



GenetiSure CGH + SNP マイクロアレイ

Postnatal Research · Cancer Research



ゲノムコピー数

- ・ 癌・疾患関連領域に密にプローブを配置し高解像度に変化を検出
- ・ 特定の遺伝子における単一エクソンコピー数変化を検出(標的エクソンの 89% に ≥ 3 プローブを配置)

LOH

- ・ SNP プローブ数を増加し検出解像度をさらに強化 (>2.5 Mb)
- ・ ヘテロ接合性の損失 (LOH) の検出精度もさらにアップ

標的領域

GenetiSure Postnatal Research CGH + SNP マイクロアレイキット 2 x 400 K

- ・ ClinGen/ISCA において量感受性があると考えられている 424 疾患関連遺伝子
- ・ ペリセントロメア・サブテロメアを含む従来の ISCA 領域

GenetiSure Cancer Research CGH + SNP マイクロアレイキット 2 x 400 K

- ・ CGC と Sanger COSMIC データベースに基にした 690 癌関連遺伝子
- ・ テロメア / セントロメア · fragile site (FHIT · WWOX) を含む 94 の追加領域

既存製品との比較

仕様	GenetiSure Postnatal Research CGH + SNP 2 x 400 K	GenetiSure Cancer Research CGH + SNP 2 x 400 K	SurePrint G3 Cancer CGH + SNP 4 x 180 K	SurePrint G3 ISCA CGH + SNP 4 x 180 K
型式	G5974A*	G5975A*	G4869A**	G4890A
フォーマット、 スライド入り数	2 x 400 K、5 スライド入り	2 x 400 K、5 スライド入り	4 x 180 K、3 スライド	4 x 180 K、3 スライド
搭載 CGH プローブ数	~ 300,000	~ 300,000	~ 120,000	~ 120,000
標的エクソン配置 CGH プローブ数	~ 123,000	~ 123,000	~ 20,000	NA
CGH プローブ Median Probe Spacing	~ 9.5 kb (overall) 20 kb (backbone)	~ 9.8 kb (overall) 20 kb (backbone)	~ 25 kb	~ 25 kb
エクソン領域カバレッジ	~ 89% ≥ 3 probes/exon	~ 89% ≥ 3 probes/exon	Minimum 1 probe/exon	Gene-biased only
搭載 SNP プローブ数	~ 103,000	~ 103,000	~ 60,000	~ 60,000
Copy-neutral LOH 解像度	~ 2.5-10 Mb	~ 2.5-10 Mb	~ 5-10 Mb	~ 5-10 Mb

* 1 スライドでの販売も可能です。受注製造となりますのでお問い合わせください。

** 受注製造品です。

・ 本製品は無償の解析ソフトウェア CytoGenomics 3.0.6 以降による解析が必要です。

・ ラベル化試薬は、SureTag Complete DNA Labeling Kit (5190-4240) をご利用ください。

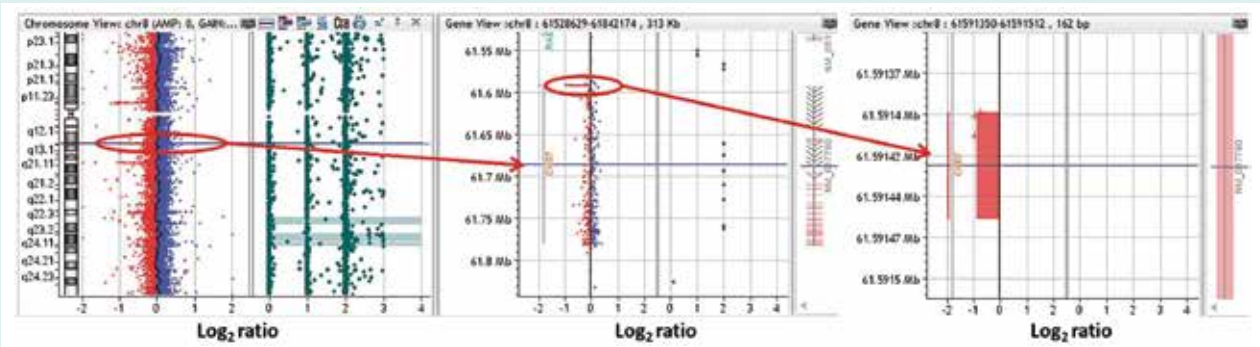
・ リファレンスは、SureTag Complete DNA Labeling Kit (5190-4240) に含まれるリファレンスゲノム DNA をお使いください。

・ その他の必要な試薬はお問い合わせください。



CytoGenomics による解析例

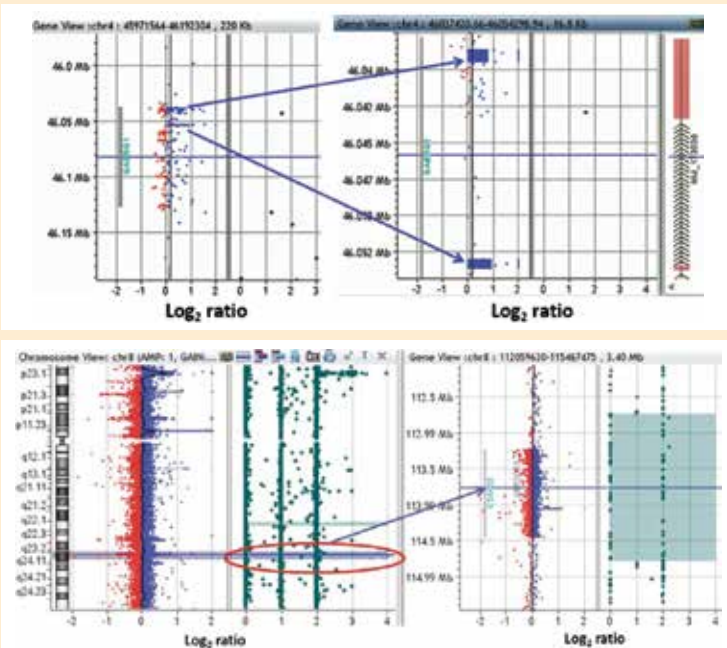
GenetiSure Postnatal Research CGH + SNP マイクロアレイキット 2 x 400 K



同じアレイを用いて、CHD7 遺伝子の単一エクソンでとても小さな欠失 (~70 bp) を検出。

中央および右側にて拡大図を表示しています。図中に赤と青のドットで示されているように、遺伝子により多くのプローブ数が配置されています。

GenetiSure Cancer Research CGH + SNP マイクロアレイキット 2 x 400 K



GenetiSure Cancer CGH + SNP Research マイクロアレイを用いて、8 番染色体の興味ある遺伝子 (CSMD3) に位置する 2.0 Mb の領域の LOH (loss of heterozygosity) を Agilent CytoGenomics ソフトウェアにて解析、検出した例です。右図はこの領域の拡大図です。

GABRG1 遺伝子にある 2 つのエクソン (青い長方形で示した領域) に存在する 2 つの微細な重複 (それぞれ ~1 kb) は従来の 4 x 180 K のデザインでは、これらの領域にプローブが存在しないため検出できませんでしたが、この新しい 2 x 400 K のデザインで検出されました。

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. 2016

本書の一部または全部を書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, May. 13, 2016

5991-6963JAJP