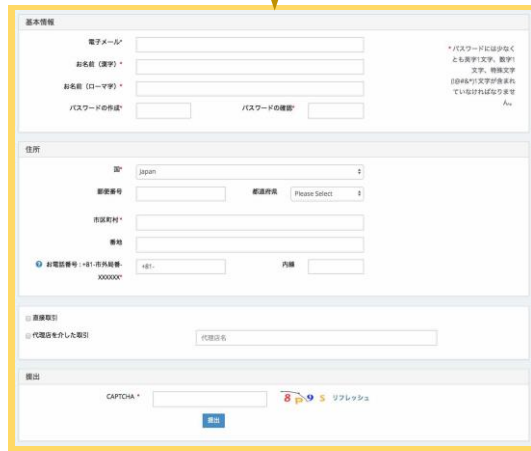




弊社ウェブサイトを表示
(<https://www.azenta.com/ja-JP>)

アカウントをお持ちのお客様は『ログイン』をクリックしてユーザー名、パスワードをご入力

アカウントをお持ちでないお客様は『ユーザー登録』をクリックして必要事項をご記入、ご提出ください。登録が完了いたしましたらメールでお知らせいたします。

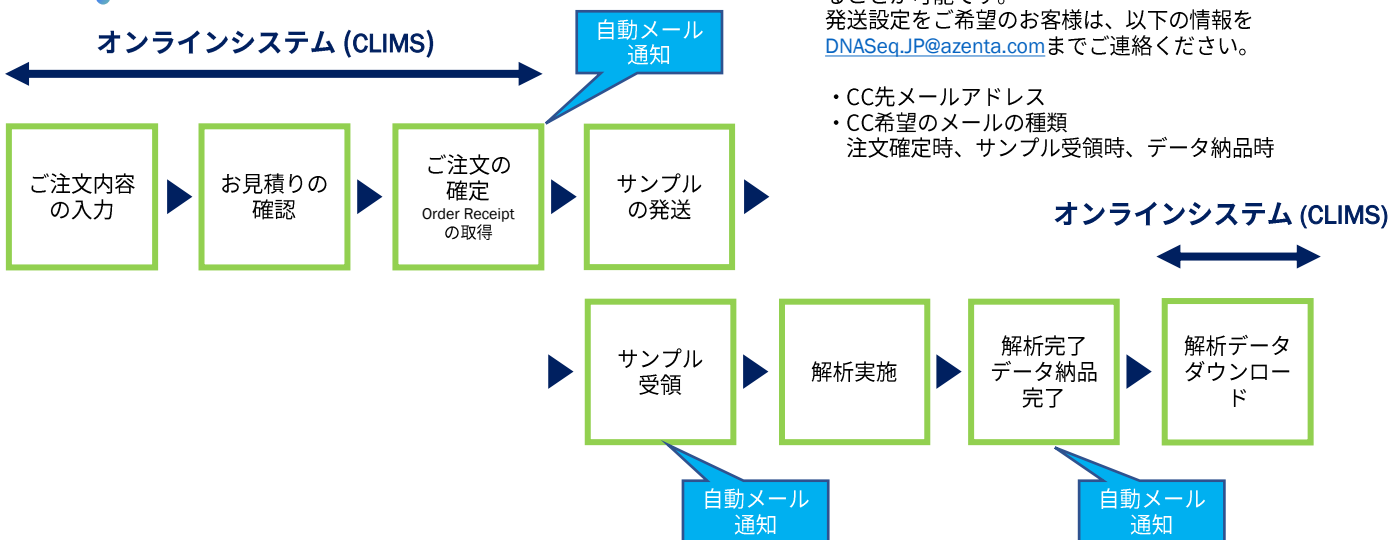
ご注文・お見積り依頼の前に

アカウント作成が完了しましたら、ご注文・お見積り依頼の前にプロフィール情報の入力を完了してください。画面上部に表示されるお客様名へマウスオーバーしていただくことで、以下のメニューが表示されます。プロフィールをクリックし、お客様のプロフィール情報をご確認ください。



入力必須項目は*で表示された項目となります。請求書宛先情報の下に表示されているチェックボックスをクリックし、アカウント登録時にご入力いただいたお客様情報を請求書宛先情報へ反映させていただきます。なお、お客様のPIが既に弊社アカウントをお持ちの場合は、価格情報を紐付けるため、PIのお客様の情報を弊社までご連絡ください。

ご注文の流れ



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。 $Q = -10 \log_{10}(\text{エラー率})$
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。

納期について

弊社ラボへ10時までには到着したサンプルにつきましては、最短当日～翌日午前中までに解析データが納品となります。
 弊社ラボへ10時以降には到着したサンプルにつきましては、当日夜間から翌日午前中を目安に解析データが納品となります。場合により、翌日の作業開始となる場合もございます。
 土曜日の午後16:00以降には到着したサンプルにつきましては、翌稼働日の解析とさせていただきます場合がございます。

サンプルの発送方法

送付先	配送料について		月	火	水	木	金	土	日	
	アゼンタ株式会社 サンガーシーケンス解析サービス宛 〒142-0043 東京都品川区二葉二丁目9-15 NFパークビルディング 4F 電話番号：03-6628-2950	1回のご注文のサンプル数 6 サンプル未満 ↓ お客様でご負担 (元払い)	1回のご注文のサンプル数 6サンプル以上 ↓ 弊社で負担 (着払い)	○	○	○	○	○	○	×
			午前 8 時 ~ 午後 6 時							
			○	○	○	○	○	○	×	

6サンプル以上の場合にご利用いただける配送伝票付きコンパクトボックスを配布しております。ご希望のお客様は、03-6628-2950もしくは DNASeq.JP@azenta.com までお問い合わせください。

6サンプル未満着払いとしてご発送頂いた場合は、一律1,500円の送料を申し受けます。

複数のご注文を頂き、同一のパッケージとしてご発送いただける場合には、合計のサンプル数が6サンプル以上で着払いとしてサンプルをご発送頂けます。


Ready-to-Loadサービスにつきましては、無料発送が可能なサンプル数(反応数)が異なりますので、ご注意ください。

* 1回のご注文の反応数が16反応未満の場合：元払い * 1回のご注文の反応数が16反応以上の場合：着払い


16サンプル未満着払いとしてご発送頂いた場合は、一律1,500円の送料を申し受けます。複数のご注文を頂き、同一のパッケージとしてご発送いただける場合には、合計のサンプル数が16サンプル以上で着払いとしてサンプルをご発送頂けます。

サービスタイプの説明と参考価格一覧

テンプレートの種類毎に選択可能なサービスタイプが異なります。
プレミックスサービスご希望の場合は、プラスミドもしくはPCR産物-精製済をご選択ください。



【Pre-Mixed】
テンプレートDNAならびにプライマーをご発送前に混合していただき、弊社へ発送していただくサービスです。ユニバーサルプライマーを利用可能。



【Pre-Defined】
テンプレートDNAとプライマーを別々に送付いただくサービスです。テンプレートDNAの濃度は事前に調整する必要があります。



【Custom】
テンプレートDNAとプライマーを別々に送付いただくサービスです。テンプレートDNAの濃度測定からシーケンス反応まで全て弊社が実施。

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。	○
PCR産物-精製済	Pre-Mixed, Pre-Defined, Custom		○
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。	○
Bacterial Colony	Custom-Bacterial template	大腸菌クローンからプラスミドの増幅(RCA)を行い、配列解析を実施。追加料金有。	○
グリセロールストック	Custom-Bacterial template		
BAC DNA	Custom-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	×
プライマーウォーキング	Premium Service	お問い合わせください。	

参考価格一覧

サービスタイプ	サービス内容-数量 (qty)	単位 *1	単価 *2
Pre-Mixed DNA Sequencing	Sanger DNA sequencing	反応	¥715
	Sanger DNA sequencing, qty. 48-93	反応	¥440
	Sanger DNA sequencing, qty. 94+	反応	¥385
Pre-Defined DNA Sequencing	Pre-Defined DNA sequencing	反応	¥1,100
	Pre-Defined DNA sequencing, qty. 48-93	反応	¥880
	Pre-Defined DNA sequencing, qty. 94+	反応	¥660
Custom DNA Sequencing	Custom DNA sequencing	反応	¥1,650
	Custom DNA sequencing, qty. 48-93	反応	¥1,540
	Custom DNA sequencing, qty. 94+	反応	¥1,320
Ready-to-load sequencing	Ready-to-load sequencing	反応	¥385
	Ready-to-load sequencing, qty. 48+	反応	¥275
(追加料金) 特殊プロトコル適用	Difficult template sequencing, additional	反応	¥495
	Difficult template sequencing, additional, qty. 48-93	反応	¥440
	Difficult template sequencing, additional, qty. 94+	反応	¥385
(追加料金) PCR産物の精製	PCR clean-up	サンプル	¥385
	PCR clean-up, qty. 48-93	サンプル	¥330
	PCR clean-up, qty. 94+	サンプル	¥275
(追加料金) 大腸菌コロニー・グリセロールストック	Bacteria/phage template, additional	サンプル	¥935
	Bacteria/phage template, additional, qty. 48-93	サンプル	¥825
	Bacteria/phage template, additional, qty. 94+	サンプル	¥770
有料再解析	DNA sequencing, half price repeat	反応	注文時の半額
	DNA sequencing, full price repeat	反応	注文時と同額

- *1: 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。
*2: 単価は全て税込単価。
*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。

TIPS: 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。

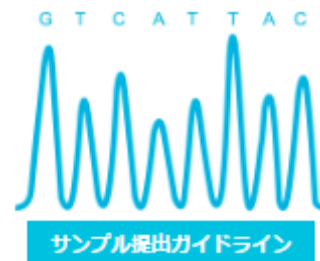
【大腸菌コロニー・グリセロールストック】

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性解析、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。

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。

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、DNASeq.JP@azenta.comまでご連絡ください。



サンプル調製ガイドライン

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

【Pre-Mixed】をご注文いただく場合

○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 \Rightarrow total 15 μ L
 (25 pmolは、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 10 μ L
 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/ μ Lの場合、
 プラスミドDNA 5 μ L (500 ng) + プライマー 5 μ L (25 pmol) + 滅菌水 5 μ L

【Pre-Defined】をご注文いただく場合

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。
 テンプレートDNA > 10 μ L以上
 プライマー 5 μ Mを > 5 μ L以上

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。
 濃度範囲に制限 (**Plasmid : 40 -100 ng/ μ L, PCR産物 : 1 - 40 ng/ μ L**) 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き、サイズに応じた濃度に調製をお願いいたします。

【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ラボスタッフへご連絡ください。

* 参考資料 テンプレート量の上限・下限

	サイズ (bp)	理想的な量 (ng/well)	下限の量 (ng/well)	上限の量 (ng/well)
PCR Product - purified	100-500	2.5	1	10
	600-1000	5	3	20
	1500	30	10	30
	2000	40	12.5	40
	2500	50	17.5	50
	3000	60	20	60
	3500	70	22.5	70
	> 3500	Plasmidとして調整		
Plasmid (vectorの配列を含む全長)	1000	100	50	200
	2000	200	100	400
	3000	300	150	600
	4000	400	200	800
	5000	500	250	1000
	6000	600	300	1200
	7000	700	350	1400
	8000	800	400	1600
	9000	900	450	1800
	10000	1000	500	2000
	11000	1100	550	2200
	12000	1200	600	2400
	13000	1300	650	2600
	14000	1400	700	2800
	15000	1500	750	3000

：サンプル提出ガイドラインに表示している値

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**等の結果となる場合がございます。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場合がございます。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ありませんが、参考情報としてご参照ください。

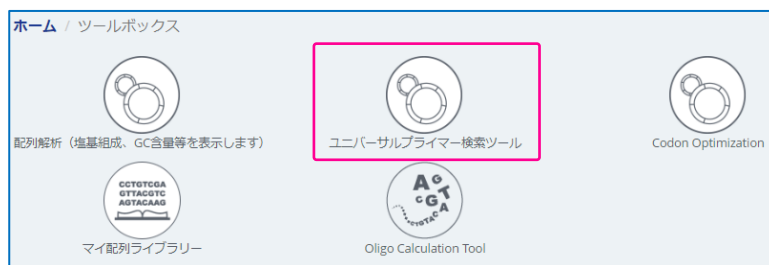
弊社のサンガーシーケンス解析サービスでは、プレミックスの場合でもユニバーサルプライマーをご利用いただくことが可能です。

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**位置**にどの**向き**で結合するのをご確認いただけます。

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

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.4)



ユニバーサルプライマー一覧

Universal Primers		
Name	Length(nt)	Sequences(5'-3')
T7	20	TAATACGACTCACTATAGGG
T7 Term	19	GCTAGTTATTGCTCAGCGG
T3	20	ATTAACCCCTCACTAAAGGGA
SP6	19	GATTTAGGTGACACTATAG
U6 New!	20	GACTATCATATGCTTACCGT
BGHR	18	TAGAAGGCACAGTCGAGG
M13F Redesigned1	16	GTAAACGACGGCCAG
M13R	17	CAGGAAACAGCTATGAC
M13-40FOR Redesigned2	17	GTTTTCCAGTCACGAC
M13-48REV New!	20	CGGATAACAATTTACACAG
CMV-Forward	21	CGCAATGGGCGGTAGGCCGTG
5GEX	23	GGGCTGGCAAGCCACGTTTGGTG
3GEX	23	CCGGGAGCTGCATGTGTCAGAGG
pFastBacF	20	GGATTATTCATACCGTCCCA
pFastBacR	20	CAATGTGGTATGGCTGATT
pBAD Forward	20	ATGCCATAGCATTTTTATCC
pBAD Reverse	18	GATTTAATCTGTATCAGG
EGFP-C-For Renamed3	22	CATGGTCCTGCTGGAGTTCGTG
EGFP-C-REV New!	17	GTTCAGGGGGAGGTGTG
EGFP-N	21	CGTCGCCGTCCAGCTCGACCA
SV40pA-R	20	GAAATTTGTGATGCTATTGC
ATTB1 New!	20	GTTTGTACAAAAAGCAGGC
ATTB2 New!	24	CCACTTTGTACAAGAAAGCTGGGT
ATTL1 New!	24	CGCGTTAACGCTAGCATGGATCTC
ATTL2 New!	20	CATCAGAGATTTTGAGACAC
ITS1 New!	19	TCCGTAGGTGAACCTGCGG
ITS4 New!	20	TCCTCCGCTTATTGATATGC
PJET1-2F New!	23	CGACTCACTATAGGGAGAGCGGC
PJET1-2R New!	24	AAGAACATCGATTTTCCATGGCAG

0.

PLACE AN ORDER ご希望のサービスをご選択ください

お客様にお勧めのサービス
 サンガーシーケンス解析
 遺伝子合成
 次世代シーケンシング
 プラスミドDNA調製
 分子遺伝学サービス

STANDARD ORDERING BY REACTION

プラスミド PCR産物-精製済 PCR産物-未精製 Bacterial colony (大腸菌)

グリセロールストック フアージ BAC DNA プレート単位

SPECIALTY ORDERING

Ready to Load プライマーウォーキング

1.

プラスミドの場合

DNAの種類*

① サービスの種類*

② サービス優先度*

③ 調製用に保存

④ サンプルの数*

プラスミドDNAの大量調製サービスをご希望の場合は、こちらのチェックボックスをONにしてください。なお、プラスミド調製サービスをご希望の場合は別途お見積りをご案内させていただきます。

PCR産物-精製済の場合

DNAの種類*

① サービスの種類*

② サービス優先度*

③ 精製に用いた方法*

④ サンプルの数*

PCR産物の精製方法をプルダウンからご選択ください。
 カラム / 酵素 / ゲル抽出 / その他

⑤ 注文名

⑥ 注文に関するコメント

⑦ Special ID

プロモーションコード

クーポンコード

アゼンタが保管中のサンプル

追跡番号

2-1.

赤字：入力必須項目

①	②	③	④	⑤	⑥	⑦
オーダーウィズサンプル名	DNA (種類)	サービス	優先度	調製方法	サンプル数	追跡番号

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。

プラスミドとPCR産物-精製済を混ぜてご注文いただくことが可能です。この場合、PCR産物-精製済をご選択ください。

詳しくはサービスタイプの説明と参考価格一覧 (p. 4) 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. 4) 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わせの数 (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)

お問い合わせ/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きます。

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-Defined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

2-2.

赤字：入力必須項目

①	②	③	④	⑤	⑥	⑦
サンプル名	プライマー名	プライマー濃度	プライマー長さ	プライマータイプ	プライマー在庫	プライマーロット
プライマー名	プライマー名	プライマー濃度	プライマー長さ	プライマータイプ	プライマー在庫	プライマーロット

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

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。



Fill all sequentially
一番上のセルに入力した文字列を保持し、連番を付与。

Fill all values
一番上のセルに入力した文字列をコピー。

Clear all values
選択した列の情報を全て消去。

見積り金額の表示画面に進めない場合には、入力内容に不備がある場合がございます。不備がある場合には、赤色もしくは黄色で修正が必要なセルが表示されます。

- 日本語(全角文字)が入力可能なセルは特記事項のみ
- 入力可能な文字は、半角英数、アンダーバー"_"、ハイフン"-"となります。
- スペースは入力できません。
- プルダウンメニューのセルは必ずプルダウンからご選択ください。

3.

キャンセル 下書きとして保存 保存して次へ進む

ご注文情報入力画面の右下の緑色のボタンをクリックすることで、ご注文プロセスが進みます。

ご注文情報入力画面の右下の緑色のボタンをクリックすることで、ご注文プロセスが進みます。

4.

キャンセル 注文内容を編集する 見積り表示 支払い、提出/受取情報の確認

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要となります。

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旨ご記載ください(例1参照)。また、以前にご発送いただいた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. 該当するプロジェクトを選択ください。

ショッピングカート内に複数のプロジェクトがある場合、他のプロジェクトも一覧されます。該当するプロジェクトのみご選択ください。

不要なプロジェクトは、チェックボックスをマークして『削除』をクリックすると削除できます。

6. ご注文確定画面にお進みください。

画面右下の緑色のボタン『料金確認と発送・受け取り方法を選択する』をクリックしてください。

5.

ショッピングカート

追跡番号	サービスライン	料金・注文内容を再確認する場合はこちら
<input type="checkbox"/>	60-216399739	オリゴヌクレオチド合成
<input type="checkbox"/>	60-216692009	サンガーシーケンス解析
<input checked="" type="checkbox"/>	60-216697346	サンガーシーケンス解析

ホームに移動してショッピングを続ける

料金確認と発送・受取方法を選択する

7.

1. 注文金額の確認

追跡番号	サービスライン	サービスの種類	コメント	合計額
60-216697346	サンカーシーケンス解析	配列部法		JPY ¥ 33448
				小計: JPY ¥ 30970
				消費税: JPY ¥ 2478
				合計額: JPY ¥ 33448

2. サンプルの届出 / 受取

サンプルの届出 / 受取方法: サンプルをジャンプウェイ日本ラボに発送

DNAシーケンス解析は6反応以上で送料無料、次世代シーケンシングの送料はお見積書に記載の通りです。発送時にはOrder Receiptの同封をお願いします。

このサンプル届出方法を既定として保存する:

3. 配送先住所 請求先住所

配送先住所: (選択候補) Address, Attention / 追加 + 新しい住所の追加

Address, Attention

address 1
address 2
address 3
City, Saitama 1820016
P: +81-48-483-4980

請求先住所: Address, Attention
address 1
address 2
address 3
City, Saitama 1820016
P: +81-48-483-4980

4. PO / 発注番号 / 予算番号

※ PO / 発注番号 / 予算番号は、外部サプライヤーから製品やサービスの購入を管理するために、組織により発行・利用される管理番号です。ご注文の届出時には、お客様の組織内において使用する法が承認されている必要があります。PO / 発注番号 / 予算番号の入力をお願いします。所属組織の管理番号もご記入ください。所属組織による管理番号の付与がない場合は、ご注文のシステムをご入力ください。(請求書発行するお問い合わせは、営業部 (048-483-4980 / info.jp@genewiz.com) までお問い合わせください。)

※ PO / 発注番号 / 予算番号 もしくはご注文番号のフルネーム 入力内容をデフォルトに設定 **入力必須 : PO / 発注番号 / 予算番号**

Solid science. Superior service.

PO / 発注番号 / 予算番号は、外部サプライヤーから製品やサービスの購入を管理するために、組織により発行・利用される管理番号です。ご注文の提出時には、お客様の組織内において該当する注文が承認されている必要があるため、PO / 発注番号 / 予算番号の入力をお願いしております。所属組織の管理番号をご記入ください。

7. ご注文の最終ページです。

料金、発送方法、PO / 発注番号 / 予算番号をご確認ください。

カルタヘナ法の規制に該当するサンプルを送送する場合は、『**サンプルを日本ラボに発送**』をご選択ください。詳しくは、DNASeq.JP@azenta.comまでお問い合わせください。

ドロップボックスシステムに関するお願い

ドロップボックスに設置のカレンダーをご確認いただき、**回収ボックスの番号**をお間違えの内容をご確認ください。また、回収締め切り時間、回収時間の目安も併せてご確認ください。回収時にサンプルが無い場合には、翌稼働日の回収となりますため、予めご了承ください。また、回収ボックスを指定せず、日本ラボに発送をご選択いただいた場合には、回収できませんので、ご注意ください。

PO / 発注番号 / 予算番号が不明の場合は、**ご注文者様のお名前（フルネーム）**をご記載ください。当該入力欄は入力必須項目となっております。

8. 『注文内容を確定・提出する』をクリックしてご注文を確定してください。

9. ご注文手続き完了後のサンプルの追加、修正、削除はできません。

ご注文手続き完了後のメッセージ:

ご注文をありがとうございました。ジャンプウェイをご利用いただきありがとうございます。

サンプルを送送する必要がある場合は（サンカーシーケンス解析など）、追費がされるPO / Order Receiptを印刷し、サンプルに同封ください。変更が必要な場合は、メールでお問い合わせください。お問い合わせ先は、営業部 (048-483-4980 / info.jp@genewiz.com) までお問い合わせください。

注文内容の再確認: 注文内容を確認・修正する

お客様の連絡: 名前: Takashi TEST Order Yabuki, 電話: +81-48-483-4980, Eメール: yabuki@genewiz.com

注文内容: 追跡番号: 60-216697346, 合計額: JPY ¥ 33448

届出先住所: Address, Attention, 請求先住所: Address, Attention

印刷

9. ご注文手続き完了。

ご注文手続き完了後のサンプルの追加、修正、削除はできません。

ご希望のお客様は解析作業開始前までに弊社までご連絡ください。

10. Order Receiptを印刷してください。

Order ReceiptのPDFが自動で表示されない場合は、画面右下の『印刷』をクリックしてください

印刷

10. Order Receiptを印刷してください。

ご注文完了後に同じ画面にPDFのご注文書（Order Receipt）が自動で表示されます。

11.



11. 注文受付のご連絡をお送りします。



ご注文確定時には、ご登録いただいたメールアドレスへ注文受付の通知メールを配信いたします。

12. 注文概要ページ

ホーム / 予算の概算 [00-216697340]

注文書の印刷 見積もりをPDF表示

注文情報

注文者情報: Yakushi TEST Order, TEL: 048-483-4900, E-mail: yastan@premixed.com

注文内容: サンプルシークエンス解析

2. サンプルの追跡 / 追跡

サンプルの追跡 / 受取方法: サンプルシークエンス解析サービスに準拠

追跡情報

RunID	サンプル名	DNA量 (ng)	濃度 (ng/μl)	プライマー	プライマー-詳細	検出プロトコル	検出条件
101	1a1	1.1	4001-6000	SG&E	ユニーク	Default Template	plate1
102	1a2	1.1	4001-6000	AT&E	ユニーク	Default Template	plate1
103	1a1	1.1	4001-6000	SG&E	ユニーク	Default Template	plate1
104	1a1	1.1	4001-6000	Primer 1 (SG&E)	検出条件: 標準	Default Template	plate1
105	1a1	1.1	4001-6000	Primer 2 (SG&E)	検出条件: 標準	Default Template	plate1
106	1a2	1.1	4001-6000	Primer 1 (SG&E)	検出条件: 標準	GC rich	plate2
107	1a2	1.1	4001-6000	Primer 2 (SG&E)	検出条件: 標準	GC rich	plate2
108	1a3	1.1	4001-6000	Primer 1 (SG&E)	検出条件: 標準	HLA	plate1
109	1a3	1.1	4001-6000	Primer 2 (SG&E)	検出条件: 標準	HLA	plate1
110	1a3	1.1	4001-6000	Primer 3 (SG&E)	検出条件: 標準	HLA	plate2

サービス

サービス	単価	数量	項目別小計
Sequencing DNA sequencing	JPY ¥ 4650	23	JPY ¥ 15285
Sequencing template, additional	JPY ¥ 4000	11	JPY ¥ 43700
Difficult template sequencing, additional	JPY ¥ 4350	11	JPY ¥ 58850
送料			JPY ¥ 30970
税金			JPY ¥ 2470
期間保証			JPY ¥ 33440

12. 注文概要の確認

マイオーダー内の『注文概要を表示する』あるいは左側の『追跡番号』をクリックすると進捗の詳細を表示することができます。

13. サンプルをご発送ください。

ご注文毎 / Plate毎に発行されるOrder Receiptを印刷してください。 Order Receipt毎に、対応するサンプルをジップロック等の袋へ入れ、チャックを閉めてください。

- ✓ サンプルとOrder Receiptが対応しているかご確認ください。
- ✓ サンプルの並びがわかるよう、油性マジック等でのラベルをお願いします。(8連チューブの場合)



- ✓ 配送中の漏れのないようプレートシール、キャップ等をしっかりと締めていただくようお願いいたします。

13. サンプル発送の概要と注意事項

【サンプル発送先】
〒333-0844

アゼンタ株式会社
サンガーシーケンス解析サービス宛
〒142-0043 東京都品川区二葉二丁目
9-15
NFパークビルディング 4F
電話番号 : 03-6628-2950

【発送物】
①サンプル
②Order Receipt



Order Receipt



Sample

サンプル数 40以上



96 well plate (8連チューブキャップ推奨)
PlateへTracking#を記載。

サンプル数 40未満



8連チューブ+キャップ
8連チューブへサンプル番号を記載。

サンプル数が少ない場合やプライマーをご発送いただく場合



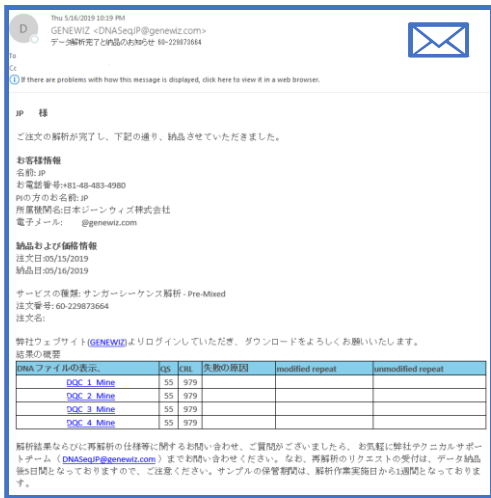
1.5mL チューブ
チューブへサンプル番号 もしくはプライマー名を記載。

14.



マイオーダー	マイプロジェクト	GeneGroup	サーマルボックス
検索 フィルターを表示する			
Y	注文番号	注文名	プロジェクト名
	注文日	注文日	サービスの種類
	優先度	優先度	Qty
	注文ステータス	アクション	
2019/05/18 3:19	60-216097346	注文	23

15.



16.

マイオーダー	マイプロジェクト	GeneGroup	サーマルボックス
検索 フィルターを表示する			
Y	注文番号	注文名	プロジェクト名
	注文日	注文日	サービスの種類
	優先度	優先度	Qty
	注文ステータス	アクション	
2019/05/21 10:12	60-21701815	注文	27

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。

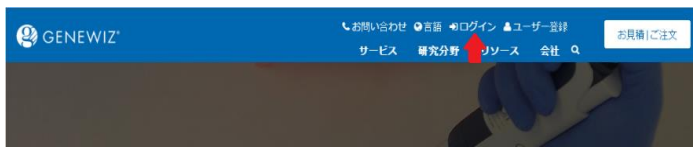


解析作業が完了し、データがお客様アカウント内へ納品しましたら、『データアップロード完了のお知らせ』をメールにて送信します。

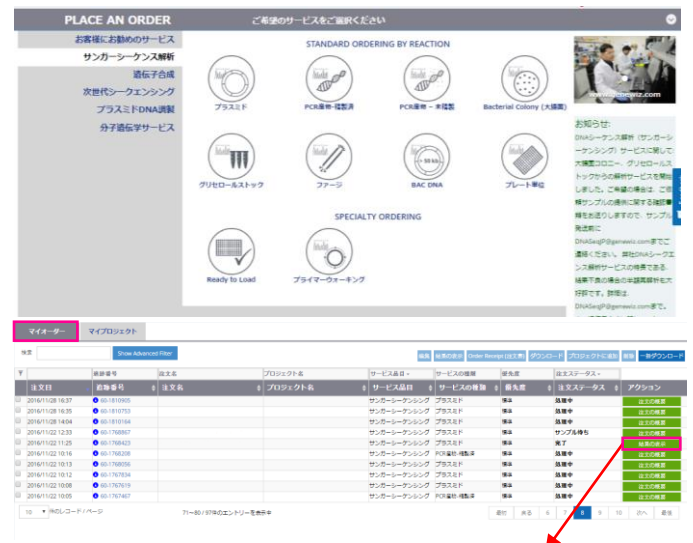
本メールには、ご注文番号ならびに結果をダウンロード可能な注文概要ページへのリンクがふくまれています。

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、緑色の“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。

0.

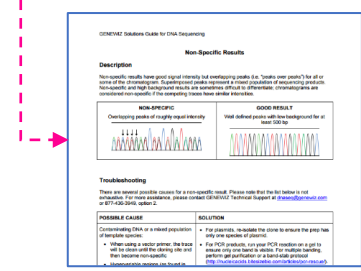
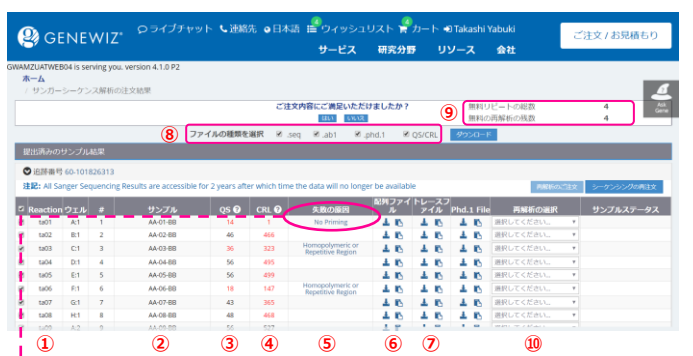


1.



結果の表示 2.

3.



“失敗の原因”のさらに詳しい情報につきましては、結果表示画面に表示される失敗の原因をクリックしていただくことでご確認いただけます。

0. 弊社ウェブサイトへログイン。

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。

ご登録いただいた電子メールアドレス

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。ご登録いただいた電子メールアドレスが必要となります。)

1. 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
下書き	ご注文の内容が入力途中でドラフト状態となります。右側に表示される“下書きの完了”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、“保存して次へ進む”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いません。右側に表示される“支払い情報・提出/受取情報の確認”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Order Receiptと一緒にご送送ください。右側に表示される“注文の追進”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。
処理中	お客様のサンプルが弊社に到着し、解析作業を実施している状態となります。右側に表示される“注文の追進”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“結果の表示”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。

2. “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

3. 解析結果の確認

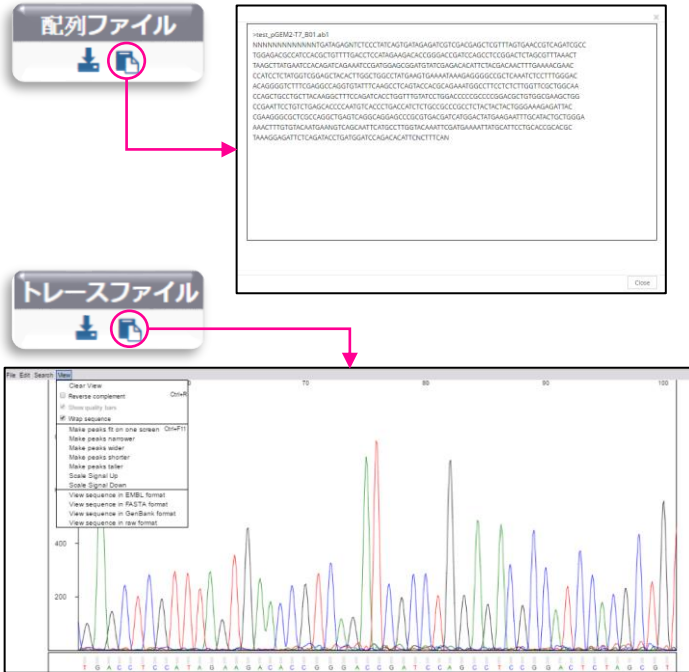
こちらの画面にて、解析結果の確認ならびにダウンロードが可能です。

#	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。値が高いほど、得られたデータの信頼性が高いと考えられます。データQC時のThresholdはQS: 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≥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QC時のThresholdはCRL: 500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最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いたします。失敗と判定されたサンプルについては、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をパスしたサンプルとなります。パスしたサンプルの再解析は、初回と同額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。

4.



ダウンロード対象のファイルの種類と、サンプルの選択が完了したら、**ダウンロード**ボタンをクリック。



4. 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	波形データ処理済みのトレースファイル。生データ、ベースコール等の情報を含む。
*.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。 $QV = -10 \log_{10}(\text{エラー率})$
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。

5. 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、

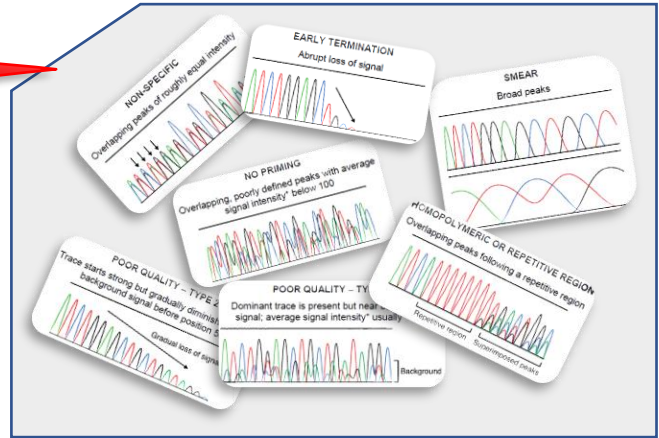
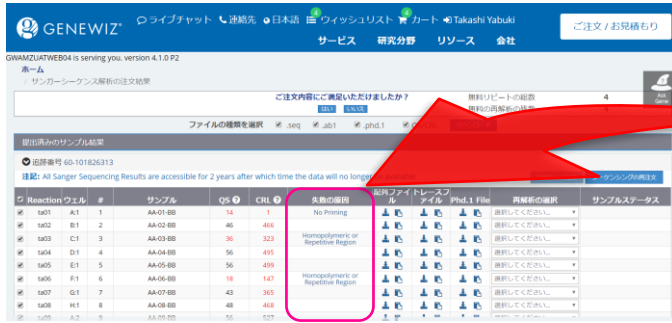
左の**ダウンロード**ボタンをクリックしていただくことで、個別のダウンロードも可能です。

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。

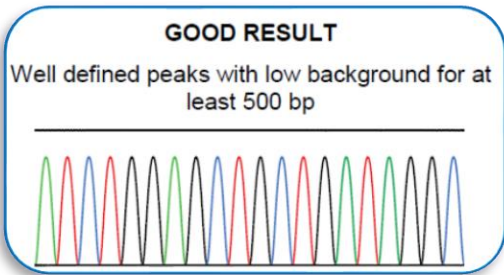
波形データ (*.ab1ファイル)解析ソフト一覧

	Free/Paid	Trace File Viewer	Multiple Sequence Alignment & Contig Assembly	Windows	Mac	Linux	In-browser
4Peaks	Free	✓	-	-	Apple	-	-
Sequence Scanner	Free	✓	-	Windows	-	-	-
Chromas Lite	Free	✓	-	Windows	-	-	-
SnapGene Viewer	Free	✓	-	Windows	Apple	Linux	-
GeneStudio Pro	Free	✓	✓	Windows	-	-	-
UGENE	Free	✓	✓	Windows	Apple	Linux	-
Chromaseq	Free	✓	✓	Windows	Apple	Linux	-
BioLign (Note: See bottom half of page for description and download link)	Free	-	✓	Windows	-	-	-
CAP3 (Note: Only for contig assembly of sequences in FASTA format)	Free	-	✓	-	-	-	✓
Geneious	Paid	✓	✓	Windows	Apple	Linux	-
SeqMan Pro	Paid	✓	✓	Windows	Apple	-	-
Sequencher	Paid	✓	✓	Windows	Apple	-	-
Vector NTI Express	Paid	✓	✓	Windows	Apple	-	-
Chromas Pro	Paid	✓	✓	Windows	-	-	-
CodonCode Aligner	Paid	✓	✓	Windows	Apple	-	-
DNA Baser	Paid	✓	✓	Windows	-	-	-

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。



再解析



弊社QCシステムによる自動判定およびテクニカルサポートの2重体制で、解析結果を判定。

【再解析ポリシー】

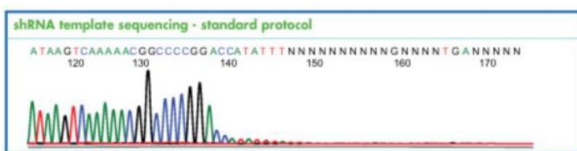
*本妻解析サービスは、配列解析の保証をするものではありません。

- ✓ 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。

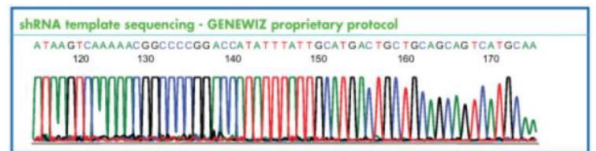
オーダー時の反応数	無料解析の数
1 - 16	2
17 - 47	3
48 +	4

- ✓ 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。



特殊プロトコルの適用前



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。

注記: All Sanger Sequencing Results are accessible for 2 years after which time the data will no longer be available

Reaction	ウェル	#	サンプル	QS	CRL	失敗の原因	配列ファイル	トレースファイル	Phd.1 File	リピート	サンプルステータス
GT01	A:1	1	AA-09-BB	56	518		👍👎	👍👎	👍👎	選択してください...	
GT02	B:1	2	AA-10-BB	54	532		👍👎	👍👎	👍👎	選択してください...	
GT03	C:1	3	AA-11-BB	56	509		👍👎	👍👎	👍👎	選択してください...	
GT04	D:1	4	AA-12-BB	54	499		👍👎	👍👎	👍👎	選択してください...	
GT05	E:1	5	AA-13-BB	53	548		👍👎	👍👎	👍👎	選択してください...	
GT06	F:1	6	AA-14-BB	56	508		👍👎	👍👎	👍👎	選択してください...	
GT07	G:1	7	AA-15-BB	56	341		👍👎	👍👎	👍👎	選択してください...	
GT08	H:1	8	AA-16-BB	43	499	Non-specific	👍👎	👍👎	👍👎	<input checked="" type="radio"/> 選択してください... <input type="radio"/> Free Repeat <input type="radio"/> 1/2 Price Repeat <input type="radio"/> 1/2 Price Diluted <input type="radio"/> 1/2 Price with Alt. Repeat	

失敗と判定されたサンプルのリポートカラムから、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・プロトコルの変更無
半額でサイクルシーケンス反応から再解析
失敗の原因が、SmearやHigh Background等に有効
- 1/2 price with Alt. repeat
困難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 or Repetitive Region等に有効

ご希望のリポ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

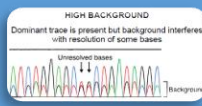
アゼンタでは、Ph.D.レベルのテクニカルサポートチームが全てのお客様をサポートしております。お客様の解析結果判定時、これまでの解析実績やトラブルシューティングの目的で、お客様に割り当てられた無料の再解析クーポンを利用し再解析を実施させていただく場合がございます。

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

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 	<p>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。</p>	
No Priming 	<p>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。</p>	<p>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。</p>
Non-specific 	<p>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。</p>	<p>テンプレートDNAの純度、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。</p>
High Background 	<p>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。</p>	
Smear 	<p>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。</p>	<p>テンプレートの希釈 $\frac{1}{2}$ Price diluted repeat</p>
Spectral Pull-up 	<p>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。</p>	<p>テンプレートの希釈 $\frac{1}{2}$ Price diluted repeat</p>
Early Termination 	<p>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。</p>	<p>プロトコル変更 $\frac{1}{2}$ Price with Alt. repeat</p>
Homopolymeric or Repetitive Region 	<p>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。</p>	<p>プロトコル変更 $\frac{1}{2}$ Price with Alt. repeat</p>

4.



ダウンロード対象のファイルの種類と、サンプルの選択が完了したら、**ダウンロード**ボタンをクリック。



4. 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と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	波形データ処理済みのトレースファイル。生データ、ベースコール等の情報を含む。
*.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。 QV=-10log ₁₀ (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。

5. 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。

波形データ (*.ab1ファイル)解析ソフト一覽

	Free/Paid	Trace File Viewer	Multiple Sequence Alignment & Contig Assembly	Windows	Mac	Linux	In-browser
4Peaks	Free	✓	-	-	Apple	-	-
Sequence Scanner	Free	✓	-	Windows	-	-	-
Chromas Lite	Free	✓	-	Windows	-	-	-
SnapGene Viewer	Free	✓	-	Windows	Apple	Linux	-
GeneStudio Pro	Free	✓	✓	Windows	-	-	-
UGENE	Free	✓	✓	Windows	Apple	Linux	-
Chromaseq	Free	✓	✓	Windows	Apple	Linux	-
BioLign (Note: See bottom half of page for description and download link)	Free	-	✓	Windows	-	-	-
CAP3 (Note: Only for contig assembly of sequences in FASTA format)	Free	-	✓	-	-	-	✓
Geneious	Paid	✓	✓	Windows	Apple	Linux	-
SeqMan Pro	Paid	✓	✓	Windows	Apple	-	-
Sequencher	Paid	✓	✓	Windows	Apple	-	-
Vector NTI Express	Paid	✓	✓	Windows	Apple	-	-
Chromas Pro	Paid	✓	✓	Windows	-	-	-
CodonCode Aligner	Paid	✓	✓	Windows	Apple	-	-
DNA Baser	Paid	✓	✓	Windows	-	-	-

URL : <https://www.azenta.com/en/Public/Resources/Tools-for-Viewing-Sequencing-Data>

補足資料：ご注文情報の入力（エクセルシート）

ご注文情報（サンプル情報）の入力は、エクセルシートからのアップロードも可能です。
 オーダーページからテンプレートをダウンロード。

入力必須：DNA name / Length (bp) / Primer name

任意入力：特殊プロトコルの適用の有無 / 空ウェルの指定

なお、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。



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。

Well (H)	Well (V)	Sample #	DNA Name	Length (bp)	Concentration (ng/μL)	Primer	Difficult Template	Notes	Is Empty
A01	A01	1	DNA1	501-1000		MyPrimer1	Difficult Template		
A02	B01	2	DNA2	1001-2000		MyPrimer2	GC-rich		
A03	C01	3	DNA3	2001-4000			RNAi		
A04	D01	4	DNA4	8001-10000		ATTL1 ATTL2 BGHR CMV-Forward EGFP-C-FOR EGFP-C-REV EGFP-N ITS1			
A05	E01	5	DNA5	>10001					
A06	F01	6							Yes
A07	G01	7	DNA6						
A08	H01	8		<501					
A09	A02	9		501-1000					
A10				1001-2000					
A11	B02	10		2001-4000					
A12	C02	11		4001-8000					
A13	D02	12		8001-8000					
B01	E02	13		8001-10000					
B02	F02	14		>10001					
B03	G02	15					GC-rich		
B04	H02	16					Difficult Template		
B05	A03	17					Hairpin		
B06	B03	18							
B07	C03	19							
B08	D03	20							

Length (bp) : 解析対象のDNAの長さをプルダウンからご選択ください。プラスミドの場合は、解析対象領域の長さではなく、全長の長さをご選択ください。

Primer : ユニバーサルプライマーをご希望の場合は、プルダウンからご選択ください。直接入力されたプライマーは、お客様が混合/提供するプライマーとして認識されます。

Difficult Template : 通常のプロトコルでは解析が困難な繰り返し配列、GCリッチ、Hairpin等が含まれる場合には、該当する要因をプルダウンよりご選択ください。特殊プロトコルの適用には、追加費用が発生します。

Is Empty : 該当するウェルにサンプルが無い場合、解析が必要ない場合は、プルダウンより "Yes" をご選択ください。アップロード時に該当するウェルが除外されます。

※ユニバーサルプライマー/マイプライマーの指定

The screenshot shows a table with columns for 'プライマー名', 'Primer Source', 'Stored At GWZ', '濃度 (μM)', and 'Library'. The 'ATTB1' primer is highlighted with a red box, and its source is 'GENEWIZプライマー'.

プライマー名	Primer Source	Stored At GWZ	濃度 (μM)
3GEX	GENEWIZプライマー	● ●	● ● ●
ATTB1	GENEWIZプライマー	● ●	● ● ●
CMV-Forward	GENEWIZプライマー	● ●	● ● ●
pFastBacR	GENEWIZプライマー	● ●	● ● ●
mine	マイプライマー	● ●	5

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。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。

- ▶ マイプライマーがご選択されている場合には、プライマーの追加はいたしません。
- ▶ アゼンタプライマーをご選択いただいた場合には、ユニバーサルプライマーを添加します。

補足資料：サンプルレイアウト

サンプルレイアウトの確認 (Vertical / Horizontal)

Plateで提出の場合は、Tube ViewからPlate Viewに変更。

① サンプル提出ガイドライン
② Tube View
③ プレート 1

④ サンプル提出ガイドライン
⑤ Plate View
⑥ プレート 1
⑦ プレート名 適用
⑧ Vertical View
⑨ 空のウェルにマークを付ける

デフォルトの設定はVertical

① サンプル提出ガイドライン
② Plate View
③ プレート 1
④ プレート名 適用
⑤ Horizontal View
⑥ 空のウェルにマークを付ける

Horizontalに変更可能

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。

サンプルレイアウトの確認 (空ウェルの指定)

Plateの“4H”および“8A”が空ウェルの場合、

空のウェルにマークを付ける をクリック。

“4H”および“8A”を選択後、

空のウェルを適用 をクリック。

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。

オンラインツールのご紹介

分野

- マイアカウント
- マイGENEWIZ
- マイ配列ライブラリー
- My Dropboxes
- プロフィール
- 電子クーポン
- ツールボックス**
- 電子メール設定
- マイプロジェクト
- GeneGroup®
- 発送先と請求先情報
- パスワードの変更
- ログアウト

ホーム / ツールボックス

- 配列解析 (塩基組成、GC含量等を表示します)
- ユニバーサルプライマー検索ツール
- Codon Optimization
- マイ配列ライブラリー
- Oligo Calculation Tool

配列解析ツール

ご入力いただいた配列の塩基組成、GC含量、重複配列の解析をすることができます。ご依頼配列が合成困難かどうかの参考にご利用ください。

ユニバーサルプライマー検索ツール

サンガーシーケンス解析サービスでご利用いただけるユニバーサルプライマーがお客様の配列に含まれているかを検索することができます。また、プライマーの方向性 (sense/anti-sense) もご確認いただけます。

コドン最適化ツール (Codon Optimization)

ご入力いただいた配列について、ご利用予定のホストに対してコドンの最適化が可能です。

オリゴDNA解析ツール (Oligo Calculation Tool)

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 (%)
- T_m (°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

複数の配列を同時に最適化したい場合

ホーム / Codon Optimization

Single Sequence | **Bulk Sequences** | Retrieve Result

配列の種類: DNA

配列名: _____

配列: ここに配列を入力

発現対象の宿主: _____

除外すべき制限酵素部位: 除外すべき制限酵素サイト

A	B	C	D	E	F	H	K	M	N	P	R	S	T	X	Z
GS_Placeholder_UTRModa_SearchRE															
<input type="checkbox"/> AarI	<input type="checkbox"/> AatII	<input type="checkbox"/> Acc65I	<input type="checkbox"/> AccI	<input type="checkbox"/> AclI	<input type="checkbox"/> AclII	<input type="checkbox"/> AcuI	<input type="checkbox"/> AfeI	<input type="checkbox"/> AflIII	<input type="checkbox"/> AflII	<input type="checkbox"/> AgeI	<input type="checkbox"/> AhdI	<input type="checkbox"/> AhoI	<input type="checkbox"/> AhoNI	<input type="checkbox"/> ApoI	<input type="checkbox"/> AseI
<input type="checkbox"/> AseI	<input type="checkbox"/> AseII	<input type="checkbox"/> AsiSI	<input type="checkbox"/> AuaI	<input type="checkbox"/> AatI	<input type="checkbox"/> AatII	<input type="checkbox"/> AatIII	<input type="checkbox"/> AatIV	<input type="checkbox"/> AatV	<input type="checkbox"/> AatVI	<input type="checkbox"/> AatVII	<input type="checkbox"/> AatVIII	<input type="checkbox"/> AatIX	<input type="checkbox"/> AatX	<input type="checkbox"/> AatXI	<input type="checkbox"/> AatXII

Reset | Optimize

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 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べき制限酵素サイトをご選択ください。

ホーム / Codon Optimization

Single Sequence | Bulk Sequences | Retrieve Result

Download Excel Template | Upload Excel Form | Optimize

Single Sequence | Bulk Sequences | **Retrieve Result**

Optimization ID: 4BEEBD7-2D26-4590-B83C-C7E67CD9F9E

Retrieve Results

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。