMYC遺伝子増幅を検証しません。

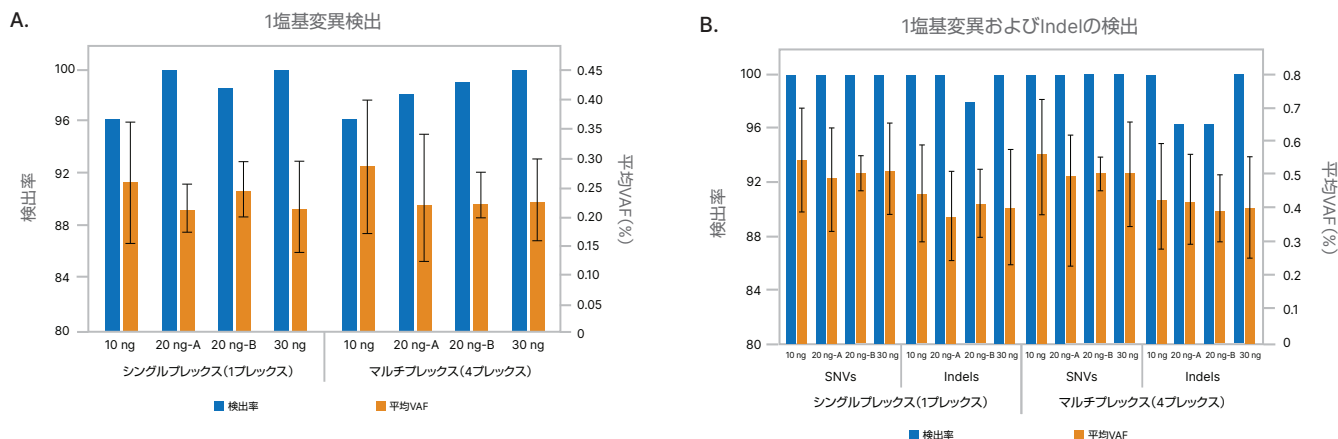


図6:1プレックスおよび4プレックスの濃縮ライブラリーを用いた高感度バリエーション検出: Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichmentライブラリーは、Seraseq ctDNA Complete Mutation Mix AF0.5% (SeraCare、カタログ番号: 0710-0531) のcfDNAを使用し、(A) 0.2% VAFまたは (B) 0.5% VAFでSNVを添加したcfDNAサンプル (10 ng、20 ng、30 ng) から調製しました。4つのライブラリーを、シングルプレックス (1プレックス) フォーマットの80-bp ssDNA 180-kbパネル (10 ng、20 ng-A、30 ng) または80-bp dsDNA 180-kbパネル (20 ng-B) で個別に濃縮しました。同じ4つのライブラリーを、マルチプレックス (4プレックス) フォーマットで同じパネルで再度濃縮しました。ライブラリーは、NextSeq 550システムでシングルリード3,300万の平均リード深度 (オンターゲットカバレッジ30,000 ×以上) でシーケンスしました。BaseSpace Sequence HubのDRAGEN for ILMN cfDNA Prep with Enrichmentアプリを使用してデータ解析とバリエーションコールを実施しました。

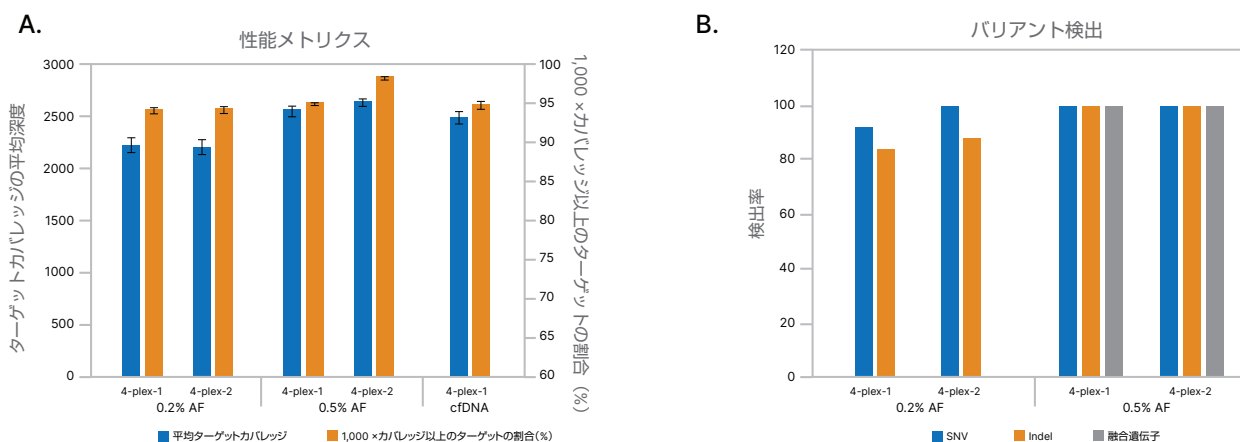


図7: 4プレックスの濃縮ライブラリーとNovaSeq Xシリーズの互換性: Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichmentライブラリーは、健康ドナーからのcfDNA (cfDNA)、0.2% VAFでSNVを添加したcfDNA (0.2% AF)、Seraseq ctDNA Complete Mutation Mix AF0.5%のcfDNA (0.5% AF) 20 ngから調製しました。ライブラリーは、IDT for Illumina UMI DNA/RNA UD Indexes (0.2% AFおよびcfDNA) またはIllumina UMI DNA/RNA UD v3 indexes (0.5% AF) を使用してインデックス化し、4プレックス濃縮フォーマットに従って120-bp dsDNA 250-kbパネルで濃縮しました。ライブラリーは、NovaSeq Xシステムの1.5Bフローセルでシングルリード4,600万の平均リード深度 (オンターゲットカバレッジ約30,000 ×) でシーケンスしました。ライブラリー性能メトリクス (A) および予測したバリエーションのバリエーションコール解析 (B) は、BaseSpace Sequence HubのDRAGEN for ILMN cfDNA Prep with Enrichmentアプリを使用して実施しました。

## イルミナシーケンスシステムすべてにわたる最適化性能

イルミナのミッドおよびハイスループットシステムにおけるIllumina Cell-Free DNA Prep with Enrichmentの優れた性能を実証するために、調製済みライブラリーを濃縮し、複数のイルミナシステムでシーケンスしました。ロバストかつ簡単なIllumina Cell-Free DNA Prep with Enrichmentソリューションは、すべてのイルミナシーケンスシステムにわたって信頼性の高い結果を生み出し、1,500 ×を超えるUMI Collapsingカバレッジ深度およびカバレッジの高い均一性（1,000 ×を超えるカバレッジのあるターゲットの割合で評価）を提供します（図8A）。さまざまなシーケンスシステムにわたって、すべてのバリエーションタイプに対して高いバリエーション検出率が達成されました（図8B）。

## 統合されたデータ解析

DRAGEN for ILMN cfDNA Prep with Enrichmentアプリは、高速な統合バイオインフォマティクスアルゴリズムを使用して、最適なアクセシビリティを提供します。このソフトウェアは、UMIベースのエラー補正、配列アライメント、およびスモールバリエーション、CNV、および融合遺伝子の体細胞バリエーションコールを実施します。DRAGEN

for ILMN cfDNA Prep with Enrichmentアプリは、第4フェーズのIllumina DRAGEN Server v4.0.3上でローカルに実行するか、NovaSeq 6000Dx システム上（研究モード）で実行します。\* 解析パイプラインは、BaseSpace Sequence Hub上のクラウドアプリケーションとして実行することも、安全なクラウドベースのゲノミクスプラットフォームであるIllumina Connected Analytics (ICA) で実行することもでき、ローカルのインフラストラクチャーの導入や維持が不要で二次解析を拡張できます。

統合された解析パイプラインにより、ターゲット濃縮に使用するパネルに合わせてデータを解析したり、オプションでシーケンスデータをhg19またはhg38にアライメントしたり、研究目的に合わせて特化した解析を実行してワークフローをカスタマイズしたりといった柔軟性が得られます。ユーザーが提供するノイズファイルを使用して、サイト固有のノイズを除去し、スモールバリエーション検出を改善します。また、このソフトウェアを使用すると、ユーザーはクローン性造血バリエーションをマークしたり、スモールバリエーションコールから指定した領域を除外したり、正確なCNVコールを実行したり、カスタムの体細胞ホットスポットファイルを使用するか、または搭載されたDRAGEN体細胞ホットスポット領域を代わりに使用して、高い分析感度で体細胞ホットスポットを検出したりすることができます。クラウドベースのDRAGEN for ILMN cfDNA Prep with Enrichmentアプリにアク

\* 2024年下半期発売。

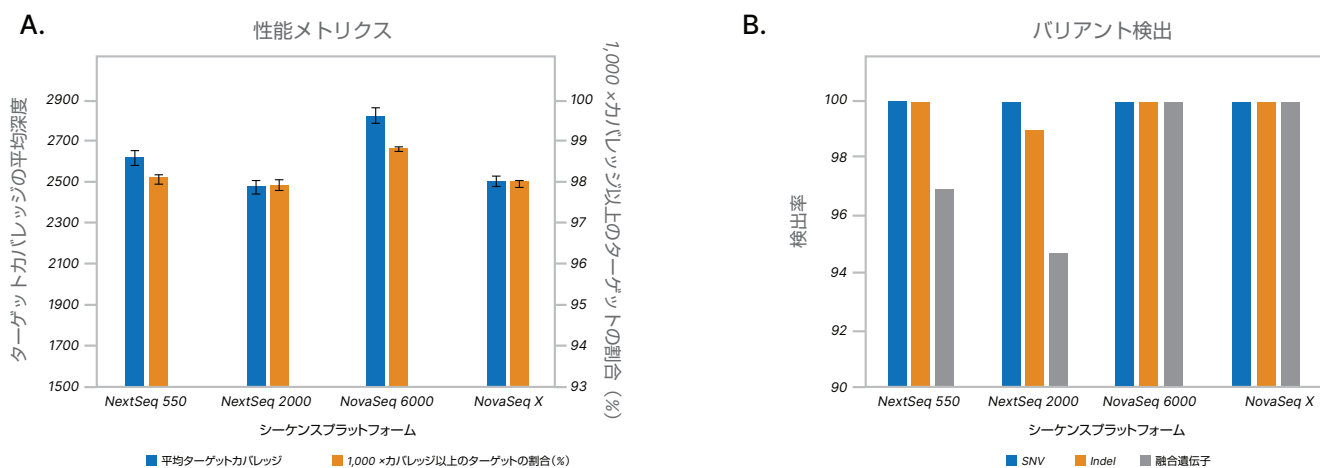


図8: イルミナのミッドおよびハイスループットシステムに対応するIllumina Cell-Free DNA Prep with Enrichmentライブラリーは、SeraSeq ctDNA Complete Mutation Mix AF0.5% (SeraCare, カタログ番号: 0710-0531) からの20 ng cfDNAから調製し、120-bp dsDNA 250-kbパネルで濃縮しました。ライブラリーは、NextSeq 550システム、NextSeq 2000システム、NovaSeq 6000システム、またはNovaSeq Xシステムでシングルリード4,600万の平均リード深度およびオンターゲットカバレッジ30,000 ×以上でシーケンスしました。NextSeq 550システムのランでは8つのライブラリー、NextSeq 2000システムのランでは25のライブラリー、NovaSeq 6000システムのランではS4フローセルの1つのレーンに51のライブラリー、NovaSeq Xシステムのランでは10Bフローセルの1つのレーンに27のライブラリーをプールしました。BaseSpace Sequence HubのDRAGEN for ILMN cfDNA Prep with Enrichmentアプリを使用してデータ解析とバリエーションコールを実施しました。

セスするユーザーは、UMI Collapsingとスモールバリエーションコールの閾値を変更することで、解析を最適化するためのさらに多くのオプションを検討できます。

Illumina Connected Insightsを活用して、ユーザー定義の解釈と解析に対応できます。ローカルで、またはIllumina Connected Analytics上のDRAGENを使用してクラウド経由で生成されたバリエーションコールファイルは、Illumina Connected Insightsに自動的に取り込むことができます。シーケンスシステムの統合とIllumina Connected Analyticsの自動起動機能と組み合わせると、解析ワークフローを完全に自動化できるため、手動のタッチポイントが不要になり、シーケンスから洞察、ドラフトレポートの生成までのワークフローが効率化されます。

## 自動化対応のワークフロー

Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichmentは、ライブラリー調製を自動化するための分注機に対応しており、さまざまなスループットのニーズに合わせて調整することができます。自動化されたワークフローにより、再現性の高いサンプル処理を実現し、一貫した結果を維持し、効率を高めることができます。自動化により、追加のハンズオンタイムを必要とせずにスループットを迅速に拡張することもできます。メソッドの性能とデータ品質を保証するためにイルミナが審査し、イルミナの自動化パートナーから提供されるIllumina Qualified Method<sup>†</sup>を採用することで、効率のさらなる向上が実現します。

<sup>†</sup> Illumina Qualified Methodは2024年後半にご利用いただけます。

## 製品特性の向上

イルミナはラボの運用が円滑に行われるよう、高いレベルのサービスとサポートを提供します。効率を高めるために、Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichmentには次のような機能があります。

- **保管可能期間の延長**: Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment試薬に対する最低品質保持期限が6カ月に延長され、製品の有効期限切れのリスクが軽減され、現在の検査ニーズに応じて試薬を使用できるようになります。
- **変更に関する事前のお知らせ**: イルミナは、Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichmentキットの製品に重大な変更が加えられる6カ月前に通知します。

## まとめ

Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichmentは、血漿サンプルから抽出された少量cfDNAでの使用に最適化された、単一ベンダーの多用途のライブラリー調製ソリューションです。この使いやすいソリューションは、さまざまなパネルサイズをサポートし、イルミナまたは他社の濃縮パネルに対応しているため、コンテンツの柔軟性が可能になります。Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichmentソリューションを使用することで、優れた分析感度で低頻度の体細胞バリエーションを検出できます。高性能のIllumina Cell-Free DNA Prep with Enrichmentソリューションは、パワフルなイルミナシーケンスシステムでのシーケンスおよび高速データ解析との組み合わせで、サンプル処理からデータ解析に至る高品質のcfDNAシーケンスワークフローを単一の信頼できるパートナーから提供します。



## 詳細はこちら

[Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment](#)

[Illumina Connected Insights](#)

## 製品情報

製品	カタログ番号
Illumina Cell-Free DNA Prep, Ligation (16 samples)	20104105
Illumina Cell-Free DNA Prep, Ligation (96 samples)	20104106
Illumina Cell-Free DNA Prep, Enrichment (16 reactions)	20104107
Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment, Ligation (192 samples, 4-plex)	20104103
Illumina Cell-Free DNA Prep with Enrichment, Ligation (192 samples, 4-plex) On-premises	20104104
Illumina Custom Enrichment Panel v2 (32 µl, 120-bp)	20073953
Illumina Custom Enrichment Panel v2 (384 µl, 120-bp)	20073952

製品	カタログ番号
Illumina Custom Enrichment Panel v2 (1536 µl, 120-bp)	20111339
IDT for Illumina UMI DNA/RNA UD Indexes Set A, Ligation (96 Indexes, 96 Samples)	20034701
IDT for Illumina UMI DNA/RNA UD Indexes Set B, Ligation (96 Indexes, 96 Samples)	20034702
IDT for Illumina UMI DNA/DNA Index Anchors Set A for Automation	20066404
IDT for Illumina UMI DNA/DNA Index Anchors Set B for Automation	20063213
Illumina UMI DNA/RNA UD v3 indexes Set A, Ligation (96 indexes, 96 samples)	20126235
Illumina UMI DNA/RNA UD v3 indexes Set B, Ligation (96 indexes, 96 samples)	20126237
Illumina Connected Insights—Genome Equivalent Sample—VCF	20090138
Illumina Connected Insights Starter Implementation Package	20071787
Illumina Connected Insights Expanded Implementation Package	20071787 (as scoped)

## 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  
jp.illumina.com

 [www.facebook.com/illuminakk](https://www.facebook.com/illuminakk)

販売店

本製品の使用目的は研究に限定されます。診断での使用はできません。 販売条件：jp.illumina.com/tc

© 2024 Illumina, Inc. All rights reserved.

すべての商標および登録商標は、Illumina, Inc. または各所有者に帰属します。  
商標および登録商標の詳細は [jp.illumina.com/company/legal.html](https://jp.illumina.com/company/legal.html) をご覧ください。  
予告なしに仕様および希望販売価格を変更する場合があります。

