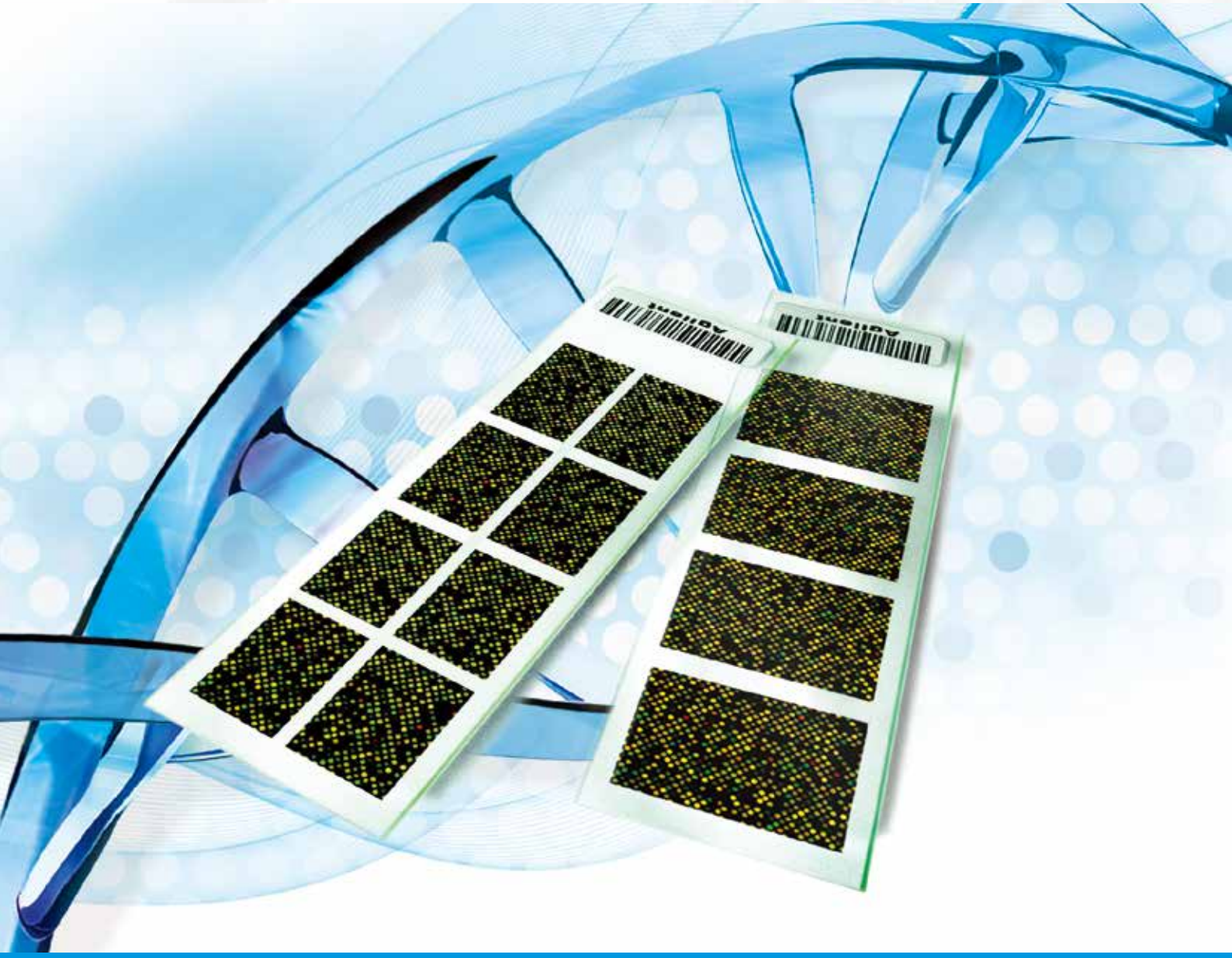
Microarray

Agilent Microarray Total Solution



Agilent Technologies

確立されたマイクロアレイの技術で確かな結果を

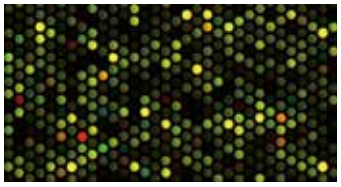
5 桁のダイナミックレンジをもつマイクロ

アジレントのマイクロアレイが選ばれる理由

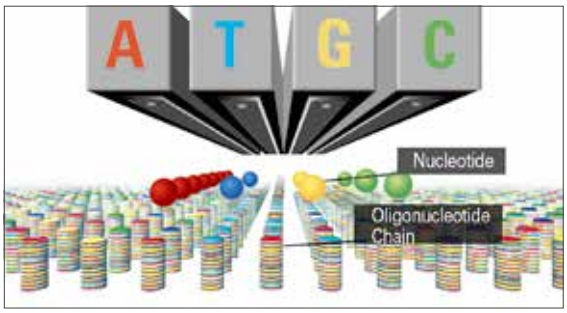
アジレント・テクノロジーは、マイクロアレイのダイナミックレンジを広げて高感度化を実現するため、マイクロアレイの製造から実験プロトコル、スキャンそして画像の数値化に至るすべてのプロセスを徹底的に最適化しました。その結果、他に類のない 5 桁のダイナミックレンジを達成しました。しかも、コストパフォーマンスにも優れておりお客様から高く評価されています。最近では、アジレントの遺伝子発現マイクロアレイと RNA-Seq との高い相関を示すデータも多数発表されており、その信頼性の高さが裏付けられています。

アジレントマイクロアレイのコアテクノロジー

アジレントのマイクロアレイは、最新のインクジェット技術を用い、60 mer のロングオリゴ DNA をガラス基板上に直接 *in situ* 合成しています。この過程において脱プリン化を抑え、かつ極めて高いカップリング反応効率を達成することで、これまでになく高い品質のロングオリゴ DNA を合成できるようになりました。この高い品質のオリゴは、クロスハイブリダイゼーションを大きく低減し、これまでのマイクロアレイでは達成できなかった 5 桁のダイナミックレンジを実現しました。



2 色法でのスキャン画像



サンプルの品質確認から解析までトータルサポート

サンプル QC

- 4200 TapeStation
- 2100 バイオアナライザ

ラベル化

- ラベル化キット / スパイクインキット

ラベル化キットは各アプリケーションに対応。遺伝子発現と miRNA マイクロアレイは、ラベル化時に QC 用のスパイクインを添加して実験を評価します。

マイクロアレイ

- カタログアレイ
  遺伝子発現
  miRNA
  CGH、CGH+SNP
  ChIP-on-chip
  メチル化解析
- カスタムアレイ

アレイが、新たな世界をひらきます。

アジレントマイクロアレイのアプリケーション

RNA 発現解析

- 遺伝子発現マイクロアレイ / miRNA マイクロアレイ
  - 少量の total RNA で網羅的解析を
    最少 10 ng からスタート可能（遺伝子発現マイクロアレイ）
    100 ng の total RNA でスタート（miRNA マイクロアレイ）
  - シンプルなプロトコル
    データの取得まで 1.5 日。原核生物にも対応
  - 選べるプロトコル
    1 色法と 2 色法に対応（遺伝子発現マイクロアレイの場合。miRNA マイクロアレイは 1 色法のみ）

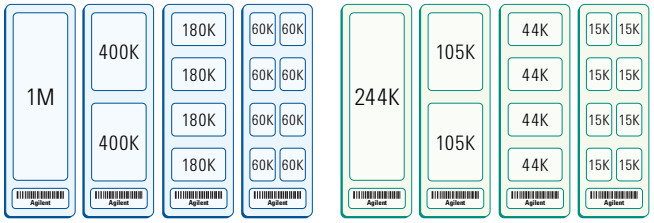
ゲノム解析

- CGH/CGH+SNP
  - ゲノムワイドのコピー数変化を網羅的に、高解像度に解析
  - CGH+SNP アレイでは、ゲノムコピー数変化とコピー数変化を伴わない構造変化である片親性ダイソミー（UPD）および Loss Of Heterozygosity（LOH）も同時に高解像度検出
- ChIP-on-chip / メチル化解析

アジレントマイクロアレイのフォーマット

アジレントのマイクロアレイでは、アプリケーションや目的に応じて、様々なスポット数に対応したマルチフォーマットをご用意しています。

8 x 60K フォーマットの場合
- 1 枚で 8 サンプル同時処理
- 1 アレイに約 60K（6 万）スポットを搭載



ハイブリ・スキャン

- ハイブリダイゼーションオーブン / チャンバ
- スキャナ
- 数値化ソフト

データ解析

- GeneSpring
  遺伝子発現、
  miRNA 発現解析に

- CytoGenomics
  CGH、CGH+SNP 解析に
- Agilent Genomic Workbench
  CGH、CGH+SNP
  ChIP-on-chip、メチル化解析に

バリデーション

- AriaMx リアルタイム PCR システム

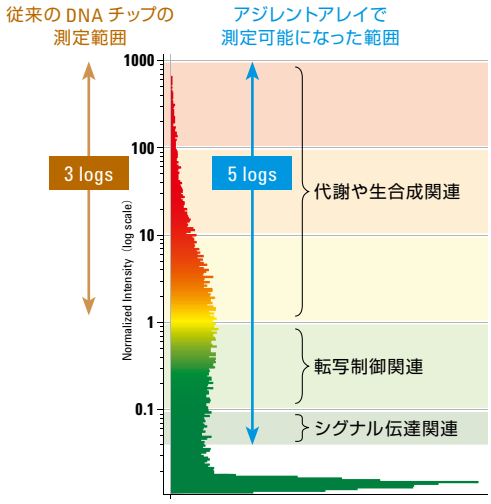
各アプリケーションで共通です。

遺伝子発現・miRNA マイクロアレイの特長

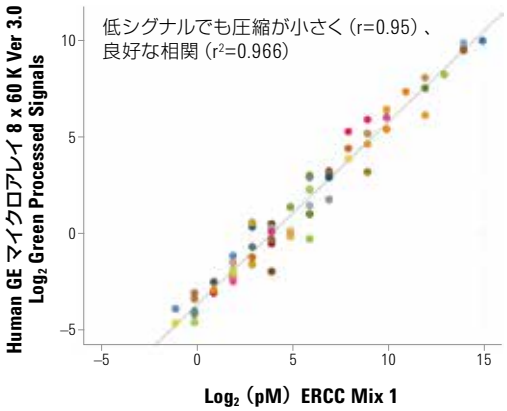
5 桁にわたる幅広いダイナミックレンジでプロファイル

アジレントの RNA 発現解析用マイクロアレイは、データ生成に関わる全てのプロセスの徹底的な最適化により、ノイズを分離して、5 桁にわたる広いダイナミックレンジでのシグナル検出を達成し、しかも極めて高い再現性を実現しました。その結果、これまで解析が難しかった低発現遺伝子の網羅的解析がはじめて実現できるようになりました。シグナル伝達パスウェイの上流から中流の遺伝子には発現レベルが低いものが多く、遺伝子発現ネットワーク研究に新しい展開をもたらすことが期待されます。

5 桁にわたるダイナミックレンジ



乳がんセルライン（MCF7）のヒストグラム
縦軸：シグナル強度 / 横軸：頻度

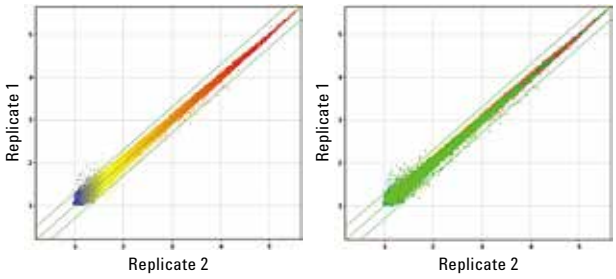


ERCC スパイクを total RNA に混合し取得したマイクロアレイデータ
縦軸：Human 遺伝子発現 マイクロアレイ 8 x 60 K Ver 3.0 に搭載の
ERCC 対応プローブのシグナル強度 / 横軸：ERCC の既知濃度

高い再現性 – 他の追随を許さない高品質なマイクロアレイデータ

繰り返し実験の再現性は極めて高く、信頼性の高い網羅的発現プロファイルを得ることができます。long non coding RNA* も 5 桁にわたって高い再現性で検出できます。

* ヒト、マウス用遺伝子発現マイクロアレイに搭載

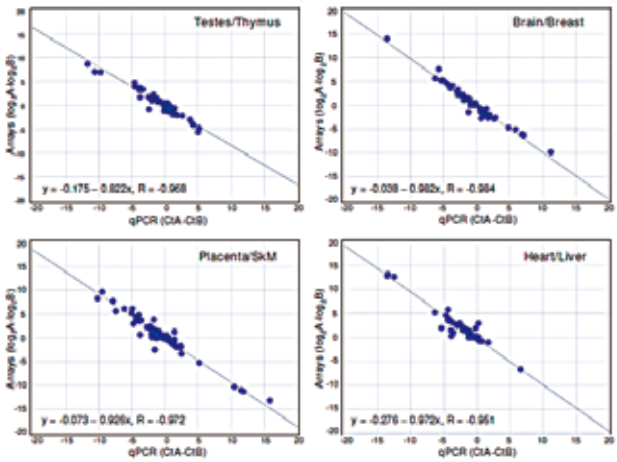


緑：long non coding RNA 対応のプローブ

同じサンプルを用いた繰り返し実験データ
Human 遺伝子発現 マイクロアレイ 8 x 60 K Ver 3.0 を使用
軸：$\log_{10}$ シグナル強度

定量 PCR とも高い相関

アジレントの miRNA マイクロアレイによって得られた発現プロファイルは、由来組織を問わずさまざまな miRNA サンプルで定量 PCR の結果と極めて高い相関を示します。



4つの異なる組織間での、60 種の miRNA の定量値の比
縦軸：マイクロアレイの結果 / 横軸：定量 PCR の結果
BMC Biotechnology 2008.8:69

充実のコンテンツ、多彩な生物種のラインナップ

公的データベースは、様々な手法を用いて得られるトランスクリプトームの新たな知見により、随時アップデートされています。アジレントは、より新しいデータベースに基づきマイクロアレイのコンテンツを見直しています。

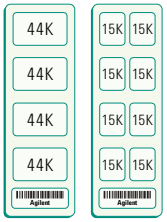
遺伝子発現マイクロアレイ

2015 年に、ヒト、マウス、ラットの coding RNA および non coding RNA ともにコンテンツを一新しました。Human 遺伝子発現マイクロアレイ 8 x 60 K Ver 3.0 では、coding RNA、Broad Institute の lincRNA/TUCP catalog に加え、新たに LNCipedia に基づいた lncRNA（long non coding RNA）も搭載しています。

生物種	参照データベース	コンテンツ
Human 遺伝子発現マイクロアレイ 8 x 60 K Ver 3.0	• RefSeq Build 66 • Unigene Build 236 • Ensemble Release 76 • GenBank（Aug 2014） • LNCipedia Version 2.1 • Broad Institute Human lincRNA catalog（Nov 2011） • Broad Institute TUCP transcripts catalog（Nov 2011）	26,083 Entrez Genes 30,606 lncRNAs
Mouse 遺伝子発現マイクロアレイ 8 x 60 K Ver 2.0	• RefSeq Build 66 • Unigene Build 236 • RIKEN 3 • Ensemble Release 76 • GenBank（Aug 2014）	27,122 Entrez Genes 4,578 lncRNAs
Rat 遺伝子発現マイクロアレイ 8 x 60 K Ver 2.0	• RefSeq Build 66 • Unigene Build 236 • Ensemble Release 76 • GenBank（Aug 2014）	30,584 Entrez Gene

8 x 60K

遺伝子発現カタログアレイでは、様々な種類の生物種に対応したデザインを揃えています。



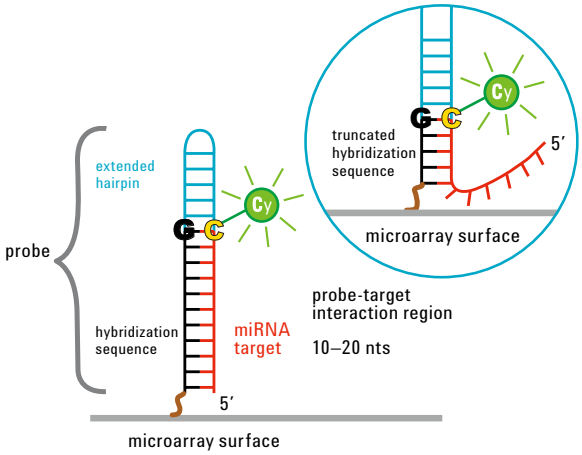
4 x 44K　8 x 15K

カタログアレイラインナップ

- アカゲザル
- イヌ
- ウサギ
- ウシ
- ウマ
- ヒツジ
- ヒト
- ブタ
- マウス
- マウス（発生再生）
- ラット
- イネ
- オオムギ
- コムギ
- シロイヌナズナ
- セイヨウアブラナ
- ダイズ
- タバコ
- タルウマゴヤシ
- トウモロコシ
- トマト
- ワタ
- アフリカツメガエル
- イネいもち病菌
- サケ
- 出芽酵母
- ショウジョウバエ
- ゼブラフィッシュ
- 線虫
- ニワトリ
- ハマダラ蚊
- 大腸菌

miRNA マイクロアレイ

アジレントの miRNA マイクロアレイは miRNA の公的データベース、miRBase リリース 21 に基づいた製品（8 x 60K、8 x 15K フォーマット）を提供しています。Total RNA から成熟 miRNA を選択的に検出するので small RNA の濃縮作業は必要ありません。



成熟 miRNA を検出するユニークなプローブ設計

極めて相同性の高い配列をもつ成熟 miRNA を選択的に検出するため、ユニークなプローブ設計と、高い効率のダイレクトラベル化法を採用しています。逆転写や増幅は行わず miRNA の 3' 末端に C 残基を付加します。一方、プローブの 5' 末端に G 残基を配置してハイブリダイゼーションを安定させ、さらにプローブをヘアピン構造にすることで成熟 miRNA を特異的に検出することを可能にしました。また、ハイブリダイゼーションを最適化するため、プローブの miRNA 相補部分の長さも調節しています。

カスタムアレイ

1 枚から作れる！ フレキシブル、しかも手頃な価格のカスタムマイクロアレイ

アジレントでは遺伝子発現および miRNA のマイクロアレイのカスタムデザインを作成するウェブツール、eArray を無償で提供しています。eArray を使えば、簡単にそして迅速にマイクロアレイのデザインが可能です。1 スライドからご注文を承ります。

遺伝子発現マイクロアレイ

トランスクリプト配列情報があれば、生物種に関わらず遺伝子発現用プローブを設計できます。カタログアレイにない生物種や新規に配列情報が得られた生物種のプローブも設計いただけます。

miRNA マイクロアレイ

miRBase に公開されている 250 種以上の生物種に関して、miRNA マイクロアレイ用に設計されたプローブをカスタムアレイに搭載することができます。

こんなときは、eArray をお試しください。

- 目的の生物種がカタログアレイにない
- 次世代シーケンサで得られた配列情報を用いてアレイを作成したい
- 目的の遺伝子を追加搭載したい

など

ゲノム解析用のカスタムデザインを作成する Web ツール

SureDesign

SureDesign では、直感的な、ガイド付きのワークフローを提供しており、どなたでも簡単に無償でゲノム解析用カスタムマイクロアレイをデザインできます。

CGH/CGH+SNP/ChIP-on-chip/ メチル化解析

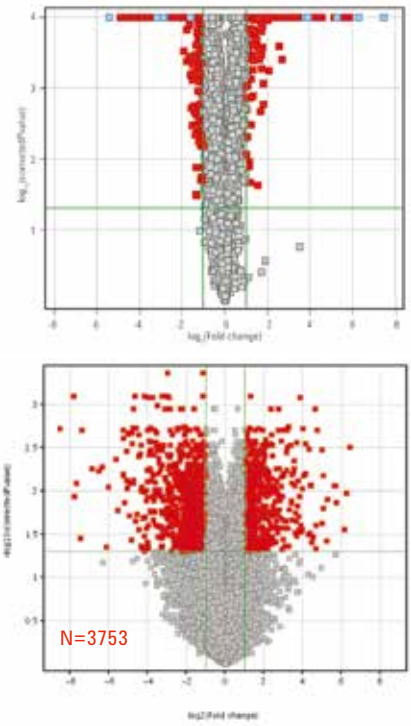
数千万以上のアジレントで設計済みのプローブデータベースから研究対象となるゲノム領域のプローブをお望みの解像度で選択することが可能です。

RNA 発現解析 – アプリケーション

polyA をもたないトランスクリプトの発現解析にも対応

原核生物の遺伝子発現解析にも対応しています。アプリケーションノートでは、大腸菌と結核菌を用いて、1 色法、2 色法ともに解析可能で、再現性が高いことを示しています。右図はパラコート処理をした大腸菌とリファレンスとの発現差解析を Volcano Plot で表示しました。2 倍以上の発現差（$p < 0.05$）のあるスポットが赤で表示されています。

Gene Expression Profiling of Prokaryotic Samples using Low Input Quick Amp WT Kit（5991-0879EN）



Volcano Plot
赤スポットは、2 倍以上の発現変動をした遺伝子（$p < 0.05$）を示します。

ホルマリン固定パラフィン包埋（FFPE）サンプル

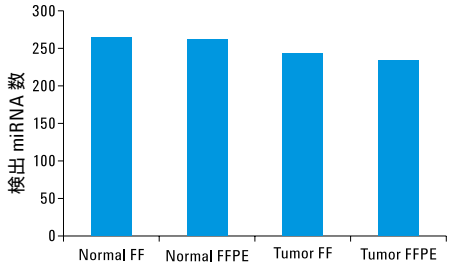
FFPE 由来の RNA は劣化していることが多いため、組織由来の RNA に比べ解析が困難です。

遺伝子発現 – FFPE 由来 RNA の発現プロファイルを解析できるよう、クイックスタートガイドをご提供しています。大腸の正常部位ならびに腫瘍部位の FFPE サンプルから抽出した total RNA の RIN（詳しくは 14 ページ参照）は 2.4-2.7 と非常に低いにも関わらず、アレイデータは非常に再現性が高く、右図のように 3800 もの発現変動のある遺伝子をとらえることができました。

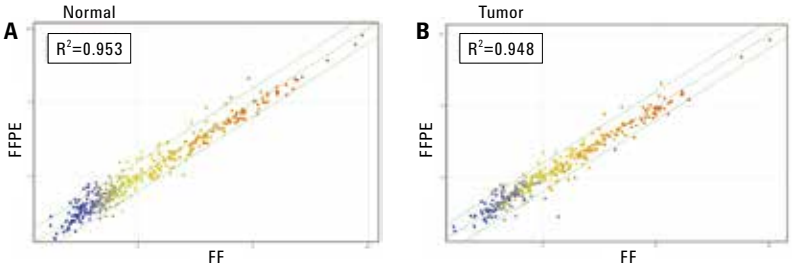
Reliable mRNA Expression Profiles with FFPE Tissues Using the Agilent SurePrint G3 Human Gene Expression v2 8 x 60K Microarray（5991-2385EN）

miRNA – アジレントの miRNA マイクロアレイでは、通常のラベル化プロトコルで、FFPE サンプルからでも Fresh Frozen（FF）サンプルと同等の結果を得られることが示されました。

MicroRNA Analysis of Archival FFPE Samples by Microarray（5990-4944EN）



大腸の正常部位ならびに腫瘍部位の FFPE サンプルと FF サンプルを使用した実験では、FFPE サンプルから検出された miRNA の平均数は、FF サンプルよりも僅かに少ないだけでした。

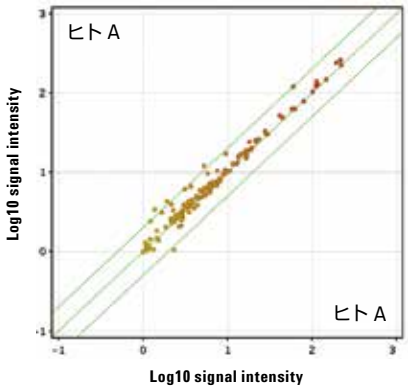


A：大腸の正常部位の FF および FFPE サンプルと **B**：腫瘍部位の FF および FFPE サンプルの miRNA プロファイルで、良好な相関性が得られました。

エクソソーム由来 miRNA のプロファイリング

組織中の miRNA だけではなく、体液に含まれるエクソソーム由来 miRNA も注目を集めています。3 人の健常人の血清に含まれるエクソソーム由来 miRNA を 3 種類のキットで抽出し、miRNA マイクロアレイで解析を行いました。その結果、100 個前後の miRNA を検出でき、同一個人間の再現性（右図）や抽出キットの違いを捉えられることが示されました。

アジレント miRNA マイクロアレイおよびバイオアナライザを用いた exosomal miRNA の検出（5991-7468JAJP）

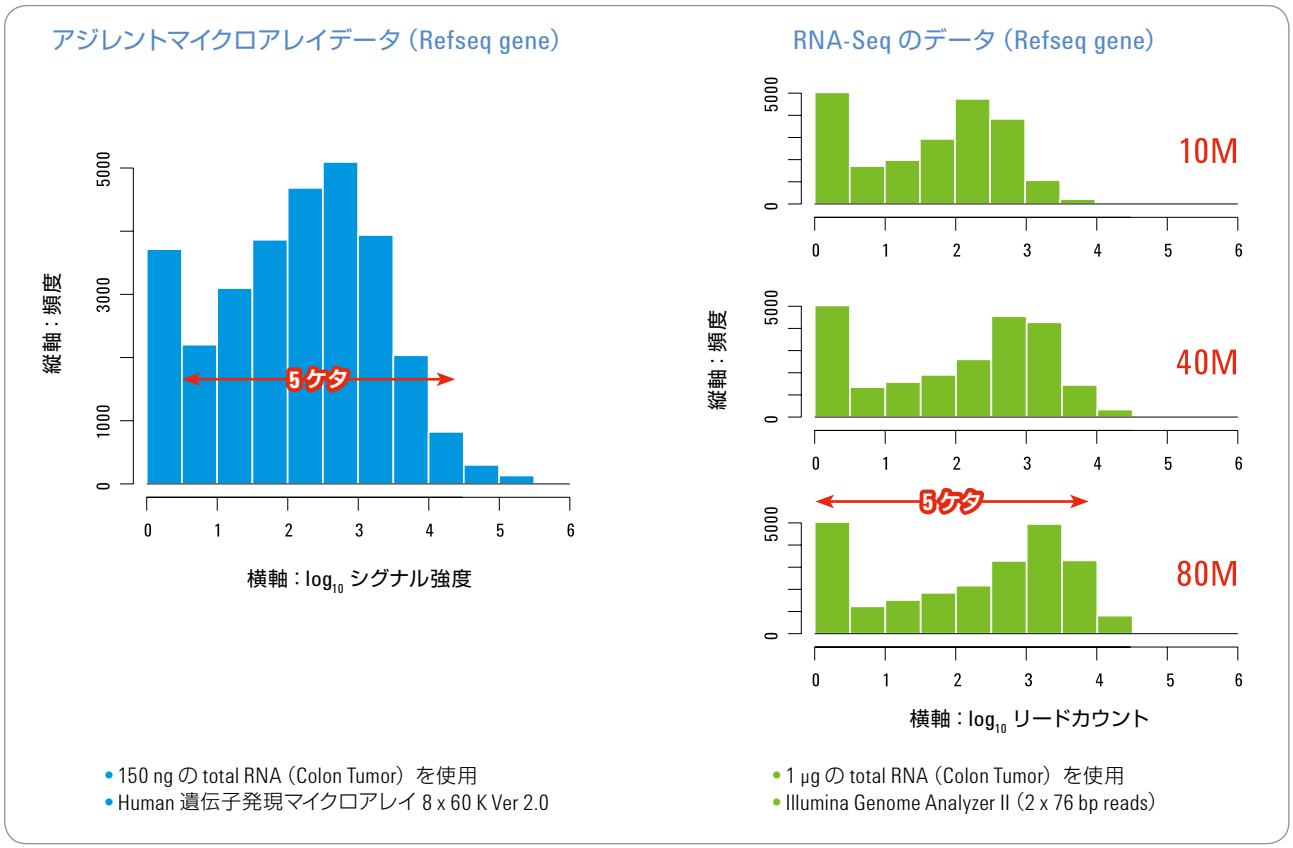


配列既知の遺伝子発現差解析はマイクロアレ

アジレントでは、ランニングコストと解析スループットを考慮し、マイクロアレイと次世代シーケンサを目的に応じて使い分けるアプローチを提案しています。既知遺伝子をターゲットとしたスタンダードな遺伝子発現差解析においては、幅広いダイナミックレンジと確立された簡便な解析、現実的なランニングコストの両方を実現するアジレントの遺伝子発現マイクロアレイが最適です。

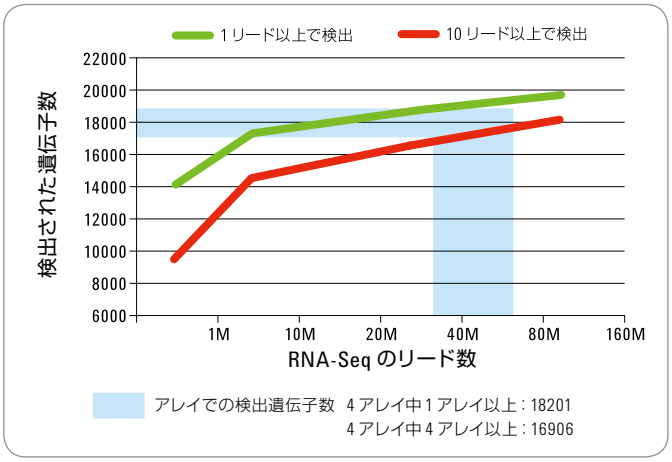
5 桁のダイナミックレンジを得るためには 40 ～ 80 Million のリード数が必要

次世代シーケンサにおいて低発現遺伝子の解析を行うためには、膨大なリード数のデータを取得しなければなりません。同じサンプル（Colon Tumor）で比べた場合、RNA-Seq（右図）では 40 ～ 80 M（= 4,000 万 ～ 8,000 万）ものリードを取得して初めてアジレントの遺伝子発現マイクロアレイと同等の 5 桁のダイナミックレンジが得られました。リード数を増やせばダイナミックレンジは広がりますが、同時にデータ解析の手間も時間も増え、さらにコストもかさんでしまいます。



リード数と検出遺伝子数

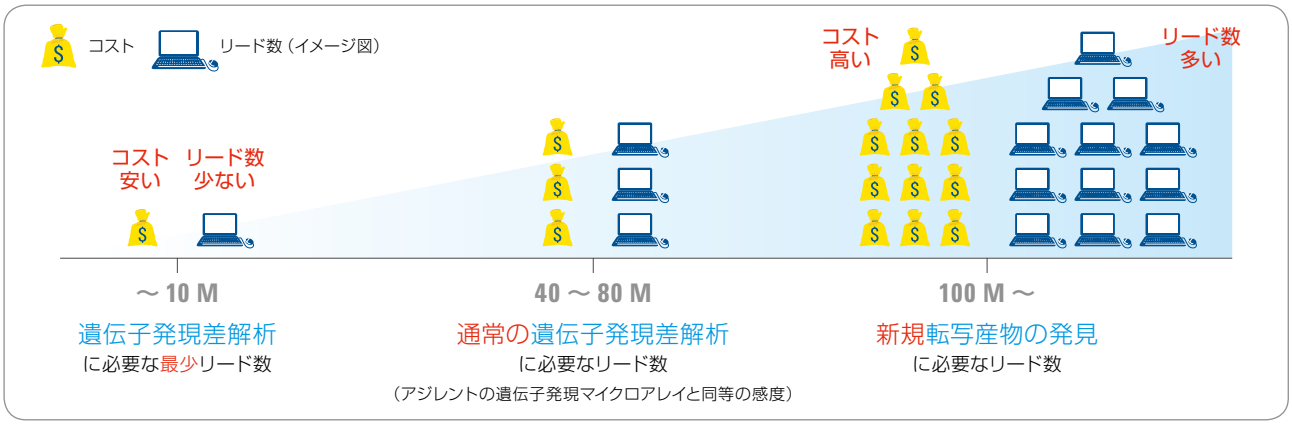
同じサンプル（Colon Tumor）を用いて検出された遺伝子数を比べると、アジレントの遺伝子発現マイクロアレイと同等の検出数を得るには 40 ～ 80 M のリード数が必要です。アジレントの遺伝子発現マイクロアレイでは、解析に十分な遺伝子数を手軽に検出することが可能です。



イで

RNA-Seq の解析に必要なリード数 – ENCODE ガイドライン

ENCODE ガイドラインによると、新規転写産物の発見やスプライスバリアントの検出には、2 x 76 bp 以上での読み取りで、100 ～ 200 M リード（= 1 億 ～ 2 億リード）が推奨されており、10 ～ 20 M リード（= 1,000 万 ～ 2,000 万リード）の読み取りではこれらの解析は困難です。新規転写産物の発見など未知の配列の検出には次世代シーケンサが役立ちますが、アジレントの遺伝子発現マイクロアレイなら通常の遺伝子発現差解析に必要な 40 ～ 80M リードに相当するデータが簡単に得られます。

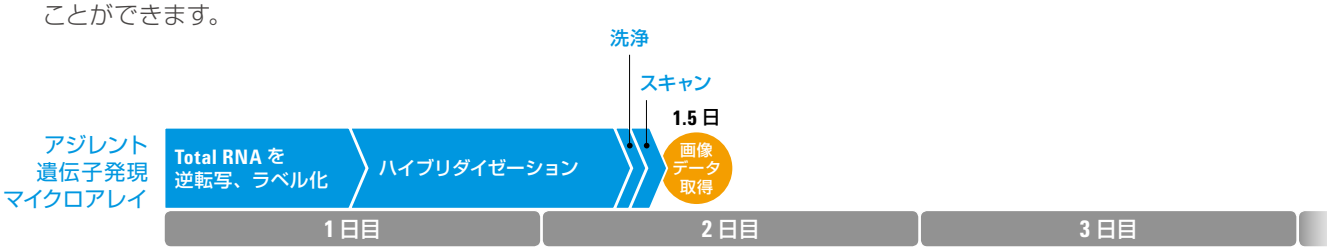


ENCODE（http://genome.ucsc.edu/ENCODE/protocols/dataStandards/ENCODE_RNAseq_Standards_V1.0.pdf）の推奨を元に作成

シンプルなワークフロー

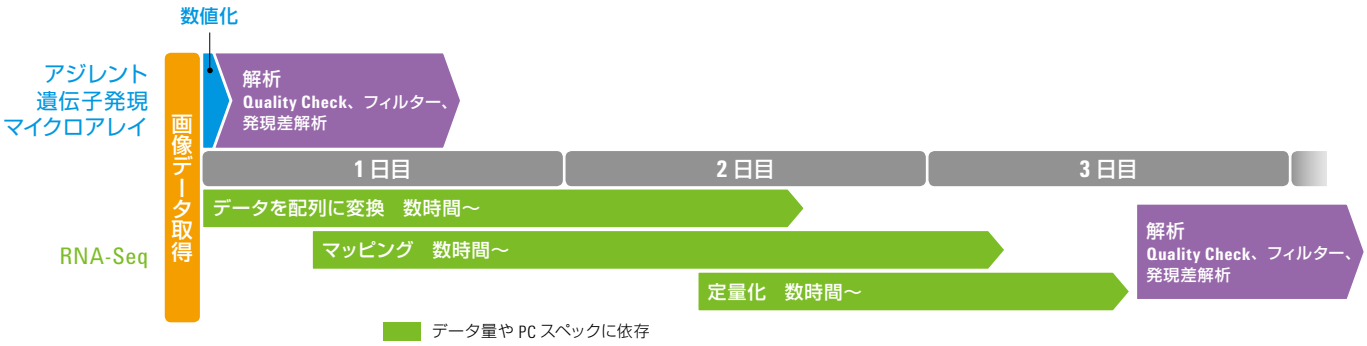
実験プロセス

アジレントマイクロアレイの実験プロトコルは、十分に検証し、最適化されています。ラベル化は、オリゴ dT プライマーを用いた 1 回の IVT 反応で、最少 10 ng の total RNA からハイブリダイゼーションに必要な十分量のラベル化 cRNA を合成することができます。



データ解析プロセスの比較

データ量が非常に多く、マッピング、定量化に時間がかかる次世代シーケンサのデータ解析に対して、アジレントのマイクロアレイは、スキャン後の数値化では自動でアノテーションの付加も行い、数分で終了、すぐにデータ解析を行うことができます。



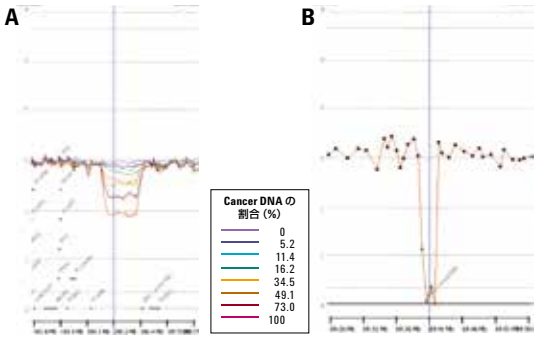
ゲノム解析

CGH マイクロアレイでゲノムワイドのコピー数変化を網羅的に、高解像度に解析

Comparative Genomic Hybridization（CGH）は、2 つの DNA サンプル、リファレンスと対象サンプルの間のコピー数変化を検出する手法です。アジレントの CGH マイクロアレイはゲノムワイドな染色体の構造変化を解析するための業界標準として幅広く使用されています。

わずかな DNA コピー数変化を高感度に検出

新規・未知を含む、大小さまざまなコピー数変化を、網羅的に、かつ高感度・高精度に検出します。標的遺伝子のみの変異・コピー数解析では疾患の原因特定が困難な場合に、このような網羅的な手法が有用です。また、がんなどの疾患に関連するゲノム構造異常の同定やマーカー領域の探索、構造異常領域の精査などにも有用です。



正常 DNA・癌 DNA の混合サンプルにおける高い検出力：肺小細胞癌セルライン（CRL-5929）による検討
A：1 番染色体における 1 コピー欠失の検出
B：15 番染色体における微細なホモ欠失（29 kb）の検出

CGH マイクロアレイのラインナップ

遺伝子・エクソン領域にバイアスをかけたデザインやがん・疾患関連領域によりフォーカスしたデザインを揃えています。

種類	特徴	サンプルタイプ
CGH	高解像度なゲノムコピー数変化の検出 ヒト、マウス、ラット対応	血液、凍結組織、 FFPE サンプル、1 細胞
CGH+SNP	ゲノムコピー数変化と、コピー数変化を伴わない構造変化である 片親性ダイソミー（UPD）・Loss Of Heterozygosity（LOH）を同時に高解像度検出	血液、凍結組織

実験するサンプル数や解像度に合わせて CGH マイクロアレイのフォーマットを選択できます。詳細は、CGH マイクロアレイカタログ（5991-5989JAJP）をご覧ください。

より簡便に転写因子の結合やエピジェネティックな変化を検出

ChIP-on-chip マイクロアレイと DNA メチル化解析マイクロアレイは、免疫沈降法と組み合わせることで、より簡便に信頼性の高い解析を実現します。

ChIP-on-chip/メチル化解析用マイクロアレイの種類

- プロモータ：ヒト、マウス
- ChIP-on-chip：ショウジョウバエ、出芽酵母、分裂酵母、シロイヌナズナ、線虫、ゼブラフィッシュ
- メチル化解析：ヒト、マウス（ラットはお問合せください）

ゲノム解析用ソフトウエア

Agilent Genomic Workbench – 強力なビジュアライズ・解析ツール

CGH/CGH+SNP、ChIP-on-chip およびメチル化解析用マイクロアレイデータに対応した、3 つのモジュールからなるソフトウェアです。染色体上の対応位置に各マイクロアレイプローブのデータをプロットするので、解析結果が一目でわかります。

CytoGenomics

CytoGenomics は、アジレントの CGH と CGH+SNP マイクロアレイ解析のための高精度で使いやすい無償のソフトウエアです。ヒトサンプルに対応し、体質性疾患やがんサンプルの解析に最適です。

CytoGenomics

スキャナ / ハイブリダイゼーション

高性能な SureScan マイクロアレイスキャナシステム

5 桁のダイナミックレンジ実現の決め手

遺伝子発現マイクロアレイや miRNA マイクロアレイで 5 桁のダイナミックレンジを達成するには、スキャナも決定的な要素の一つです。アジレント SureScan マイクロアレイスキャナシステムは、市販のスキャナの中で唯一、20 bit でのデータ取り込みを実現。1 回のスキャンで 5 桁のダイナミックレンジを達成しました。ノイズレベルも低いため、高感度検出が可能です。

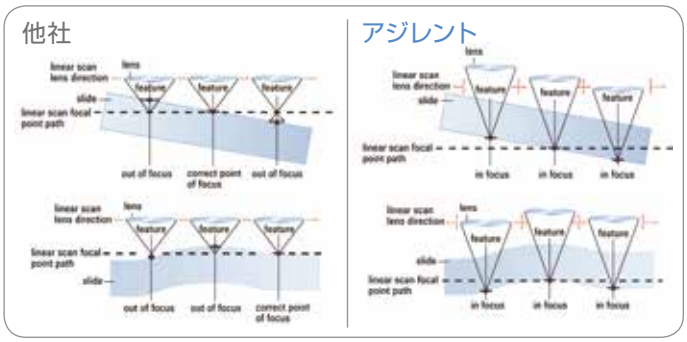
特長

- ダイナミックレンジ 5 桁（20 bit）の実現
- 1 × 3 インチ（25 × 75 mm）スライドグラス対応
- ダイナミックオートフォーカシング機構
- 高感度検出
- 蛍光色素の減衰を最小限に抑えるオゾンフィルター内臓
- 高解像度スキャン（高解像度仕様 2 μm・3 μm）
- 自動高速スキャン
- 高速全自動スポット数値化、QC レポート出力

- マイクロアレイスキャナ本体（サイズ H42 × W43 × D67 cm）
- コンピュータ
- スキャナコントロールソフトウェア
- Feature Extraction（数値化解析ソフトウェア）

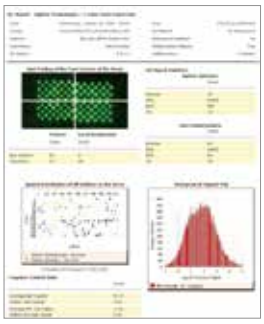
ダイナミックオートフォーカシング機構

スライドグラス表面には、小さなゆがみやたわみがあります。これが共焦点レーザー蛍光式スキャナで、アレイ全体を均一に読み取ることが出来ない原因となります。アジレントは、この問題を解決するためにピクセル毎に焦点を調整するダイナミックオートフォーカシング機構を開発。1 ミリ秒以下で焦点を再調整し、スライド全面に焦点を合わせ、極めて高い S/N 比を実現しています。



Feature Extraction

スポットの位置検出から異常スポットの検出、バックグラウンド補正、色素補正（2 色法）まですべて全自動で高速に行う数値化ソフトです。バッチ解析も可能です。またマイクロアレイごとに QC レポートを自動出力し、実験プロセス（ラベル化、ハイブリダイゼーション）の評価を行います。



QC レポート出力例

ハイブリダイゼーション

専用ハイブリダイゼーションシステム（オーブン、ハイブリダイゼーションチャンバおよびガスケットスライド）を使用することにより、再現性の高いマイクロアレイの実験を行うことができます。全てのアジレントマイクロアレイのフォーマットとアプリケーションに対応しています。

ハイブリダイゼーションオーブン

- アジレントチャンバに対応
- 設定可能温度：室温＋ 5℃から 70℃
- ローター回転速度：5 から 20 rpm

ハイブリダイゼーションチャンバ/ガスケットスライド

- マルチパック対応ガスケットスライド
- 簡単な組み立て
- チャンバ内の泡の回転を利用した効率的なハイブリダイゼーション

データ解析

GeneSpring GX – マイクロアレイ解析ソフトウェアのゴールデンスタンダード

GeneSpring GX は、遺伝子発現解析を中心としたデータマイニングソフトウェアです。データマイニングに必要な統計解析ツール、パスウェイ解析などに代表される生物学的解析ツールのほぼ全てを搭載しており、解析結果を迅速に導き出すことができます。“バイオロジストの視点からのソフトウェア設計” を第一のコンセプトとして、多くのユーザー様のフィードバックをいただきながら、進化･成長を続けています。GeneSpring GX を利用した査読論文総数は、20,000 報を超えています。

特長

- 使いやすいインターフェース
- 様々なアプリケーションに対応
- 多彩な統計解析ツール
- 生物学的な解釈のサポートツールを搭載
- フレキシブルな機能拡張性
- クロス解析への対応
- 充実したテクニカルサポート体制

対応アプリケーション

遺伝子発現データ

- 主要 3 メーカー（Agilent、Affymetrix、Illumina）データの自動認識
- その他のメーカーのアレイデータは、カスタムフォーマットで対応

miRNA 発現データ

- Agilent miRNA マイクロアレイに対応
- miRNA が制御するターゲット遺伝子予測ツールの搭載

Exon アレイデータ

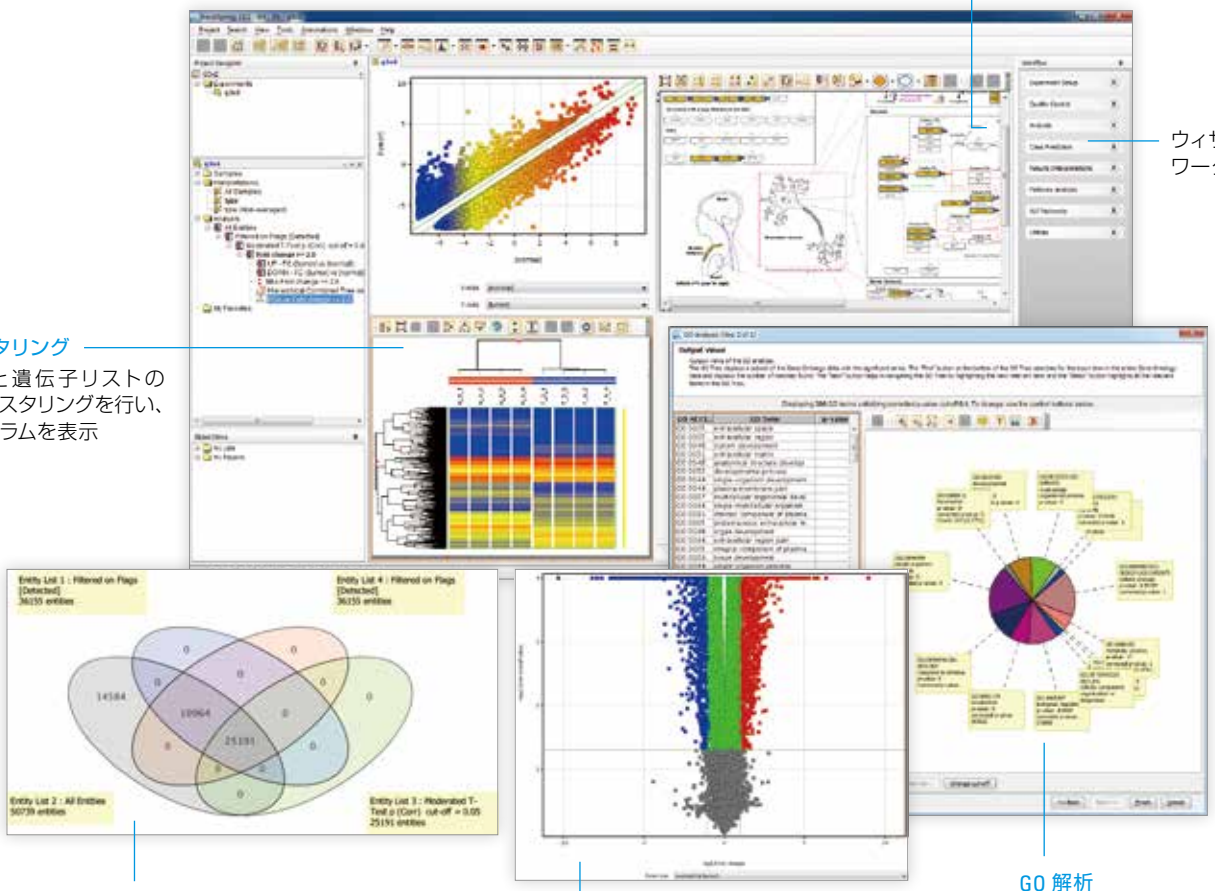
SNP/CNV/CGH データ

リアルタイム PCR データ

パスウェイ解析
Wikipathways 等の既知のパスウェイへのマッピングや、論文情報を根拠にしたネットワークを作成

ウィザード形式のワークフロー

2D-クラスタリング
サンプルと遺伝子リストの両方でクラスタリングを行い、デンドログラムを表示



Venn Diagram
最大 4 つの遺伝子リストの AND、OR、NOT を表示し、リストを比較

Volcano Plot
T-test の p-value（縦軸）と Fold change（横軸）を同時に表示し、発現差のある遺伝子を視覚化

GO 解析
発現差のある遺伝子リストを更に Gene Ontology で分類することで結果の解釈に繋がります

データバリデーション

AriaMx リアルタイム PCR システム –
マイクロアレイの解析データのバリデーションに最適

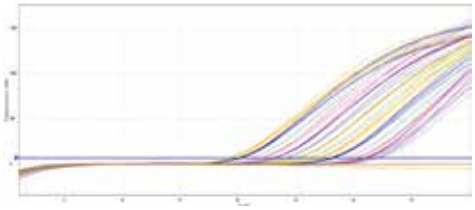
マイクロアレイデータのバリデーションには AriaMx リアルタイム PCR システムが最適です。
AriaMx リアルタイム PCR システムは 96 ウェルフォーマットで、SYBR® Green I アッセイ、各種蛍光ラベルプローブアッセイに対応しています。遺伝子定量解析に最適な試薬をはじめ、アジレントマイクロアレイのバリデーションに最高のサポートをご提供いたします。

相対定量解析には高い再現性が必須

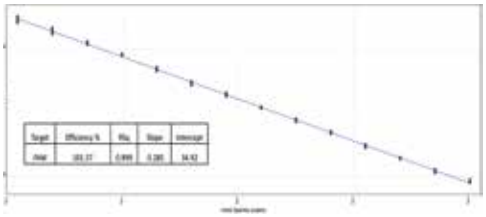
わずかな発現量の差、染色体やコピー数の差を相対的に定量し、その有意差を出すためには高い再現性が必要です。AriaMx の蛍光検出器は、LED を光源としたユニークなモジュール方式で、優れた光学系と、高精度のサーマルブロックにより、再現性の高い 2 倍希釈系列のスタンダード曲線が得られます。

オプティカルモジュール

増幅曲線



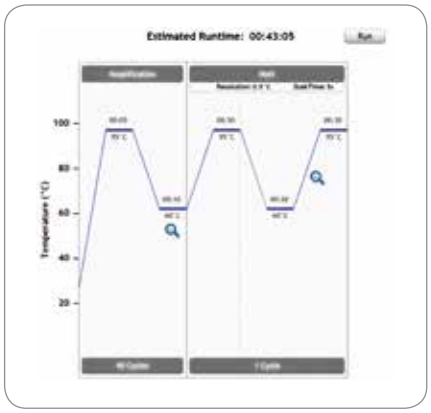
スタンダード曲線



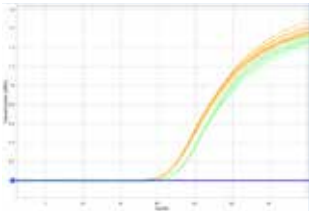
ランタイム最速 43 分の高速分析を実現

AriaMx は、アジレントの Brilliant III Ultra-FAST QPCR master mix 試薬と組み合わせ、SYBR® Green I アッセイでランタイムは 40 サイクルを最速 43 分と大幅な時間短縮化に成功（実験内容により異なります）。高い精度で 2 倍の濃度差を測定できます。融解曲線解析もわずか 10 分。融解曲線解析に、ノーマライズ機能が追加されたので、非特異的増幅を見逃しません。従来の実験をさらに簡単、高速化し、しかも優れた結果が得られます。

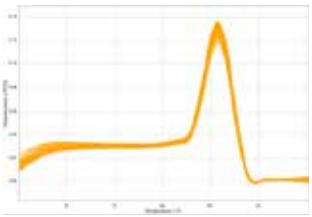
アジレントの超高速 qPCR 試薬
Brilliant Ⅲ Ultra-Fast QPCR Master Mix シリーズ



増幅曲線



融解曲線



サンプル QC

RNA 品質確認の世界標準 – Agilent 2100 バイオアナライザ

RNA は分解しやすく、その分解度が実験結果に大きな影響を与えることがよく知られています。そのため、マイクロアレイ実験や定量 PCR など RNA を用いる実験では、実験前に RNA の品質を確認することが極めて重要です。バイオアナライザはわずか 1 µL のサンプルで、RNA の品質を客観的に評価できるため、数多くの論文で用いられ RNA 品質確認ツールの世界標準となっています。

特長

- RNA の品質確認の世界標準
- わずか 1 µL（50 pg）の total RNA で測定可能
- 簡便な操作、優れたデータ再現性
- 全自動のデータ解析（濃度、分子量、RIN、rRNA 比計算など）
- DNA やタンパク質も分析可能

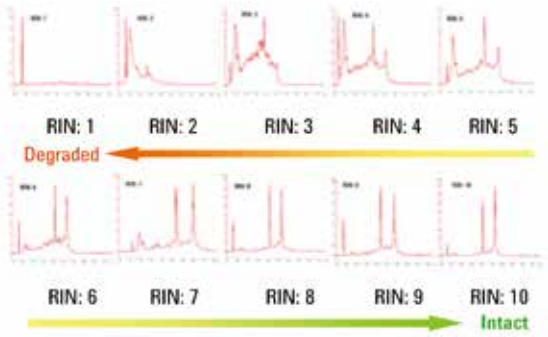
Agilent 2100 バイオアナライザ

RNA 品質確認のための指標 ー RNA Integrity Number（RIN）

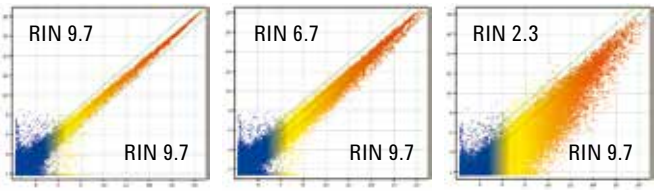
RIN は、RNA の分解度を客観的に評価できる指標です。Total RNA の分解度に応じたバイオアナライザの泳動プロファイルを総合的に考慮したアルゴリズムにより、RNA サンプルの分解度を 1 ～ 10 のスコアで客観的に評価します。
（RIN の詳細なアルゴリズムは Schroeder *et al.*,BMC Molecular Biology 2006, 7：3 を参照）

下図（右）では、RIN 9.7 の total RNA を熱分解することにより、異なる分解度の RNA を調製し（RIN 6.7, 2.3）、遺伝子発現マイクロアレイのデータに与える影響を示しています。同一サンプルであっても分解が進むと、解析結果に著しい影響を与えることがわかります。定量 PCR 実験でも同様に、使用する RNA サンプルの品質確認に RIN が有用です。

Total RNA の分解の進行に応じて
1 ～ 10 のスコア評価



TotalRNA の分解がマイクロアレイデータに与える影響



分解度の異なる同一 RNA のスキャッタープロット
RIN 9.7：Intact
RIN 6.7：Partial Degradation
RIN 2.3：Severe Degradation
（RNA サンプル：MVP™ Total RNA, Human MDA-MB+453 Cells）

全自動ハイスループット電気泳動システム Agilent 4200 TapeStation

より簡単に、迅速に品質確認を行う場合は、Agilent 4200 TapeStation が適しています。ゲル充填済みの ScreenTape を使用し、サンプルのアプライから解析まで最大 96 サンプルを全自動で行います。サンプル数が少ない場合でも、1 サンプルから試薬など無駄なく分析できます。TapeStation では、バイオアナライザの RIN と非常に相関の高い RIN^{e}（RNA Integrity Number equivalent）を RNA の分解度を客観的に評価する指標として算出します。ゲノム DNA の品質確認もでき、CGH マイクロアレイや次世代シーケンスの QC にも活用できます。

サポート　アジレントの充実サポートがあなたの研究をバックアップ

トレーニングコース

マイクロアレイ実験を成功させるための ノウハウを習得できる実習コース

アジレントでは、弊社で長年培ったマイクロアレイ実験の技術、経験やノウハウを盛り込んだトレーニングコースを準備しています。

遺伝子発現操作実習トレーニング
アレイ CGH 操作実習トレーニング
miRNA マイクロアレイ操作実習トレーニング

会場：
東京（アジレント・テクノロジー 本社八王子ラボ）
大阪（大阪大学内ライフサイエンス スクエア）

お申し込み：
https://www.chem-agilent.com/customertr/?cat=17

解析ソフトウェアトレーニングコース

GeneSpring GX の操作とマイクロアレイ解析の基礎知識、また実験結果の生物学的解釈などを学んで頂くコースです。目的やレベルに応じた様々な種類のトレーニングをご用意しています。

GeneSpring GX Q&A セッション	無償	半日
GeneSpring GX Presentation	無償	半日
GeneSpring GX マンツーマントレーニング	無償	2 時間
GeneSpring GX Basic	有償	1 日間
GeneSpring GX Advanced	有償	1 日間
GeneSpring GX miRNA	有償	半日

トミーデジタルバイオロジー株式会社にて実施

お申し込み：
http://www.digital-biology.co.jp/j_workshop

サポートサービス

突然の故障にも迅速に対応。 安心サポートサービス

標準保証終了後も安心してお使いいただけるように、アジレントはサポートサービス（保守）が充実しています。高額な修理費用のリスクを軽減し、迅速な修理対応が受けられます。

DNA マイクロアレイスキャナ
- 修理サポート契約
- 点検

Agilent 2100 バイオアナライザ
- 修理サポート契約
  - 交換修理サポート
  - 代替品付引取り修理サポート

Agilent 4200 TapeStaion
- 修理サポート契約
  - 交換修理サポート
  - 代替品付引取り修理サポート

AriaMx リアルタイム PCR システム
- 修理サポート契約
- 点検

テクニカルサポート

製品※のお問い合わせ

サポート時間：平日 9 時～ 12 時、13 時～ 18 時
電話：0120-477-111
メール：email_japan@agilent.com

※ GeneSpring は下記

GeneSpring のお問い合わせ

サポート時間：平日 10 時～ 17 時
メール：genespring_jp_support@agilent.com
インターネットお問い合わせサイト：
URL https://www.chem-agilent.com/form_earray.php

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
●カストマコンタクトセンタ 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. 2017
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, Aug. 25, 2017
5991-8338JAJP

Agilent Technologies