

次世代シーケンスデータ解析 無償の解析ソフトウェア

SureCall



Exome



SureSelect Human All Exon
キットを使った Exome 解析

分子バーコード



分子バーコードを利用した
HaloPlex HS により、
不均一な細胞集団サンプルで
変異頻度解析の信頼性向上

CNV, LOH, 変異, InDel



ゲノムワイド CNV 解析、
LOH 解析と変異解析・
InDel 解析を同時に

Somatic Mutation



Tumor/Normal のペア解析で
Somatic Mutation を検出

臨床リサーチ シーケンス



疾患リサーチ向けパネル
ClearSeq シリーズを使った
臨床リサーチシーケンス

ターゲットシーケンス



数十 - 数百遺伝子の
カスタムパネルを使った
ターゲットシーケンス解析

トリオ解析



ClearSeq 遺伝性疾患
リサーチパネルを使った
トリオ解析





SureCall

コマンドラインいらず！
簡単操作の無償 NGS 解析ソフトウェア

Q SureCall は何をするソフトウェアですか？

A アジレント・テクノロジーの SureSelect、HaloPlex、HaloPlex HS、OneSeq 製品を使った、ヒトゲノムの変異解析を簡単に行えるソフトウェアです。ご自身の PC にソフトウェアをインストールして使用します。

SureSelect Human All Exon による
エクソーム解析

HaloPlex HS による
分子バーコードを利用した
Deep Sequencing 解析

SureSelect、HaloPlex
カスタムパネルを利用した
疾患関連遺伝子パネル解析

OneSeq を利用した
ゲノムワイド CNV 解析、
LOH 解析と変異解析の同時実施

SureSelect、HaloPlex、HaloPlex HS、OneSeq の詳細は別途カタログをご参照ください。

Q どのようなワークフローで、DNA サンプルから変異解析を行うのですか？

A ターゲットエンリッチメント実験を行い、次世代シーケンサで配列を決定したら、そのデータを SureCall に入力すれば、全自動で変異解析ができます。



Q SureCall ではどのような解析ができますか？

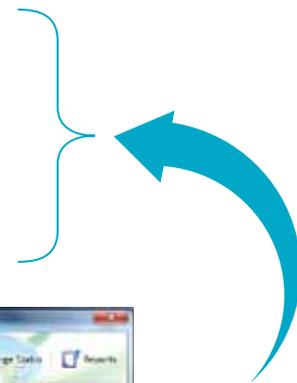
A Single Analysis、Pair Analysis、Trio Analysis、OneSeq CNV and Mutation Analysis ができます。キットの特性、解析の目的に合わせてデフォルトメソッドが搭載されているので、初めて使う時もすぐに解析を開始できます。ヒトゲノムのみに対応しています。

	内容	得られる結果
Single Sample Analysis	<ul style="list-style-type: none"> 1 サンプルごとの解析 	<ul style="list-style-type: none"> SNPs と InDels
Pair Analysis	<ul style="list-style-type: none"> Reference との比較によるコピー数変化の検出 Tumor/Normal 比較による Somatic Mutation の検出 	<ul style="list-style-type: none"> SNPs と InDels CNVs (1000 bp までのサイズ) Somatic mutations
Trio Analysis	<ul style="list-style-type: none"> トリオ解析による De novo mutation の検出 	<ul style="list-style-type: none"> SNPs と InDels De novo mutations
OneSeq CNV and Mutation Analysis	<ul style="list-style-type: none"> OneSeq によるゲノムワイド CNV、LOH 検出 	<ul style="list-style-type: none"> SNPs と InDels CNV (ゲノムワイドで 300 kb、疾患関連領域で 25–50 kb の解像度) LOH (5 Mb 以上)

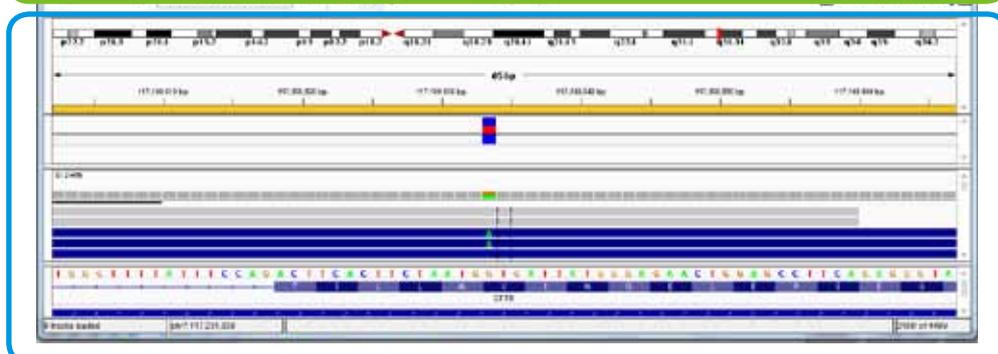
Q 結果はどのように表示されますか？

A 検出した variant を、Mutation Table と Genome Viewer でわかりやすく表示します。

- ゲノムのポジション情報、Ref 塩基と Alt 塩基
- コドンの変化、フレームシフトやアミノ酸置換などの影響
- 検出されたアレル頻度
- SIFT、PolyPhen2 などの、アミノ酸置換の効果予測
- COSMIC データベースの情報
- 変異の効果が大きい順のカテゴリ付け etc.



Mutation Table



Genome Viewer



Q レポートは作成できますか？

A PDF 形式の Variant レポートをはじめとして各種レポートを作成できます。

- シーケンス結果の QC レポート
- Variant レポート
- カスタムレポート
- Mutation Table をエクセル形式や VCF ファイルとして出力



Q どのようなスペックの PC が必要ですか？

A 下記スペックをみだし、インターネットに接続している必要があります。

- 64-bit Windows 7 Enterprise or Windows 7 Professional
- 3 Ghz、8-core 推奨 (Min. >2 GHz processor)
- 8 GB RAM (Aligner なし)、16 GB RAM (Aligner あり、最小で 12 GB RAM)
- 500 GB (ゲノムレファレンス用に 50 GB、シーケンスデータ用に 450 GB)
- 1280 × 768 以上の解像度のスクリーン
- PDF ファイルを閲覧可能なソフトがインストールされていること



ご用意いただく PC 構成例

日本 HP ... ENVY 750-070jp
 OS Windows 7 Professional (64 bit) (Windows 8.1 Pro からのダウングレード権を利用)
 CPU インテル Core i5-4590 (3.30-3.70 GHz/4 コア)
 RAM 16 GB (8 GB × 2) PC3-12800 (1600 MHz)
 Strage 1 TB ハードドライブ (SATA、7200 rpm)

Q 日本語の説明書はありますか？

A はい、SureCall のインストールガイド、基本操作ガイドをいずれも日本語でご用意しております。http://AgilentGenomics.jp からダウンロードいただけます。

販売店

[お問い合わせ窓口]

アジレント・テクノロジー株式会社

本社 / 〒 192-8510 東京都八王子市高倉町 9-1

●カスタムコンタクトセンター ☎ 0120-477-111

mail : email_japan@agilent.com

※仕様は予告なく変更する場合があります。

※本資料掲載の製品は全て研究用です。

その他の用途にご利用いただくことはできません。

<http://AgilentGenomics.jp>

© Agilent Technologies, Inc. 2015

本書の一部または全部を画面による事前の許可なしに複製、
 改変、翻訳することは、著作権法で認められている場合を除き、
 法律で禁止されています。

Printed in Japan, July. 1, 2015

5991-6037JAJP

