

サンガーシーケンス解析のサービスタイプ

Pre-Mixed

テンプレートとプライマーを予め混合 / ※ユニバーサルプライマー使用時は テンプレートのみ



Pre-Defined

規定濃度のテンプレートと

プライマーを別々のチューブで

Custom

濃度測定、サンプル調製も弊社 ラボスタッフに全てお任せ

Ready-to-Load

シーケンス反応と精製を行ったサンプルを送付

- 送付いただくサンプルは、乾燥あるいは溶
- 液(必ず20µL以上)のどちらも受付可能 ■ 必ずアルミホイル等で遮光し、常温輸送 (溶液の場合は、保冷剤同梱)

豊富なオプションサービス(追加料金)



■ 未精製PCR産物 (PCR clean-up)



 ダイレクトコロニー
 シーケンス
 (大腸菌クローン/ グリセロールストック)



■特殊プロトコル GC-rich Hairpin 繰り返し配列



■ AAV-ITRシーケンス

テンプレートの種類	ご利用可能なサービス タイプ	説明	特殊プロ トコルの 適用
プラスミド	Pre-Mixed, Pre-Defined, Custom	プラスミドとPCR産物-精製済を同時に注文することが可能です。PCR産	0
PCR産物 – 精製済	Pre-Mixed, Pre-Defined, Custom	物-精製済をご選択いただき、DNAの長さ(bp)を正確にご入力ください。	0
PCR産物 – 未精製	Custom - PCR産物未精製	弊社にてPCR産物の精製を行い、配列解析を実施。追加料金有。	0
Bacterial Colony	Custom – Bacterial template	十唱茜カロニンれとプラフミピの単純(DCA)を行い、 副列級化を実施、逆加料会左	0
グリセロールストック	Custom – Bacterial template	入物函クローンがヴァノスミドの増幅(NGA)を行い、能力所引きた泥。 足加料並有。	0
BAC DNA	Cutom – BAC DNA	BAC DNA専用プロトコルを適用し、配列解析を実施。追加料金有。	×
Ready-to-Load	Ready-to-Load	シーケンス反応済みのサンプルを発送し、Capillary sequencingのみを実施。 ※要精製	×
AAV-ITR シーケンス	Custom-AAV-ITR	ITR領域をアゼンタ独自の技術で配列解析を実施。	×
プライマーウォーキング	Premium Service	お問い合わせください。	

TIPs:オプション(追加料金)の説明

【特殊プロトコルの適用】

Difficult template / GCリッチ / ヘアピン / RNAi

サンプルが配列解析が困難なサンプル(GC rich, Hairpin等)であることが事前にお分かりの場合には、ご注文時に特殊プロトコルから配列解析が困難であ る原因をご選択ください。プロトコルを変更し、配列解析を実施いたします。

【PCR産物の精製】

PCR産物をご提出いただく場合、PCR primerをシーケンス反応開始前に除去する必要があります。サンプルが未精製のPCR産物の場合には、PCR産物-未精 製をご選択いただければ、PCR産物の精製後に配列解析を実施いたします。 サンプルをご発送いただく前にアガロースゲル電気泳動等にて、サンプルの純度ならびに濃度を予めご確認ください。複数のバンドが含まれる場合には解析 結果が不良となる場合があります。弊社では、PCR産物-未精製の配列解析をご注文の場合には、電気泳動の画像の提出をお願いします。

【大腸菌コロニー・グリセロールストック】

ゲノム編集後のジェノタイピングや、ゲノムのメチル化解析、抗体の可変領域の多様度解析、各種ベクターのスクリーニング等に便利! プラスミドベクターを形質転換した大腸菌クローンを対象とした配列解析サービスとなり、大腸菌のクローンを送付いただければ、短時間でプラスミドベク ターの配列解析が可能です。煩雑な大腸菌培養、ミニプレップ、シーケンスサンプルの調整は必要ありません。大腸菌サンプルとプライマーをご発送いただ くのみ!

※カルタヘナ法に準じた遺伝子組換え生物に関する情報提供ならびに、三重梱包による発送が必要となります。詳しくは、03-6628-2950/ DNASeq.JP@azenta.comまでお問い合わせください。

参考価格 一覧

MMM

解析費用

- 提出容器(シングルチューブ、8連チューブ、96 well プレート)にかかわらず、 注文時のサンプル数により価格が決定
- 8連チューブ、96 well プレートのご利用でも、提出サンプル数に制限なし(1サンプル からでも利用可)

半額再解析

- 初回反応時のプロトコルでの解析結果が不良であった場合、注文時の解析単価の 半額の費用で再解析が可能
- 再解析時はテンプレート濃度の希釈、もしくは特殊プロトコルの適用が可能

サービスタイプ	サービス内容-数量(qty)	単位 *1	単価 *2
Dro Mixed	Sanger DNA sequencing	反応	¥683
DNA Sequencing	Sanger DNA sequencing, qty. 48-93	反応	¥420
	Sanger DNA sequencing, qty. 94+	反応	¥368
Dro Dofinad	Pre-Defined DNA sequencing	反応	¥1,050
DNA Sequencing	Pre-Defined DNA sequencing, qty. 48-93	反応	¥840
DIVA Sequencing	Pre-Defined DNA sequencing, qty. 94+	反応	¥630
Custom	Custom DNA sequencing	反応	¥1,575
	Custom DNA sequencing, qty. 48-93	反応	¥1,470
DNA Sequencing	Custom DNA sequencing, qty. 94+	反応	¥1,260
Ready-to-load	Ready-to-load sequencing	反応	¥368
sequencing	Ready-to-load sequencing, qty. 48+	反応	¥263
(追加料金)	Difficult template sequencing, additional	反応	¥473
特殊プロトコル	Difficult template sequencing, additional, qty. 48-93	反応	¥420
適用	Difficult template sequencing, additional, qty. 94+	反応	¥368
	PCR clean-up	サンプル	¥368
(追加科金)	PCR clean-up, qty. 48-93	サンプル	¥315
PUK 生物の有裂	PCR clean-up, qty. 94+	サンプル	¥263
(追加料金)	Rolling circle amplification, additional	サンプル	¥893
大腸菌コロニー・グ	Rolling circle amplification, additional, qty. 48-93	サンプル	¥788
リセロールストック	Rolling circle amplification, additional, qty. 94+	サンプル	¥735
士料市細七	DNA sequencing, half price repeat	反応	注文時の半額
11111111111111111111111111111111111111	DNA sequencing, full price repeat	反応	注文時と同額

1種類のDNAテンプレートと1種類のプライマーの組み合わせを1反応とする。 *1:

*2 : 単価は全て税抜き単価。 *3 : 参考価格は予告なく変更となる場合がございますので、ご了承ください。

価格算出例:

■ Pre-Mixedタイプで特殊プロトコルを用いる場合 Sanger DNA Sequencing +Difficult template sequencing, additional = 683 + 473 = 1,156

サンプル調製ガイドライン

<u>弊社のサンプル調製ガイドラインは、他社のサンプル調製ガイドラインと比べ、プライマーの使用 量が多くなっております。</u>

弊社では読み切りサービスではなく、お得な料金での再解析も提供しております。再解析時には、サンプル量の調製や、 解析プロトコルを変更させていただくケースがあり、場合によりご提出いただいたサンプルを希釈してシーケンス反応 を実施します。そのため、添加・提出いただくプライマー量が多めになっていることをご理解ください。 解析結果が不良となった場合には、トラブルシューティングをさせていただくことも可能ですので、03-6628-2950もし くは、<u>DNASeq.JP@azenta.com</u>までご連絡ください。

サンプル調製は、DNAの種類と長さ(bp)により異なる

DNA Type	DNA Length (include vector)	Template cinc. In 10 μ L	Template Total Mass	Your Primer Total Pricomoles	Premixed Volume (Template + Your Primer)		
	< 6kb 約 50ng/µL 6 - 10kb 約 80ng/µL		約500ng		15µL		
Plasmid			約800ng	25pmol			
	> 10kb	約 100ng/µL	約1000ng				
	< 500bp	約 1ng/µL	約10ng				
Purified	500 - 1000bp 約 2ng/µL 1000 - 2000bp 約 4ng/µL		約20ng				
PCR Products			約40ng	25pmol	15µL		
	2000 - 4000bp 約 6ng/µL		約60ng				
	>4000bp	Treat as Plasmid	Treat as Plasmid				

<u>【Pre-Mixed】をご注文いただく場合</u>

○プライマーを事前に混合していただく場合、 テンプレートDNA + プライマー 25 pmol ⇒ total 15 uL (25 pmolt、5 μ Mのプライマー溶液が5 μ L分に相当します。)

○ Pre-Mixedでユニバーサルプライマーをご利用いただく場合、 テンプレートDNA 10uL DNAテンプレートは、DNAの種類と長さ(bp)により必要

となる量が異なります。

(例) プラスミドDNA:サイズ 5kbp,濃度 100 ng/µLの場合、 プラスミドDNA 5 µL (500 ng) + プライマー 5 µL (25 pmol) + 滅菌水 5 µL

*参考資料 テンプレート量の上限・下限

	サイズ	理想的な量	下限の量	上限の量
	(bp)	(ng/well)	(ng/well)	(ng/well)
_	100-500	2.5	1	10
fied	600-1000	5	3	20
buri	1500	30	10	30
÷	2000	40	12.5	40
onpo	2500	50	17.5	50
Pro	3000	60	20	60
PCR	3500	70	22.5	70
_	> 3500	Pla	ismid として調	整
	1000	100	50	200
	2000	200	100	400
	3000	300	150	600
æ	4000	400	200	800
単A	5000	500	250	1000
Ģ.	6000	600	300	1200
H¢ ا⊀د⊑	7000	700	350	1400
asm 2	8000	800	400	1600
말	9000	900	450	1800
or O	10000	1000	500	2000
ect	11000	1100	550	2200
2	12000	1200	600	2400
	13000	1300	650	2600
	14000	1400	700	2800
	15000	1500	750	3000

ご提出いただくサンプルの品質、濃度は解析結果に大きく影響いたします。 濃度が低い場合には、High BackgroundやNo priming、Poor quality等の解 析結果不良の原因となる場合がございます。また、濃度が高い場合には、 Smear, Spectral-pulled up等の結果となることがございます。また、過剰 な場合にはシーケンス反応の初期にDyeが消費されてしまい、以降のシー ケンス反応分のDyeが不足することから、解析で得られた配列の長さが短 くなることがございます。左の表に、DNAの種類毎、またサイズ毎に、テ ンプレートDNAの必要量(最大、最小)を示しました。本情報は参考情報 となり、解析品質を保証するものではございませんが、参考情報としてご 参照ください。

【Pre-Defined】をご注文いただく場合

テンプレートDNA >10 µL以上

プライマー 5μ Mを > 5μ L以上

ラボスタッフへご連絡ください。

テンプレートとプライマーを別個のチューブにご用意ください。

濃度範囲に制限(Plasmid: 40-100 ng/µL, PCR産物:1-40

き、サイズに応じた濃度に調製をお願いいたします。

ご注文時にテンプレートDNAの濃度をご記入いただく必要があります。

<u>ng/µL</u>) がございます。上記サンプル提出ガイドラインをご参照いただ

【Pre-defined】 【Custom】サービスご利用のお客様のプライマーを弊

社にて保管することも可能です。ご注文時にコメント欄にて保管希望と



ユニバーサルプライマー一覧

<u>弊社のサンガーシーケンス解析サービスでは、プレミックスの場合でもユニバーサルプライマーを</u> <u>ご利用いただくことが可能です。</u>

ユニバーサルプライマーをご利用希望の場合には、ご注文時のプライマー情報記入欄のアゼンタプライマーのプルダウン からご希望のユニバーサルプライマーをご選択ください。なお、お客様のテンプレート配列中にユニバーサルプライマー のプライミングサイトがあるかどうかを確認したい場合には、以下のツールボックスからユニバーサルプライマー検索 ツールをご選択ください。お客様の配列をQueryとしてご入力いただくことで、弊社のユニバーサルプライマーがどの<u>位置</u> にどの<u>向き</u>で結合するのかをご確認いただけます。

<u>ユニバーサルプライマーをご利用の場合のサンプル調製について</u>

テンプレートDNA 10uLを弊社までご発送ください。 ※DNAテンプレートは、DNAの種類と長さ(bp)により必要となる量が異なります。サンプル調製ガイドライン参照(p.3)

ユニバーサルプライマー一覧

マイオーダー	マイプロジェクト	Payment Center/Invo		Updated	Azenta Universal Primers
		r dymene center/inte	Name	Length(nt)	Sequences(5'-3')
O			Τ7	20	TAATACGACTCACTATAGGG
))	(\bigcirc)	T7 Term	19	GCTAGTTATTGCTCAGCGG
(塩基組成, GC含)	/ 最等を表示します)	フーバーサルプライマー検索ツール	Т3	20	ATTAACCCTCACTAAAGGGA
			SP6	19	GATTTAGGTGACACTATAG
CCTGTCGA GTTACGTC AGTACAAG			U6	20	GACTATCATATGCTTACCGT
\square	L/	A CATORAGE	BGHR	18	TAGAAGGCACAGTCGAGG
マイ配列ライブ	「ラリー	Oligo Calculation Tool	M13F	16	GTAAAACGACGGCCAG
D			M13R	17	CAGGAAACAGCTATGAC
genewiz.co	m		M13-40FOR	17	GTTTTCCCAGTCACGAC
			M13-48REV	20	CGGATAACAATTTCACACAG
-ジ			CMV-Forward	21	CGCAAATGGGCGGTAGGCGTG
列ライブラリ	_		5GEX	23	GGGCTGGCAAGCCACGTTTGGTG
師するブラー	イマーやベクターの保存	字や管理	3GEX	23	CCGGGAGCTGCATGTGTCAGAGG
ボックス			pFastBacF	20	GGATTATTCATACCGTCCCA
/最適化、配弦	列解析、ユニバーサルス	プライマー検索ツール等	pFastBacR	20	CAAATGTGGTATGGCTGATT
NT CENTER/I	INVOICES		pBAD Forward	20	ATGCCATAGCATTTTTATCC
)設定・利用	犬況の確認		pBAD Reverse	18	GATTTAATCTGTATCAGG
ェクトの共有			EGFP-C-For	22	CATGGTCCTGCTGGAGTTCGTG
間でのデーク	タ共有・ディスカッショ	32	EGFP-C-REV	17	GTTCAGGGGGAGGTGTG
>			EGFP-N	21	CGTCGCCGTCCAGCTCGACCA
	-		SV40pA-R	20	GAAATTTGTGATGCTATTGC
ロッフホック	×		ATTB1	20	GTTTGTACAAAAAAGCAGGC
アイル			ATTB2	24	CCACTTTGTACAAGAAAGCTGGGT
			ATTL1	24	CGCGTTAACGCTAGCATGGATCTC
IY			ATTL2	20	CATCAGAGATTTTGAGACAC
と請求先情報			ITS1	19	TCCGTAGGTGAACCTGCGG
一儿恐定			ITS4	20	TCCTCCGCTTATTGATATGC
/ WBRAL			PJET1-2F	23	CGACTCACTATAGGGAGAGCGGC
ウト			PJET1-2R	24	AAGAACATCGATTTTCCATGGCAG

納品データの形式

MMM

納品物

ファイルの種類	拡張子	ファイルの内容
配列ファイル	*.seq	FASTA形式となっており、メモ帳等で確認可能。
トレースファイル	*.ab1	波形データ処理済のトレースファイルとなり、生データ、 ベースコール等の情報が含む。
Phd.1 ファイル	*.phd.1	ベースコール順に各塩基の信頼度(QV値)をリストしたもの。 Q=-10log10(エラー率)
QS/CRLのリスト	*.xls	反応毎のデータ品質(QSおよびCRL)が確認可能。

納期

コンパクトボックスをご利用の場合、午前着としてサンプルをお送りください。 サンプルが午前中に到着した場合、原則、サンプル到着日の午後以降順次納品。 サンプルの配送状況や、ご注文サンプルの種類や数量、機器の不具合、 システムアップデートの影響により、納期が遅延する可能性がございます。

サンプルの発送方法

発送方法の選択	2:サンブルの提出/受取**2021/05/06に日本ラボが移転しました。サンブルの発送先にご注意ください!!**							
【サンプルをジーンウィズ/	サンプルの提出 / 受取方法:	サンブルをジーンウィズ/アゼンタ日本ラボに発送	~ ·					
アゼンタ日本ラボに発送】を 選択し、 コンパクトボックスをご利用 いただいて発送ください。	サンガーシーケンス解析は6反応以上で 送料無料。次世代シークエンシングの 送料はお見積書に記載の通り。 Plasmid-EZは送料無料。ただし、追加 提出や再送の場合には、元払いとなり ます。発送時にはOrder Receiptを必ず 同梱ください。:	〒142-0043 Attn: GA 東京都島川区二葉二丁目9番15号 NFパークビルディング 4F 日本 TEL 03-6628-2950						
	このサンプル提出方法を既定として保 存する:	0	Google					

・午前着として、サンプルをオーダーシートと一緒に弊社まで発送してください。
 ・コンパクトボックスをご利用の際には、複数のご注文をおまとめいただいてご発送ください。

			送付	先			配送料について				
アゼンタ サンガー 〒142-00 東京都品 電話番号	?株式会 -シーケ 43 Ⅲ区二葉 :03-662	社 ンス解 ミニ丁目9 28-2950	析サー 9-15	ビス宛 NFパー		1回のご注文の サンプル数 <u>6 サンプル</u> 未満	1回のご注文の サンプル数 <u>6サンプル</u> 以上				
	月	火	水	木	金	±	В		<u>×1×1+1</u>		
受領	0	0	0	0	0	0	Х		お安祥で	教社で	
可能日	午前 8 時 ~ 午後 6 時								や 合 保 で ご 負 担 く だ さ い	毎担いたします	
解析 作業	0	0	0	0	0	0	x	(元払い)	(着払い)		

MMM CLIMS オンライン注文システム ご注文の流れ



自動通知メールは特定のユーザーへCC:として発送することが可能です。 発送設定をご希望のお客様は、以下の情報を<u>DNASeg JP@azenta.com</u>までご連絡ください。

・CC先メールアドレス ・CC希望のメールの種類 注文確定時、サンプル受領時、データ納品時

CLIMS オンライン注文システム ご注文方法(マイページ)



0.

ご注文方法のご案内



1.

プラスミドの場合



PCR産物-精製済の場合



2-1.

		_	-						赤字 :入力 必須項
			1	2	3	4	5	6	\overline{O}
			DHAE (1782897)	●Bić Dp) *	EDR (nytje)	<i>₹4354₹~</i> 0 8	Library Annua/GD404272-17-OSelection.30 (696701-36 © ©	182948-957A86648282 0 0
1	A(1	1	Example	mc.4000-6000	6(50	ection Primer Name	8077	exHaitpin	
							•	*	
	042	2		*			*	*	
	013	2					+	*	
	014						•	*	
	045	5		*			+	*	
	955	6					+	*	
		7					+	*	
							+		

入力必須項目

濃度情報は、Pre-Definedサービスの場合のみ入力必須となります。

0. テンプレートの種類をご選択ください。

プレミックス (Pre-Mixed)の場合は、プラスミドもし くはPCR産物 – 精製済を選択。

プレミックスをご利用の場合、**プラスミドとPCR産物** - **精製済を混ぜてご注文いただくことも可能**です。こ の場合、**プラスミド**をご選択ください。

詳しくはサービスタイプの説明と参考価格一覧 (p.1-2)参照。

1. 基本情報をご入力ください。

サービスの種類(入力必須) サービスの種類をご選択ください。タイプの説明と参 考価格一覧 (p.1-2)参照。

サンプルの数(入力必須)

※解析対象となるサンプルの数をご入力ください。 DNAテンプレートとプライマーの組み合せの数(反応 数)となります。ご入力いただいた数量に基づき、サ ンプル情報の入力フォームが生成されます。

注文名(任意入力)

マイオーダー画面では注文名をもとに検索を行うこと ができます。

注文に関するコメント(任意入力) お問い合せ/ご注文内容等について弊社スタッフへの 連絡事項がございましたら、ご入力ください。

プロモーションコード / クーポンコード

利用可能なコードがある場合にご入力/ご選択ください。なお、プロモーションおよびクーポンコードを 併用することは出来ません。プロモーションコードに 関するエラー等が表示される場合には、ご注文の確定 前に弊社(03-6628-2950)までお問い合わせください。

アゼンタが保管中のサンプル(任意入力)

サンプルが弊社ラボに既に保管中の場合には、こちら のチェックボックスをONにしていただき、該当する サンプルが含まれていたご注文番号 / 追跡番号 / Tracking#をご記載ください。 サンプル名およびプライマー名は、以前のご注文と対 応するようにご注意ください。対応が取れない場合に は、ご連絡をさせていただく場合がございます。

2-1. サンプル情報の入力

(1)サンプル名(入力必須)

プラスミド名等のサンプル名をご記入ください。 半角英数およびハイフン(-)、アンダーバー(_)、 シャープ(#)のみご記入いただけます。スペースは入 力付不可。

②ターゲットの長さ (bp) (入力必須) プラスミド全長の長さ / PCR産物の長さをご選択ください。

3濃度 (ng/uL) (Pre-Defiendサービスの場合のみ)

以下の濃度範囲でテンプレートDNAを調製いただき、 濃度をご記入ください。 プラスミド:40 ~ 100 ng/uL PCR産物:1~40 ng/uL





特殊プロトコル Difficult template / GC-rich / Hair-pin / RNAi

2-2.

サンプル情報入力フォームは、エクセルのようにコピー&ペースト に対応しております。また、ヘッダー部分に記載のある以下のボタ ンをご活用ください。



2-2. サンプル情報の記入

プライマー情報につきましては、④もしくは⑤のい ずれかのプライマー情報の入力が必須となります。

④マイプライマー(入力必須)

お客様が保有する任意のプライマー名をご入力くだ さい。

⑤Azentaプライマー (ユニバーサルプライマー) (入力必須)

弊社のユニバーサルプライマーをプルダウンリスト よりご選択ください。

6特殊プロトコル(任意入力、追加料金有)

配列解析が困難と予想される配列が含まれている際 に、プルダウンメニューから以下の項目のいずれか をご選択ください。配列解析結果が不良だが、その 原因が不明な場合はDifficult templateをご選択く ださい。本項目をご選択いただいた場合、通常のプ ロトコルではなく、異なるプロトコルを適用した解 析を実施いたします。

⑦特記事項

任意の情報記入欄となります。サンプルの容量や濃 度等が弊社のサンプル提出ガイドラインに沿うこと ができない場合等はその旨ご記載ください(例1参 照)。また、以前にご発送いただいさサンプルをテ ンプレートとしてご利用になる場合は、前回ご注文 時のTracking No.ならびにサンプル番号を併せてご 入力くださいますようお願いしております(例 2参 照)。

例1:サンプル量不足のため、ガイドラインの半量 例2:提出済 Tracking# 60-1234567 / sample# 77

3. 『保存して確認』をクリックしてください。

4. お見積り内容をご確認ください。

ご入力内容に基づき、解析料金の概算が表示されます。 注文内容を編集する サンプル情報の再編集 **見積りをPDF表示** 簡易見積り書の表示 支払い、提出/受取情報の確認 ご注文確定画面へ。

5.該当する注文を選択ください。

ショッピングカート内に複数の注文が存在した場合、 目的の追跡番号に ✓ を入れててください。 合計項目に注文数がと価格の合計が表示されます。

6.ご注文確定画面にお進みください。

画面右下の紫色のボタン『注文確定へ』をクリック してください。





14. p: p	1 1												14
		サンプル受領	通知: 注文書	号 60-1004936434									
<complex-block></complex-block>	14.	D Azen 市市	a <dnaseq.j /GENEWIZ - Bel</dnaseq.j 	P@Azenta.com> aTextList									~
UTC: 200 ***/04 ******************************		DEMO JARAN	デモ用様										ゝ
Price Har University Har Unitersity Har University Har University Har University Har Universit		以下のご注う	のサンブルをぎ	楽したことをお知らせいたします。		_							
Unit		サービス品目	++UH=0-7	ン2.前初		_							
Understand State State State Understand State State State		サービスの務	刺:サンガーシー	ケンス期町 - Pre-Mixed		_							
11 Unit unit unit unit unit unit unit unit u		注文名:				_							-
Image: The state of the st		注.2(留书:60	1004936434										
L Crew darker, Law Lee, Law		こ注文の通知	11, 2392 240	「注文戦策」ページで確認できます	1 https://clims4usuat.genewiz.com								-
1.1.1.1.1.1.1.1.1.1.1.1.1.1.1.1.1.1.1.		こ資料やこれ	初2点かこさい	Eしたら、お気軽にお問い合わせく	7680.	_							
Image: State State State State Topologic State State Image: State State State State Topologic State State Image: State State State State State State Topologic State St		Azerkaをご選	訊いただぎまして	ありがとうございます。		_							*
11.000 Market State Stat		DNAシーケン	CfI Azərba Jap 1.解析サービス (in Corp. langer Siequericing)		_							1.
The second se		〒142-0043 3 NFバークビル	原都品川区二算 チィング 4F	二丁日9世15号		_						1	-
1.1.1.1.1.1.1.1.1.1.1.1.1.1.1.1.1.1.1.		TEL:03-0628- E-mail:DNAS	2950 FAX : 03-6 g JP/RAzenta.com	128-2951		_							
Verder VCDU201 Parent Canada Sub C		URL: www.ce	NEWIZ.com/ja-IP	-		_							
VC/02/01 Paymer Construints P-Adir02 ************************************		An Azerka Life	Sciences Compar	4						/	1		
V(1-9- V(2021) Partice Constructions PCall Image: Construction of the Con													
No. NO.0000 State M	マイオーター	マイプロジェ	:015	Payment Center/Invoic	×5 ツールボックン	L							
Прини прини 1000000000000000000000000000000000000	秋奈	検索フィル	ターを表示する				実売 林田の長	1. 12800	8 doua-r 10		220-F		
Image: Instance (1) Image:	-	la estator	lute			Lu da atte	Intel Intelling	and the state of the		and the second s			
Deterministic Determi	1	EDVICE	11X2	100270	名 サービス部目・ ・ ・	11-E-X00400	100.0	Qty	199939-	7/2-22			
Distance	2024/02/04 12:00		22.56		**************************************	7572K	4 19204	• 08	11XA7-9A	PO945			
15. Brusskowskie fersuurie	2024/06/28 16:37	0 60-1004922103	注文履歴の検索	特に利用出来る項目	サンガーシーケンス細	PCREIR-RELA	4.8	8	サンプルの醸出得ち	注文概要を表示	÷ ÷		
15. D *** SMACRES SIGN PM GEREVIZ-ONDAScall*@genewiz.com> GEREVIZ-ONDAScall*@genewiz.com>											_		
15. B ***********************************													
15. D ^{the SAGCESS 13.19 PM} GEREUX - ONAScall®@genewiz.com> GEREUX - STARTE TANKLOADS - 64-20171144													
15. D Thu SAU2019 1039 MA GENEVUZ - ONAScipt@genewiz.com> geneviz.com>													
15. Bry Sakozys 1819 PM GENERAL CANAScyl Pogenewiz.com> GENERAL CANAScyl Pogenewiz.com>													
15. Dry social 1939 PM General Zona SegiP@generalZcom> 7-James Zona SegiP@generalZcom>													
15. B ***********************************													
Lり. CENEWIZ-CONASeqUP@genewiz.com> デー海研究TchMaoAsayDE 40-22017044	1 Г		nu 5/16/2019 1	3:19 PM									10
上 🗸 - デー/嫌析売7と内局のあからせ 60-22017864	15	D	ENEWIZ <	NASeqJP@genewiz.co	om>								т і
	±0.		一分解析完了	と納品のお知らせ 60-229073	654				\sim				

JP 様					
ご注文の解析が完了し、下記の計	通り、納	品させ	せていただきまし	te.	
お客種情報					
名前: 1P					
お電話番号:+81-48-483-4980					
PIの方のお名前: JP					
所属機関名:日本ジーンウィズ株	式会社				
電子メール: @genewiz.com					
納品および価格情報					
注文日:05/15/2019					
納品日:05/16/2019					
サービスの種類: サンガーシーケ	シス解	狩 - Pre	-Mixed		
注文管号: 60-229873664					
注文名:					
$B0(2+1) = -5 \pm 4$	ログイ:	ルて	いただき、ダウ	ンロードをよろしくお月	願いいたし ます。
#HUJEJJJI F(GENEWIZ)より 結果の振器	_	CRL	失敗の原因	modified repeat	unmodified repeat
新生りまうのう「(<u>Genewe</u>)よう 結果の複要 DNAファイルの表示、	QS				
サロフェフライト(<u>SEMEWU</u>)より 結果の概要 DNAファイルの表示、 DQC 1 Mine	QS 55	979			
#11フェッフィー(LENEWE)はッ 結果の機要 DNAファイルの表示。 DOC 1 Mine DOC 2 Mine	QS 55 55	979 979			
新生りエンティー(<u>LENEWE</u>)より 結果の振要 DNAファイルの表示、 DOC 1 Mine DOC 2 Mine DOC 3 Mine	QS 55 55 55	979 979 979			

16.

		マイプロジェ	215 Payma	ent Center/Invoices	ツールボックス					
8	Ŕ	検索フィル	ターを表示する				NES	1. 私歌の表示 注文書の作家	9520-F 7093	-1-1-1-1-1-1-1-1-1-1-1-1-1-1-1-1-1-1-1
Ŧ		追訪明号	注文系	プロジェクト名	サービス届日。	サービスの絶知	1	優先度 Qty	70545	
	ご住文内容の入力日時。	XIMMET 0			サービス品目 (サービスの私	¢ in	包元店 \$ Qty	i±文ステ−9ス	705a) 🕴 🕴
	2024/07/01 13:30	60-1004936434			サンガーシーケンス解析	プラスミド		標準 4	第7	結果を起水する
	2024/06/28 16:37	60-1004922103	注文限歴の検索特に利用出来る	018	サンガーシーケンス解析	PCR章他-杨章的	ă.	5 ¥3	サンプルの建設待ち	注文概要を表示

14. サンプル受領通知をお送りします。

サンプルを受領しましたら、『サンプル受領 通知』をメールにて送信します。

マイオーダーのステータスが"サンプルの提出待 ち"から"受領"へアップデートされます。なお、解 析作業が開始されると、"受領"から"処理中"へと アップデートされます。

15. データ納品完了通知をお送りします。



解析作業が完了し、データがお客様アカウン ト内へ納品しましたら、『データアップロー ド完了のお知らせ』をメールにて送信します。

本メールには、ご注文番号ならびに結果をダウン ロード可能な注文概要ページへのリンクがふくまれ ております。

16. ステータスが完了すると結果を参照できます。

マイオーダーのステータスが"完了"となり、解析結 果の閲覧とダウンロードが可能となります。 また、紫色の"結果を表示する"をクリックしていた だくことで、解析結果表示画面を表示することがで きます。



17. 弊社ウェブサイトヘログイン。

アゼンタ株式会社HP:https://www.azenta.com/ja-JP

画面左上のログインボタンをクリックしていただき、 お客様のアカウントにログインをお願いいたします。

ご登録いただいたメールアドレス、ご登録もしくは通 知されたパスワード(パスワードをお忘れの方は、 DNASeq.JP@azenta.comまでご連絡ください。ご登録 いただいたメールアドレスが必要となります。)

18. ログイン後、マイオーダーを確認

データ納品完了のメールが通知されたご注文は、ご注 文のステータスが"完了"となり、アクション欄に表示 されるボタンが"結果の表示"に変わります。

ステータス	説明
ち書す	ご注文の内容が入力途中てドラフト状態となります。右側に表示され る <mark>"下書きの完了</mark> "ボタンを押していただくと、ご注文内容の入力が再 開できます。
注文準備完了	ご注文の内容の入力が正常に完了し、「保存して次へ進き"ボタンを押 して、見積もり金額が提示済みとなっている状態で、注文の提出は完 了しておりません。右側に表示される"文仏い情報。提出受望的報報の 確認。ボタンを押していただき、ご注文の提出プロセスへお進みください。
サンプル待ち	ご注文の提出が正常に完了し、サンプルの到着をお待ちしている状態。 サンプルをOrderReceiptと一緒にご発送ください。右側に表示される。 「マの面覆、ポタンを押していただくと、当該ご注文の詳細を確認する ことが出来ます。
処理中	お客様のサンブルが弊社に到着し、舒新作業を実施している状態とな ります。右側に表示される <mark>は文の感要</mark> "ボタンを押していただくと、 当該ご注文の詳細を確認することが出来ます。
完了	解析作業ならびにデータのQCが完了し、解析結果をご確認いただける 状態となります。右側に表示される <mark>簡単の表示</mark> ボタンを押していた だくことで、解析データの表示ならびにダウンロード画面を表示させ ることが出来ます。

19."結果の表示"をクリック

結果の表示をクリックして、結果確認画面へ

20. 解析結果の確認

こちらの画面にて、解析結果の確認ならびにダウン ロードが可能です。

#	項目	説明
1	Reaction / チューブ	ご登録のメールアドレスの2文字+サンプル番号が表示。
2	サンプル	ご注文時に入力していただいたDNA名およびプライマー名 がハイフン"-"で接続された名称が表示。
3	QS (Quality score)	QSはベースコールの信頼度を表す数値であり、QS=40の場 合、コールされた塩基の正確性が99.99%であることを示し ます。値か高いほど、得られたデータの信頼性が高いと考 えられます。データQG時のThresheddiaOS:40であり、QS< 40の場合には失敗の原因を参考情報として表示。
4	CRL (Continuous Read Length)	CRLは一定範囲のスライディング枠を用いて、平均QVを20と なる中断のない最長セグメント塩基数として定義していま す。データQ付時のThresholdIZ在E.3000であり、CRL<500の 場合には失敗の原因を参考情報として表示。
5	失敗の原因	データQCのThresholdを満たせず、品質不良と判定された場 合に、得られた波形データからもっとも可能性の高い失敗 の原因をテクニカルサポートがアサインルにします。 失敗と判定されたサンブルについては、後述する無料の再 解析や半額の再解析の対象となります。 表示がない場合は、データQCをバスしたサンブルとなりま す。パスしたサンブルの再解析は、初回と同類の費用での 再解析となります。
6 7 8	データのダウン ロード	解析データのダウンロードや閲覧に関するメニュー。
(9) (10)	再解析	再解析のリクエストに関するメニュー。

/ サンガーシーケンス解析の注文結果	ご住文内容にご実足いただけま	したか?	無料リビートの接致	4
ファイルの種類を	19992	Multifasta 🖾 QS/CRL	1000円100円数 ダウンロード	4
2015済みのサンプル結果 ■ Jelect all nactions (original and repeats) ● 点野書 90-1905/100 注記:全てのサンガーシーケンス解析データに ド不可となりますので、都度のダウンロード	よ2年間ダウンロードが可能 をお願いいたします。	です。保管期間が	2年を超えたご注文	についてはダウンロー
1 4 4778 050	01.0 3B0/8B	Plass rever	our Sample Storage Policy , to s	e if your samples are still available
0 004 04 4 002254413#02C_4413# 54 0 004 04 4 002254413#02C_4413# 54 0 004 04 04 041 54	000 0000000000000000000000000000000000	31 31 31 31 31 31 31 31	amurceen amurceen amurceen amurceen 222	• • •
ダウンロード対象のファ <mark>ダウンロード</mark> ボタンをク	イルの種類と、サ リック。	+ンプルの〕	選択が完了し	たら、
配列ファイル 土 💽	типе, до2М.2.7, 201 до никованализирани пракоролого сос полнанализирани пракоролого сос соситствованскоскован содиналися налостити пракороди пракороди соситствованскоскован содиналися соситствованскоскованствованскости соситствованскоскованство соситствованскоскованство пракороди пракороди пракороди налости пракороди налости налости пракороди налости прак	титофланалариан праводалиторания нарабораторания нарабораторания нарабораторания соправодалиторания изосторативности изосторативности изостораномиторания изостораномиторания нараборания нараборани нараборания нараборания нарабора	IGAGCTGOTTAGTGAACCOTCAGAT CRAECTCOGGACTCTAGAGGTTAAA SATETAGGACACTTTAAAACGAA GAGGCCTCCGGACACTTAGAA GAGGCCTCCCCCCCCCTTGAG GAGGCCTCCCCCCCCCC	> 00000 CT C C A A A A A A A A A A A A A A A A
トレースファイル				Cose
Fin Est Seath Mag]		
The first least the Carl View Carl	70	80	90	100

波形データ (*.ab1ファイル)解析ソフト一覧

https://www.genewiz.com/en/Public/Resources/Tools-for-Viewing-Sequencing-Data

TOOLS FOR VIEWING SANGER SEQUENCING DATA

Sequence / Chromatogram Viewing Software

A number of free software programs are available for viewing prace or chromatogram files. Click on the appropriate (con(s) to go to the respective web page. You will find information about downbacking, installing and using the software. Rease make your oblick based on your computer platform and operading system. Sanger Deta Analysis

		-					
		Trace File Viewer	Multiple Sequence Alignment & Contig Assembly				in- browsei
4Peaks	Free	~		-	Ś	-	
Sequence Scanner	Free	×			•	-	•
Chromas Lite	Free	~			•		•
SnapGene Viewer	Free	~			Ś	۵	
GeneStudio Pro	Free	×	×		•	-	÷
UGENE	Free	~	×		Ś	۵	
Chromaseq	Free	~	×		Ś	۵	•
BioLign (Note: See bottom half of page for description and download link)	Free	-	~		•	-	-
CAP3 (Note: Only for contig assembly of sequences in FASTA format)	Free	-	~	-	•	-	~
Geneious	Paid	~	×		Ś	۵	
SeqMan Pro	Paid	~	×		Ś	-	
Sequencher	Paid	~	×		Ś	-	
Vector NTI Express	Paid	~	×		Ś		
Chromas Pro	Paid	~	×		•	-	•
CodonCode Aligner	Paid	×	×		Ś	-	•
DNA Baser	Paid	~	×				-

21. データの一括ダウンロード

ダウンロードをご希望のファイルの種類のチェック ボックスをONにします。

ファイル	説明
*.seq	FASTA形式の配列データとなっており、メモ帳等で 確認可能。
*.ab1	波形データ処理済のトレースファイル。生データ、 ベースコール等の情報が含む。
*.phd.1	ベースコール順に各塩基の信頼度(QV値)をリスト したもの。メモ帳等で確認可能。 Q=-10log10(エラー率)
QS/CRL	サンプル毎のデータ品質(QSおよびCRL)が確認可能 なエクセルファイル。

左のチェックボックスのON/OFFにより、ダウン ロードするサンプルを選択することができます。

22. データの個別ダウンロードと結果の表示

配列ファイルや波形データは、**左のダウンロードボタ** ンをクリックしていただくことで、個別のダウンロー ドも可能です。

右のブラウザで確認ボタンをクリックしていただくこ とで、ブラウザから波形データを確認することが可能 です。



アゼンタの再解析ポリシー

サンプルの再提出不要

解析結果が不良と判定された場合には、失敗の原因がアサインされます。

CIIZARACCRAVENDELOS? BIU/C-FOOR 4 Directaria Directaria 4 1 Directaria 0 (Directaria 1 Directaria 0 (Directaria 1 Directaria 0 (Directaria
27/1/ARREN _ An _ Dat _ Data _
BIN-60727-0182 Back and United at Instein
Reference well Harden well Reference well
least 500 bp 外社QCシステムによる自動 カルサポートの2重体制で、 対

【再解析ポリシー】

*本妻解析サービスは、配列解析の保証をするものではございません。

- ✓ サンプルの解析結果が失敗と判定された場合(失敗の原因がアサインされている場合)にリクエスト可能。 ✔ 再解析のリクエストは、データ納品から5日以内。
- ✓ 初回解析の半額の料金で、解析条件を変更して、シーケンス反応から再度解析作業をリクエスト可能。 ①テンプレートDNAの希釈することができる。

②シーケンス反応を変更し、特殊プロトコルを適用することができる。

✓ 無料の再解析:ご注文時のサンプル数に応じて、無料の再解析クーポンを提供。無料の再解析の場合、解析プ ロトコルの変更はできない。

オーダー時の反応数	無料解析の数
1 - 16	4
17 – 47	6
48 +	8

✓ 解析結果が弊社の定める基準をクリアした場合(失敗の原因のアサイン無し)、半額/無料の再解析は適用不 可。再解析を希望の場合は、初回と同プロトコルとなり、ご注文時と同価格となる。また、プロトコルの 変更やテンプレート濃度の調整を希望する場合は、新規ご注文となる。

再解析の例:ピークが特定の領域を境に急激に減衰し、配列が得られなかった。通常プロトコル ではなく、特殊プロトコルを適用した再解析 (1/2 price Alt. Repeat) をリクエスト。

RNA template sequencing - standard protocol	shRNA template sequencing - GENEWIZ proprietary protocol
ATAAGTCAAAAACGGCCCCCGGACCATATTTNNNNNNNNNN	ATAAGTCAAAAACGGCCCCGGACCATATTTATTGCATGACTGCTGCAGCAGTCATGCAA 120 130 140 150 180 170
特殊プロトコルの適田前	特殊プロトコルの適用後



再解析のリクエスト方法

データ納品後5日以内であれば、解析結果の確認画面からリクエストすることが可能です。

							両編明のご注文	ークンシングの靴
					Plea	ase review our Sample Storage Policy	, to see if your samp	les are still avai
qs 🕐	CRL 😨	失敗の原因	配列ファイル	トレースファイ	Phd.1 File	両解析の選択	サンプ	ルステータス
16	30	Poor Quality	4 15	4 10	4 10	温沢してください」 ▼		
11	1	No Priming	4 10	4 10	4.15	選択してください		
8	11	No Priming	4.15	4 10	4 15	Free Repeat 1/2 Price Repeat		
11	1	No Priming	4 10	4 10	4 15	1/2 Price Diluted		
11	1	No Priming	4 15	4 15	4 10	1/2 Price with Alt. Repeat		
11	1	No Priming	4 15	A 10	4 10	道択してください ・		
54	924		4.15	A 10	4 15	選択してください ・		

失敗と判定されたサンプルのリピートカラムから、ご希望の再解析メニューをご選択ください。

選択してください…	
Free Repeat	
1/2 Price Repeat	
1/2 Price Diluted	
1/2 Price with Alt. Repeat	

- Free Repeat
 -初回プロトコルと同一プロトコル 無料でサイクルシーケンス反応から再解析
- ・1/2 Price Repeat -初回プロトコルと同一プロトコル 半額でサイクルシーケンス反応から再解析
- ・1/2 Price Diluted
 -テンプレート濃度を希釈・初回プロトコルと同一プロトコル
 半額でサイクルシーケンス反応から再解析:Smearや
 High Backgroundに有効
- ・1/2 Price with Alt. Repeat
 -難読配列に有効な特殊プロトコルを適用
 半額でサイクルシーケンス反応から再解析: Early Terminationや
 Homopolymeric Repetitive Regionに有効

ご希望のリピートの種類をご選択いただいた後に、結果一覧右上の"再解析のご注文"ボタンをク リックしていただくことで、再解析のご注文が可能です。なお、半額の再解析の場合には、解析費 用が発生するため、お見積もり金額の確認~ご注文確定処理(Order Receiptが発行されるまで) をしていただく必要がございます。生成されるOrder Receiptの提出の必要はございません。 また、弊社ではシーケンス反応2回分のサンプルをご提出いただいておりますため、サンプルの再 提出の必要はございません。

再解析のリクエストが提出された場合、対応するサンプルステータスには"リピート済み" とサンプルステータス欄に表示されます。



Azenta Technical Support Team

アゼンタでは、Ph.D.レベルのテクニカルサポートチームが全てのお 客様をサポートしております。お客様の解析結果判定時、これまでの 解析実績やトラブルシューティングの目的で、お客様に割り当てられ た無料の再解析クーポンを利用し再解析を実施させていただく場合が ございます。

また、解析結果に関するご相談、再解析に関するご相談も受け付けて おります。下記までお気軽にお問い合わせください。 サンガーシーケンス解析 テクニカルサポート 電話番号:03-6628-2950 電子メール:DNASeq.JP@azenta.com

M

失敗の種類と有効な再解析メニュー

解析結果の品質は、ご提出いただくサンプルの品質に大きく依存いたします。しかしながら、 失敗の原因の種類によっては、再解析により結果が改善することが期待できる場合もあるた め、以下の表を参考に再解析をご検討ください。

失敗の種類	アゼンタの定義	再解析
Poor Quality Por GMU/17/-TYPE 1 Service is speed to be address of the state address of the	シーケンス反応が不十分であったことに起因する失敗 であり、500bpよりも手前でメインとバックのシグナル 強度の見分けが困難となり、ベースコールの信頼性が 低下。	
No Priming Normana Memory and starting Memory an	シーケンス反応産物が少ない、もしくはほとんど確認 できない場合。No Primingと判定されたサンプルの波 形データの信頼性は低い。非常に低いシグナル強度の 場合、解析プログラムのnormalizing/rescalingの過程 でスペクトルの引き上げを行うが、この処理により本 来のシグナルとノイズ(シグナル強度 20-30)の区別 が困難となる。	テンプレートDNAやプラ イマーの問題である可能 性が高い。
Non-specific	シグナル強度は十分であるが、オーバーラップするサ ブピークが見られる。サブピークが確認される場合は、 シーケンス反応産物がヘテロであることを示す。Non- specificとHigh Backgroundの結果は判別が難しく、メ インとサブピークのシグナル強度が同程度の場合に、 Non-specificと判定されることがある。	濃度およびプライマーの 配列、純度、濃度等をご 確認ください。
High Background	メインピーク以外にBackgroundシグナルが認められる 場合。このBackgroundシグナルによってベースコール の信頼性が低下。Backgroundのシグナル強度が高い場 合には、Non-specificと判定されることがある。	
Smear	ピークの形状がbroadであることが特徴であり、電気泳 動の解像度が低い場合となります。	テンプレートの希釈 ½ Price diluted repeat
Spectral Pull-up SMCTMA, Pill-0 ² Card Again and Small And Small A	シグナル強度が非常に高い場合に確認されることが多 く、Tピークの下にCとAのピークが観察されることが 多い。配列解析で用いられる蛍光色素は蛍光スペクト ルにオーバーラップがあるため、この蛍光の漏れがCと Aのピークとして検出されてしまうことが原因。	テンプレートの希釈 ½ Price diluted repeat
Early Termination	スタートから特定の領域まで十分なシグナル強度が得 られているが、特定の領域からシグナル強度が急激に 減衰している場合。	プロトコル変更 ½ Price with Alt. repeat
Homopolymeric or Repetitive Region	Homopolymeric (e.g. AAAAAA)、2つもしくはそれ以上 の塩基の繰り返し (e.g. GTGTGT, CATCATCAT)のタン デムリピートの下流の領域で確認される。Non- Specificのような複数のオーバーラップピークが認めら れることが多い。また、メインピークと数塩基ずれて サブピークが確認される場合もある。	プロトコル変更 ½ Price with Alt. repeat

₩₩₩ 補足資料:ご注文情報の入力(エクセルシート)

ホーム画面右の【ダウンロード/アップロード】にカーソルを合わせ、テンプレートの ダウンロードからダウンロードしてください。 ご記入済みファイルのアップロードも同様にカーソルを合わせ、アップロードを行って ください。 ▶ ダウンロード / アップロード この ホーム / サンガーシーケンス解析 / PCR産物-精製済 DNAの種類* PCR産物-精製済 🕜 注文名 $(\mathbf{ })$ サンプル提出力・ サービスの
 授類* Pre-Mixed ☑ 注文に関するコメント ⑦ サービス優先度[★]
 ◎ 標準 諸製に用いた方法*
 選択してください Special ID 適用 Excelのアップロード ❷ サンプルの数★ プロモーションコード クーポンコード **x** -Azentaが保管中のサンプル ※日本語版のテンプレートが利用いただけます。 ご希望の方はDNASeg.JP@azenta.comまで お問い合わせください。 エクセルシートからのデータアップロードも可能 ※サンプル数が多い時などにご活用ください。 Pre-Mixedの場合は、以下の3つが必須項目 > テンプレート:DNA name / Length (bp) / Primer name / 空ウェルの指 DNA name, Length (bp), Primer name 定 C D E G в 1 Excel Form Version 2 Is Empty : 該当 Well (H) Well (V) Is Empt DNA N Length (bp) icult Template Difficult Template A01 A01 DNA1 MyPrimer1 501-1000 するウェルにサ ンプルが無い場 A02 B01 DNA2 1001-2000 MyPrimer2 GC-rich A03 C01 DNA3 2001-4000 RNAi 3 ATTL DNA4 合、解析が必要 5 ご記入いたたく際には、半角の英 A04 D01 8001-10000 BGHE 6 7 のみ友ご利 A05 E01 DNA5 >10001 ない場合は、フ 数字とアンダーバー(_)のみをご利
 7 用くたさい。特殊文字およびスペ
 8 ースはご利用いたたけません。 5 EGFP-C-FOR EGFP-C-FOR EGFP-C-REV EGFP-N Yes ルダウンよ A07 G01 DNA6 <501 501-1000 り"Yes"をご選 択ください。 A08 H01 GC-rich 9 システムへのアップロード前に子 10 めサービスタイプをご選択くたさ 8 ITSI A09 A02 1001-2000 2001-4000 4001-6000 6001-8000 8001-10000 >10001 11 U. 12 PreMixed : RNAi Difficult Template A10 B02 アップロード時 に該当するウェ ルが除外されま Hairpir A11 C02 PreDefined 13 A12 D02 Custom 14 B01 E02 Hairpir お客様のご利用に応じて、列を追加し
 ていただくことが可能です。追加とな
 った列の情報はシステムへアップロー B02 F02 B03 G02 17 B04 H02 ドされません。 18 B05 A03 B06 B03 希望の特殊プ B07 C03 ロトコルをご 選択ください B08 D03 行を選択していただき Length (bp): 解析対象の Primer: ユニバーサルプラ DNAの長さを<u>プルダウン</u> <u>からご選択</u>ください。 プラスミドの場合は、解析 対象領域の長さではなく、 イマーをご希望の場合は、 <u>プルダウンからご選択くだ</u> さい。 直接入力されたプライマー 全長の長さをご選択くださ は、お客様が混合/提供す るプライマーとして認識さ れます。

※スペース、特殊記号、全角文字はご入力いただけません。# (シャープ), - (ハイフン), _ (アンダースコア)はご利用可能です 。

ユニバーサルプライマー / マイプライマーの指定

エクセルシートのアップロード後に表示される以下の"Primer Source"より、Universal Primer/ マイプライマーを 適宜ご選択ください。プライマー名がAzenta Universal Primerと同一のテキストである場合、システムは Universal Primerとマイプライマーの区別ができませんので、ご注意ください。



補足資料:サンプルレイアウトの確認(Vertical_↓ / Horizontal_→)



弊社システムではウェルIDが、A1, B1, C1, ・・・H12となる縦向き(Vertical)がデフォルトとなりま す。横向き(Horizontal)でサンプル情報を入力する場合には、ご注意ください。Order Receiptに準じ たサンプルレイアウトにて作業が実施されます。Order Receiptと実際のサンプルレイアウトが一致 していることを発送前に必ず確認してください。

MMM

補足資料:サンプルレイアウト(空ウェルの指定)

・空ウェルはレイアウトのご都合に合わせてご活用ください。 ・96ウェル全てをご利用いただいて構いません。



弊社システムではサンプルの無いウェルは、ご注文時に除外することができます。また、解析費用は、 サンプル数 × 単価となりますので、空ウェルがある場合は必ず指定してください。なお、Plate Viewの 場合のみ指定が可能です。Order Receiptに準じたサンプルレイアウトにて作業が実施されます。Order Receiptと実際のサンプルレイアウトが一致していることを発送前に必ず確認してください。

M

オンラインツールのご紹介

	ホーム / ツールボック	ス		
QC JP QCJP@genewiz.com	マイオーダー	マイプロジェクト	Payment Center/Invoices	ツールボックス
マイページ				
マイ配列ライブラリー よく使用するプライマーやベクターの保存や管理 12	配列解析(塩基組成、GC含)	/ 量等を表示します) ユ:	ニバーサルブライマー検索ツール	Codon Optimization
* ソールボックス コドン最適化、配列解析、ユニバーサルプライマー検索ツール等	CCTGTCGA GTTACGTC AGTACAAG		A CT CGA	hidd
PAYMENT CENTER/INVOICES 予算の設定・利用状況の確認	マイ配列ライブ	ラリー	Oligo Calculation Tool	Sequence Assembly
・ プロジェクトの共有 研究員間でのデータ共有・ディスカッション	配列解析ツール ご入力いただい1	こ配列の塩基組成、	GC含量、重複配列の解析	斤をすることができます。
	ご依頼配列が合同	(困難かどうかの参)	考にご利用ください。	
マイドロップボックス	ユニバーサルプラ	ライマー検索ツール		» II. · _ ° = . / / » ·
プロファイル	サンガーシーケン 客様の配列中に含	ィス解析サービスて 含まれているかを検	*こ利用いただけるユニノ 食索することができます。	ヾーサルフライマーがお また、プライマーの方
SECURITY	向性(sense/anti	-sense)もご確認い	ただけます。	
発送先と請求先情報	コドン最適化ツ-	ール (Codon Optimiz	zation)	
- 通知メール設定	ご入力いただい	に配列について、ご	利用予定のホストに対し	レてコドンの最適化が可
_ ログアウト	能です。			
CDECIALITY ODDEDÍNIC	オロゴロNIA留たい	$y = u_{\rm c}$ (Oligo Colou	lation Tool)	

オリゴDNA解析ツール (Oligo Calculation Tool) ナリゴDNAの両辺れ、バロジャトが27世界。の修飾する

オリゴDNAの配列ならびに5'および3'末端への修飾基をご入力いただくことで、以下 の情報をご確認いただけます。 相補鎖の配列 長さ(nt) GC含量(%) Tm (°C)

> 分子量 単位吸光度あたりの重量(ug/OD) 推奨の精製グレード

コドン最適化ツールの利用方法



指定ください。 配列名 複数の配列を同時にご注文される場合、それぞれを区別す

るため個別の配列名をご入力ください。

配列の種類 入力する配列の種類 (DNAあるいはアミノ酸) をご

配列 DNAもしくはアミノ酸配列を入力ください。終止コドンを 追加する場合、アミノ酸配列の3'末端に"*"を付加ください。

発現対象の宿主 コドン最適化の対象となる宿主生物をご選択くだ さい。その他の発現宿主を選択した場合は、生物種名を直接入力し てください。

除外すべき制限酵素部位 コドン最適化による配列変更後に除外す るべき制限酵素サイトをご選択ください。

አ-ሪ /	Codon	Optimization
--------------	-------	--------------

Single Sequence		Bulk Sequences		Retrieve Result	
Download Excel Template		te	エクセルシートをアップロード		Optimize
Single Sequence	Bulk Seque	nces	Retrieve Result		
Optimization ID Number 4E		4BEI	EBBD7-2D26-4590	-B83C-C7E67CD	Retriev

Bulk Sequenceタブ

Download Excel Templateからエクセルテンプレートをダウンロードし、 配列名、配列の種類、配列、宿主情報、除外対象の制限酵素等の情報をご入 力ください。必要情報を入力したエクセルをUpload Excel Formからアップ ロードし、Optimizeをクリックして最適化を実行してください。最適化の リクエスト完了後、メールにてOptimization IDが通知されます。

Retrieve Resultタブ

Optimization IDを入力し、最適化結果をダウンロードしてください。

Results