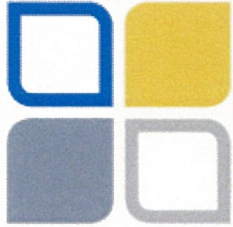
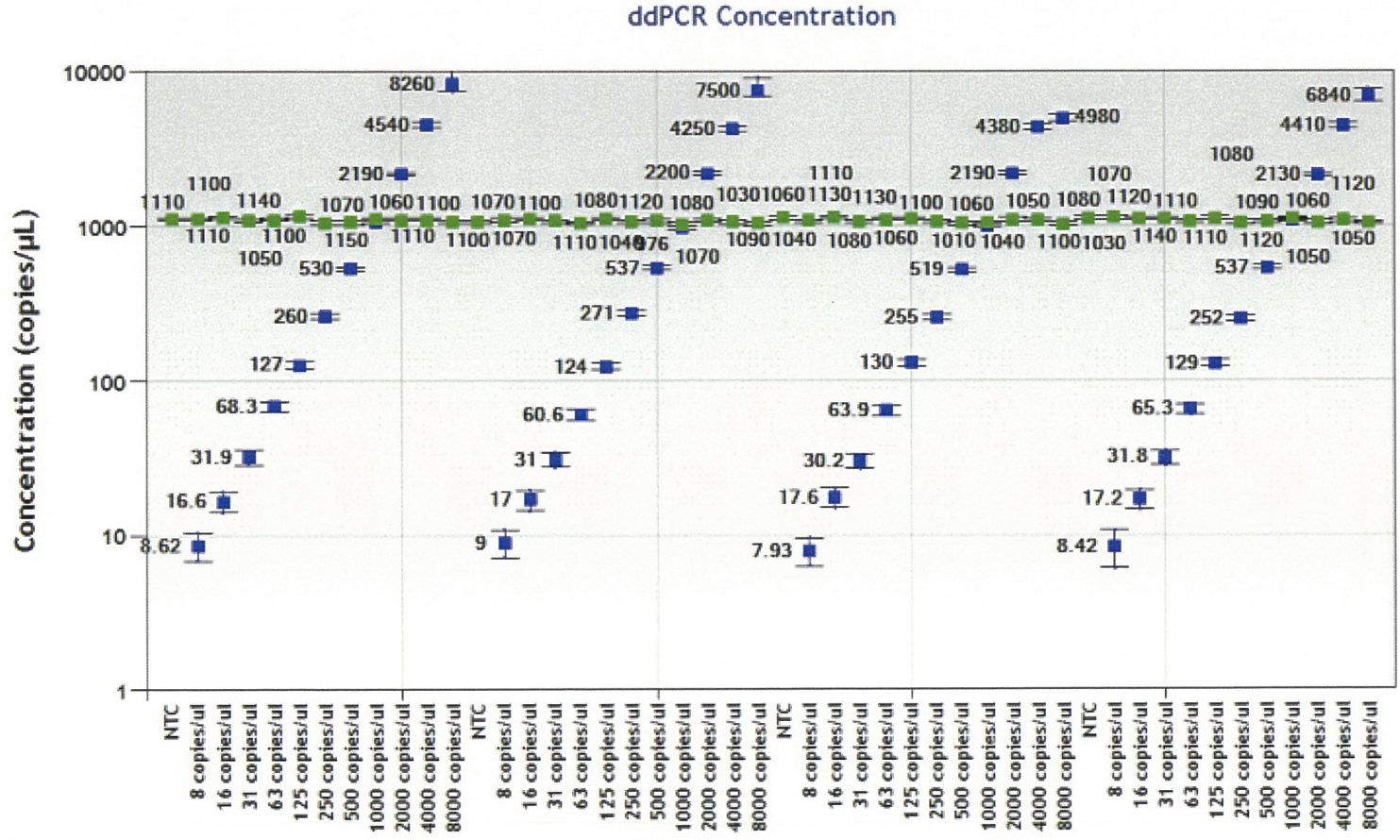


デジタルPCRの利点

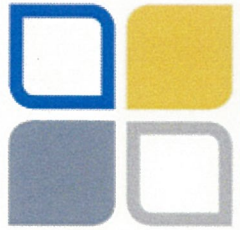


高精度の定量: 一定のバックグラウンドにおける 2倍希釈系列の定量結果

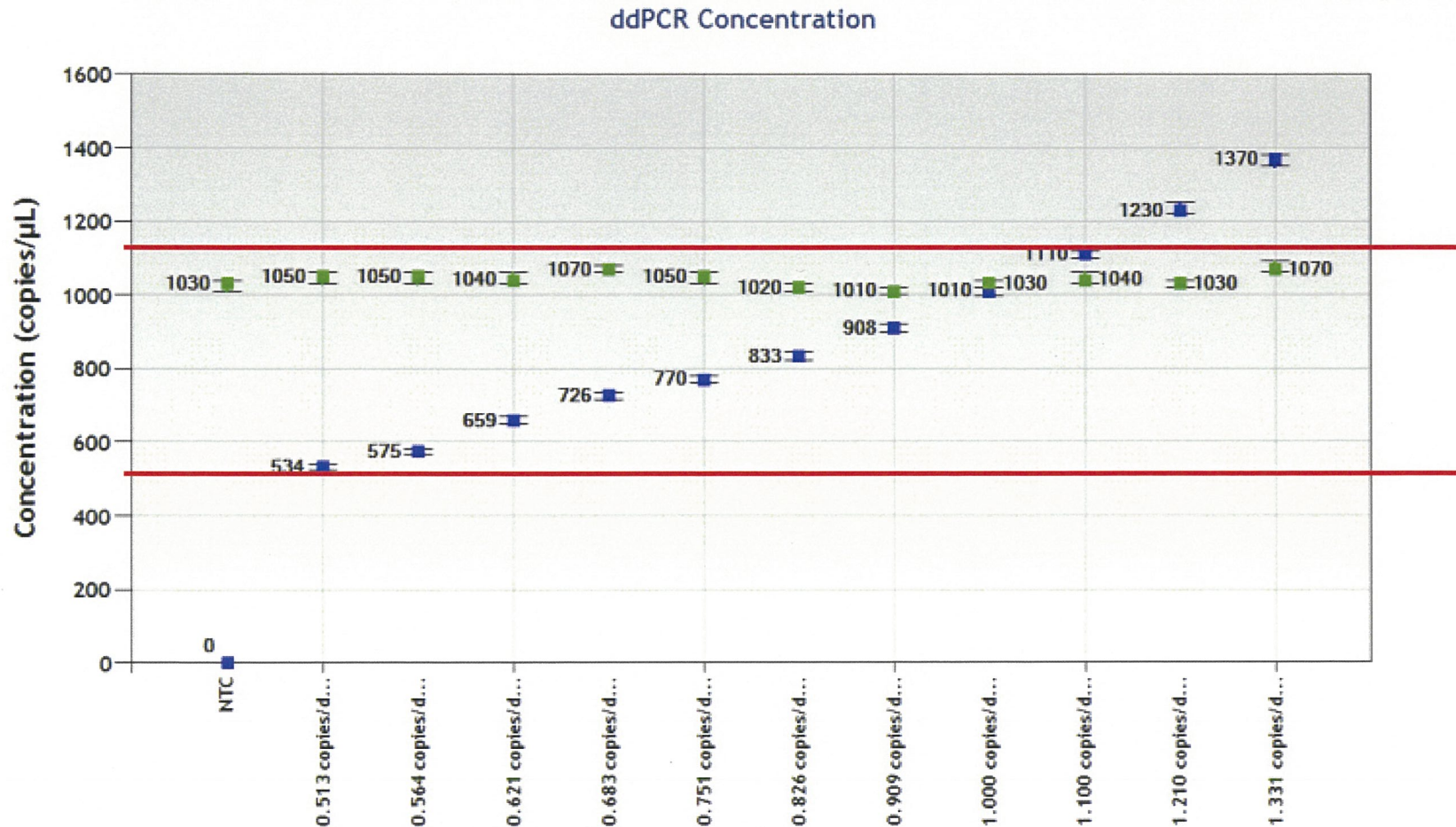


青: *S. aureus* DNAサンプル (2倍希釈系列)、緑: ヒトゲノムDNA (一定量)、N=4

QX100を用いると、2倍希釈系列を非常に正確に定量することができます

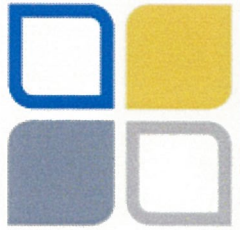


高感度、高精度の定量: 1.1倍希釈系列の定量結果



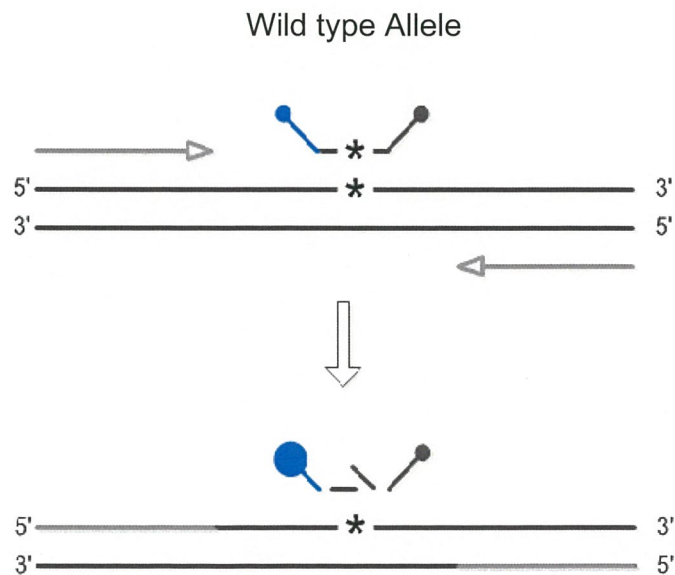
青: *S. aureus* DNAサンプル (1.1倍希釈系列)、緑: ヒトゲノムDNA (一定量)

更に、リアルタイムPCRでは困難な1.1倍希釈系列も定量できます

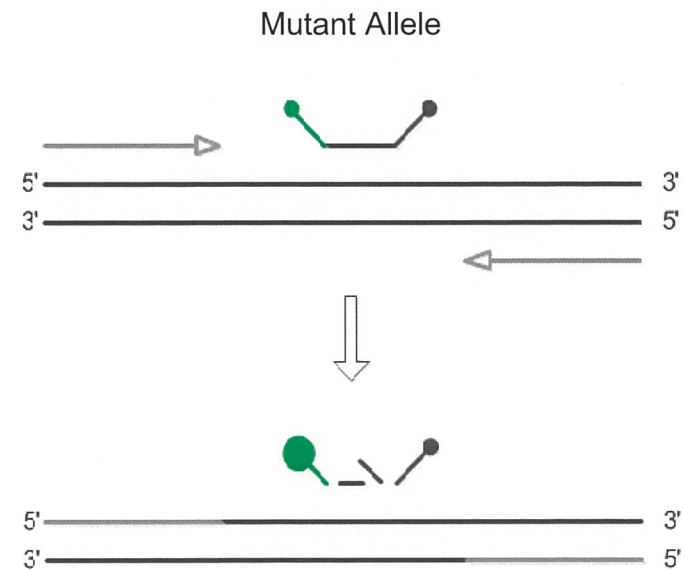


低頻度 : Rare Mutation検出

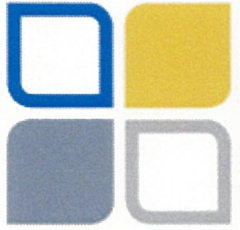
- 現在は、Rare mutation検出にリアルタイムPCRプローブ特異的アッセイがよく用いられています



Detection of Wild type Allele

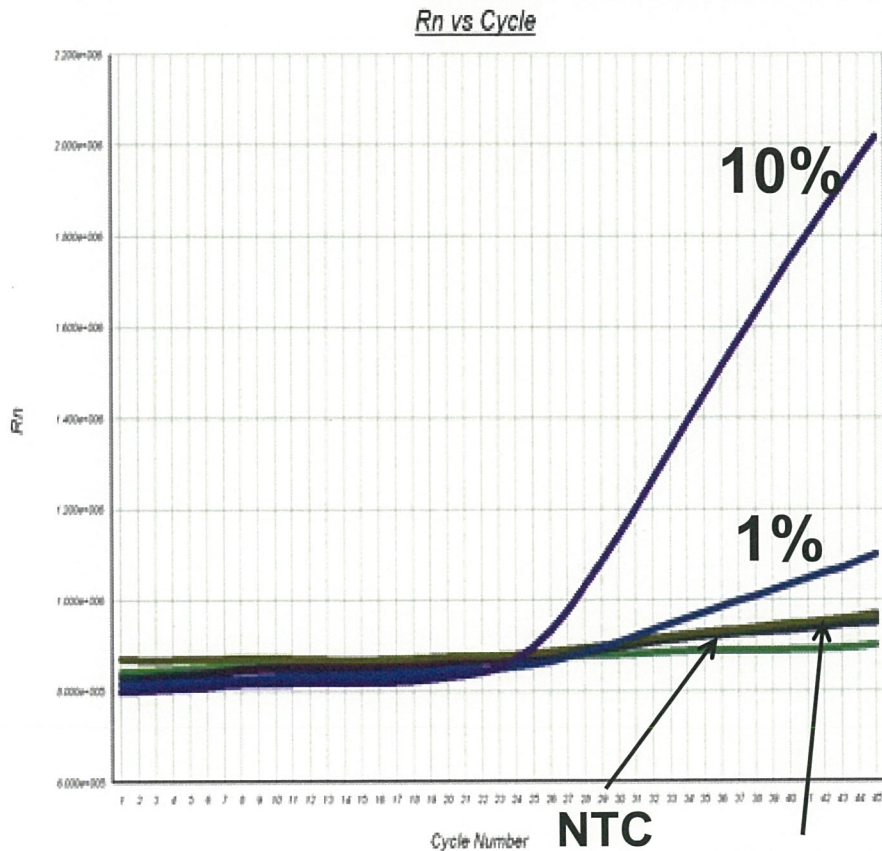


Detection of Mutant Allele



低頻度 : Rare Mutation検出

- プローブ特異的アッセイはプライマー特異的アッセイよりも高い信頼性ではありますが、1%未満のMutantのアッセイは困難です



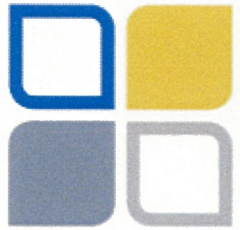
Cycle Threshold Values

Mutant Fraction	Mutant	Wildtype
10%	24.5	24.8
1%	27.9	25.1
0.1%	no call	24.9
0.05%	no call	25.1
0.01%	no call	25.0
0%	no call	25.0
NTC	Undetermined	Undetermined

Selected Detector: FAFI; Start: (Auto); End: (Auto); Threshold: 675M 703/2500
 Wavelength: 62-80
 Document: 20191026_EGFP1_30000.ods (Standard Curve)

0%~0.1%





低頻度 : Rare Mutation検出

- QX100では、ドロップレットによる区画化により一区画あたりの変異存在比を上昇させることで、存在比率の低いMutantの検出を行うことができます

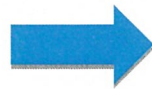
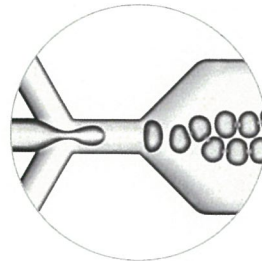
(例) **バルクサンプル – 20 μ L**

Wild type: 40,000コピー

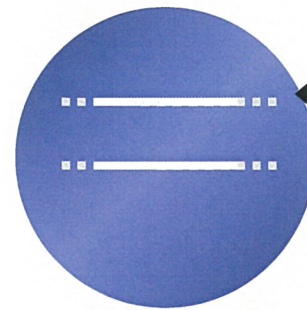
Mutant: 40コピー



変異存在比 **0.1%**

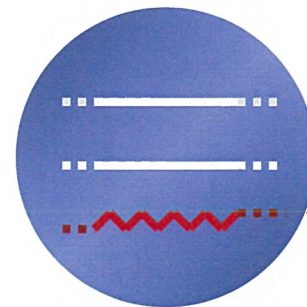


区画化サンプル – 20,000個 × 1nL



白線: Wild type

19,960個のドロップレット
(変異なし)



40個のドロップレット
(変異あり)

赤波線: Mutant

変異存在比 **33%**



ddPCRで出来ること

遺伝子間の 発現量比較

遺伝子について、コピー数で測定するために、遺伝子A と遺伝子Bの発現量をダイレクトに比較することができます。

微量遺伝子 定量解析

•、低コピー数遺伝子の定量解析をより正確に行うことができます

染色体等の DNA本数の比較

出力データはコピー数であるため、宿主細胞に対して導入遺伝子の数や、ウイルスの野生型、変異型の数の比較ができます。