

NEBNext UltraExpress™ FS DNA Library Prep Kit

NEB #E3325S/L

24/96 reactions

英語版マニュアル Version 3.0 9/25 に対応

目次：

概要	3
プロトコール	4
断片化／エンドプレップ	4
アダプターライゲーション	5
アダプター付加 DNA の PCR 増幅	6
PCR 増幅産物の Phased Beads クリーンアップ	7
Appendix A：ライブラリーサイズ変更のための断片化時間およびクリーンアップの推奨設定	9
Appendix B：インプット量ごとの PCR サイクル数の推奨設定	10
キット構成	11
改訂履歴	11

本日本語版マニュアルは、オリジナル英語版マニュアル Version 3.0 に基づいて作成しています。製品のご使用にあたり、必ずウェブサイト製品ページより最新の英語版マニュアルをご確認ください (<https://www.neb.com/ja-jp/products/e3340nebnext-express-fs-dna-library-prep-kit>)。

ライブラリーキットの内容：

キットには最大 24 反応 (NEB #E3340S) および 96 反応 (NEB #E3340L) の調製に十分な液量の試薬が含まれている。すべての試薬は -20°C で保存すること。行頭記号の色は、試薬チューブのキャップの色を示す。

Package 1： -20°C で保存

- (黄色) NEBNext[®] UltraExpress FS Enzyme Mix
- (黄色) NEBNext UltraExpress FS Reaction Buffer
- (赤色) NEBNext UltraExpress Ligation Master Mix
- (青色) NEBNext MSTC High Yield Master Mix
- (白色) TE Buffer (1X)
- (白色) NEBNext Bead Reconstitution Buffer

キットの他に別途準備が必要なもの：

- 80%エタノール (用事調製)
- ヌクレアーゼフリー水
- DNA LoBind[®] Tubes (Eppendorf[®] #022431021)
- DNase-、RNase-free 0.2 ml PCR チューブ (サーマルサイクラー推奨のものを使用)
- NEBNext Multiplex Oligos for Illumina[®]
詳細については www.neb.com/oligos を参照
- SPRIselect Reagent Kit (Beckman Coulter[®], Inc. #B23317) または AMPure XP Beads (Beckman Coulter, Inc. #A63881)
- マグネットラック/スタンド (参考製品：NEB #S1515S)
- ボルテックス
- サーマルサイクラー
- Agilent[®] Bioanalyzer[®] や TapeStation などの DNA/RNA 定性解析装置およびチップ
- UV/Vis 吸光度計 (Thermo Scientific[™] NanoDrop[™] または Lunatic (Unchained Labs) など)

概要：

NEBNext UltraExpress FS DNA Library Prep Kit には、Illumina プラットフォームでの次世代シーケンシングのための、高速かつ高品質なライブラリー調製のために必要な酵素とバッファーが含まれている。NEBNext UltraExpress DNA Library Prep Kit は、インタクトな 10～200 ng の DNA に対応している。高速かつシンプルなワークフローにより、作業時間を最小限に抑えることが可能である。また、インプット量によらず、単一のアダプター希釈および PCR サイクルを使用できる。また、ライブラリー調製がシングルチューブで完了するため、プラスチック廃棄物を減らすことが可能である。通常のプロトコールに加えて、Appendix A にライブラリーサイズを変更する際の断片化時間とクリーンアップの推奨条件、Appendix B にライブラリー収量の最適化のための PCR サイクル数の推奨条件を記載している。

注意：本キットはメチローム解析のためのバイサルファイト変換や酵素変換ワークフロー、および FFPE DNA には対応していない。

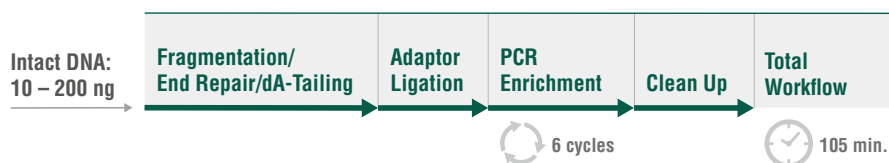
各キットの構成部品は、厳格な品質管理基準を満たしている。また、新しいロットごとにインデックス付きのライブラリー調製を実施、イリミナ社のシーケンサーでシーケンシングすることで、試薬一式の性能の検証を実施している。

より大容量の試薬が必要な場合には、カスタム包装およびバルク包装の製品を NEB の OEM/Bulks 部門から購入できる。

問い合わせ先：tech.jp@neb.com



本製品に関するよくある質問については、NEB.com の製品ページを参照すること。

図 1：NEBNext UltraExpress FS DNA ワークフロー



プロトコール:

プロトコールの一時停止可能なポイント

-  プロトコールの一時停止可能なポイント。
-  プロトコール中で本記号が付いたステップでは、複数の方法から1つを選択する。選択すべき方法はインプット DNA 量などにより異なる。
- 行頭記号の色は反応に使用する試薬のキャップの色を示す。

Starting Material: 10 ~ 200 ng のインタクトな DNA を使用する。DNA 液量が 15 μ l 以下の場合には、1X TE Buffer を加えて 15 μ l とすること。10 mM Tris-HCl、pH 8.0 や low EDTA TE、0.1X TE、ヌクレアーゼフリー水もサンプルの希釈に使用可能である。

1. 断片化/エンドプレップ

注意:

- (1) **NEBNext UltraExpress FS Reaction Buffer** は完全に溶解させること。もし沈殿が見られた場合には、ピペティングにより完全に溶かし、ボルテックスにより混合し、使用まで氷上で保管すること。
- (2) **NEBNext UltraExpress FS Enzyme Mix** は使用前にボルテックスによりしっかりと混合すること。
- (3) 図 1.1 に典型的な断片長、ライブラリー長、インサート長の分布が示されている。
- (4) 37°Cにおいて時間依存的に断片化される。断片長を変化させたい場合には、Appendix A の断片化時間とクリーンアップの推奨事項を参考に最適化すること。

- 1.1. 使用前に NEBNext UltraExpress FS Enzyme Mix と NEBNext UltraExpress FS Reaction Buffer を 5 ~ 8 秒間ボルテックスしてしっかりと混合する。複数サンプルを処理する場合、NEBNext UltraExpress FS Enzyme Mix と NEBNext UltraExpress FS Reaction Buffer のマスターミックスを作成してもよい。ただし、反応直前に作成し、すぐに使用すること。
- 1.2. 氷上で滅菌済みヌクレアーゼフリーチューブに以下の構成を添加する。

試薬	1 反応あたりの液量
Intact DNA*	15 μ l
● (黄色) NEBNext UltraExpress FS Reaction Buffer	4 μ l
● (黄色) NEBNext UltraExpress FS Enzyme Mix	1 μ l
全液量	20 μl

* インタクトなゲノム DNA、cDNA、プラスミドおよび増幅産物。

- 1.3. 5 秒間ボルテックスして混合し、スピンドウンする。少量の気泡が発生しても反応には影響しない。
- 1.4. Heat lid を 75°C以上に設定したサーマルサイクラー内にチューブを設置し、以下のプログラムを実行する。
37°C、20 分
65°C、15 分
4°C、保持


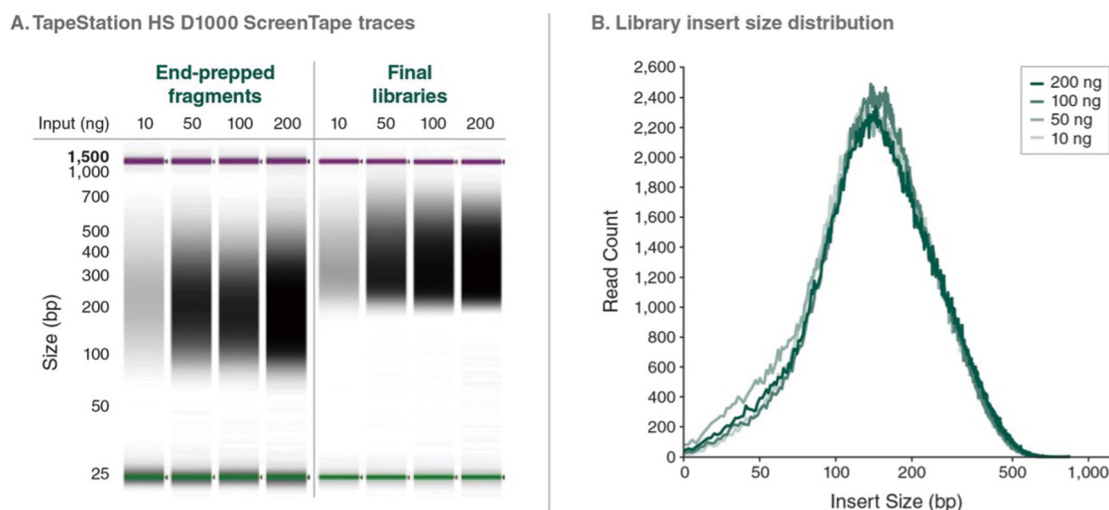
 -20°Cで保存可能ではあるものの、若干の収量低下(約 20%)が起こる。そのため、ここで停止せずに次のアダプターライゲーションまで進むことを推奨する。

図 1.1 : 10、50、100、200 ng のヒトゲノム DNA (NA19240) に対し、NEBNext UltraExpress FS DNA Library Prep Kit で 20 分間の酵素断片化を実施した際の、断片化後の DNA、ライブラリー、インサート長サイズの分布の例



(A) ヒトゲノム DNA (NA19240) を用いて、エンドプレップ後に 2X ビーズ精製してからアダプターライゲーションした DNA 断片と、完成したライブラリーの TapeStation HS D1000 ScreenTape[®] による泳動像。(B) Picard CollectInsertSizeMetrics で算出した、ライブラリーのインサートサイズ分布のグラフ。

2. アダプターライゲーション

2.1. ステップ 1.4. の断片化反応液に下記の試薬を氷上にて追添加する。

試薬	1 反応あたりの液量
断片化反応液 (Section 1 のステップ 1.4.)	20 μ l
● (赤色) NEBNext Adaptor for Illumina*	2 μ l
● (赤色) NEBNext UltraExpress Ligation Master Mix**	20 μ l
全液量	42 μl

* NEBNext アダプターは、別売の NEBNext Multiplex Oligos for Illumina に付属している。詳細については www.neb.com/oligos を参照すること。

** NEBNext UltraExpress Ligation Master Mix は、使用前に複数回ピペティングして混合しておくこと。

注意：NEBNext UltraExpress Ligation Master Mix と希釈したアダプターを事前に混合しないこと。

2.2. 100 μ l のピペットを 40 μ l にセットし、10 回以上ピペティングして完全に混合する。スピンドウンによりチューブ内の側面から全液体を回収する。

注意：NEBNext UltraExpress Ligation Master Mix は粘性が非常に高い。ライゲーション反応溶液の混合が不完全であるとライゲーション効率が低下するため、十分に混合すること。少量の気泡が存在しても性能には影響しない。

2.3. Heat lid をオフにして、サーマルサイクラー内にチューブを設置し、20°C で 15 分インキュベートする。

2.4. ステップ 2.3. の反応液に 3 μ l の ● (赤色) USER[®] Enzyme を追添加する。全液量は 45 μ l になる。40 μ l にセットしたピペットでゆっくりと 10 回混合する。

2.5. Heat lid を 47°C 以上に設定したサーマルサイクラー内にチューブを設置し、以下のプログラムを実行する。

37°C、5 分

4°C、保持



サンプルは -20°C で一晩保存可能である。

3. アダプター付加 DNA の PCR 増幅



Forward/Reverse プライマーが個別のチューブに含まれる NEBNext Index Primer を使用する場合は、3.1.1A. に従う。各プライマーの濃度は 10 μ M である。

Forward/Reverse プライマーミックスがあらかじめ混合されている NEBNext Index Primer を使用する場合は、3.1.1B. に従う。各プライマー濃度は 5 μ M、合計で 10 μ M である。

3.1. PCR 増幅

3.1.1. ステップ 2.5. のアダプター付加 DNA に以下の構成成分を添加する。

3.1.1A. Forward/Reverse プライマーが個別のチューブに含まれている場合

試薬	1 反応あたりの液量
アダプター付加 DNA (ステップ 2.5.)	45 μ l
● (青色) NEBNext MSTC High Yield Master Mix	45 μ l
● (青色) Index Primer/i7 Primer ^{**} ^{***}	5 μ l
● (青色) Universal PCR Primer/i5 Primer ^{**} ^{***}	5 μ l
全液量	100 μ l

3.1.1B. Forward/Reverse プライマーが 1 つのチューブに含まれている場合 (プレミックス)

試薬	1 反応あたりの液量
アダプター付加 DNA (ステップ 2.5.)	45 μ l
● (青色) NEBNext MSTC High Yield Master Mix	45 μ l
Index/Universal Primer ^{**} ^{***}	10 μ l
全液量	100 μ l

* NEBNext Multiplex Oligos for Illumina はキット本体には付属しない。また、有効なインデックスプライマーの組み合わせについては、NEBNext Index Oligo Selector (<https://indexoligo.neb.com/>) を確認すること。

** 各サンプルに対し、1 種類の i7 Primer/i7 index primer を使用すること。
また、各サンプルに対し 1 種類の i5 primer (シングルインデックスの場合には Universal primer) を使用すること。

3.1.2. 100 μ l または 200 μ l のピペットを 90 μ l にセットし、10 回以上ピペッティングして完全に混合して、スピンドウンする。

3.1.3. サーマルサイクラーにチューブをセットし、Heat lid を 105°C の設定で以下のサイクル条件を用いて PCR を行う。

サイクルステップ	温度	時間	サイクル数
初期変性	98°C	30 秒間	1
変性	98°C	10 秒間	6
アニーリング/伸長	65°C	75 秒間	
最終伸長	65°C	5 分間	1
保持	4°C	∞	

6 サイクルの PCR 増幅により、10 ~ 200 ng までのインプット DNA に対し、シーケンシングに十分なライブラリー収量が得られる。よって、インプット DNA 量のすべての範囲に対して単一の PCR サイクル数での増幅が可能である。

注意：

(1) 100 ng 以上のインプット DNA については、6 サイクルの PCR によってノンリニアな増幅が起こる可能性がある。ノンリニアな増幅が起こった場合には、BioAnalyzer や TapeStation のようなサイズ分布によるライブラリーの定量結果が不正確となる可能性がある。その場合は、NanoDrop や Lunatic のような吸光度計を用いて定量することを推奨する。図 4.1 の例を参照すること。

(2) アダプターの希釈率と PCR サイクル数は高品質なゲノム DNA と NEBNext Adaptor for Illumina を用いて検証されている。他のインプット DNA については、アダプターの希釈率と PCR サイクル数の最適化が必要である。

(3) 特定のライブラリー収量を得るためには、Appendix B を参照しアダプター希釈と PCR サイクル数を最適化すること。

(4) NEBNext Bead Reconstitution Buffer は Phased Cleanup の前に室温に戻しておく必要がある。NEBNext Bead Reconstitution Buffer (AMPure XP を使う場合は AMPure XP も) は 30 分以上かけて室温に戻すこと。

3.1.4. Section 4 の PCR 産物の Phased Beads クリーンアップに進む。

4. PCR 増幅産物の Phased Beads クリーンアップ

注意：本項の SPRIselect/AMPure ビーズの比率は Phased Beads クリーンアップのために最適化されており、他のクリーンアップの比率とは異なる。よって、必ず本プロトコルの比率に従い、一般的なガイドラインや他キットのビーズ比率を使用しないこと。AMPure XP を使用する場合は、30 分以上かけて室温に戻すこと。

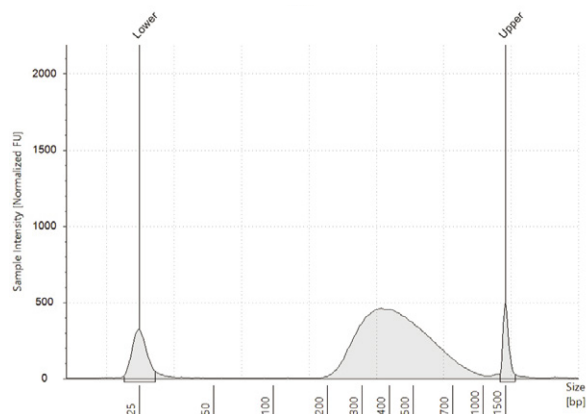
- 4.1. SPRIselect Beads または NEBNext Sample Purification Beads をボルテックスして再懸濁する。懸濁が不十分な場合、DNA 回収量が低下するため、十分に注意する。AMPure XP Beads を使用する場合、懸濁して 30 分以上かけて室温に戻した後、再懸濁してから使用する。
- 4.2. 再懸濁したビーズ 70 μ l (0.7 X) を PCR 反応産物 (~ 100 μ l) に添加する。10 回以上ピペティングして十分に混合する。最後のピペティングの際には、チップ内の液体をすべて排出するよう注意すること。
- 4.3. 5 分以上、室温でインキュベーションする。
- 4.4. マグネットスタンド上に設置し、ビーズを上清から分離する。必要に応じて、マグネットスタンドに置く前に、チューブやプレートウェルの側面から液体を集めるためにスピンドウンすること。
- 4.5. 溶液が透明 (約 5 分間) になったら、上清を注意深く除去して廃棄する。ビーズにはターゲット DNA が結合しているため、触れないように注意する (**注意：ビーズを捨てないこと**)。
- 4.6. マグネットスタンドからチューブまたはプレートを取り除く (**注意：この時点ではエタノールでの洗浄は不要である**)。100 μ l の 0.1X TE (1X TE をヌクレアーゼフリー水で 10 倍に希釈した溶液) を加える。10 回以上ピペティングして混合する。
- 4.7. 80 μ l (0.8X) の NEBNext Beads Reconstitution Buffer を追添加する。10 回以上ピペティングして混合する。**最後のピペティングの際には、チップ内の液体をすべて排出するよう注意すること。**
- 4.8. 5 分以上、室温でインキュベーションする。
- 4.9. マグネットスタンドにチューブまたはプレートを設置する。必要に応じて、マグネットスタンドに置く前に、チューブやプレートウェルの側面から液体を集めるためにスピンドウンすること。
- 4.10. 溶液が透明 (約 5 分間) になったら、上清を注意深く除去して廃棄する。ビーズにはターゲット DNA が結合しているため、触れないように注意する (**注意：ビーズを捨てないこと**)。
- 4.11. マグネットスタンド内にチューブまたはプレートを設置したまま、80%エタノール 200 μ l (用時調製) を添加する。室温で 30 秒間インキュベーションし、上清を注意深く除去し廃棄する。サンプル DNA が含まれるビーズには触れないこと。
- 4.12. ステップ 4.11. をさらに 1 回繰り返し、合計 2 回の洗浄を行う。2 回目の洗浄で残っているエタノールは完全に除去すること。必要に応じてチューブをスピンドウンし、マグネットトラックに再度設置し、P10 ピペットチップで微量のエタノールを除去する。
- 4.13. マグネットトラック上に設置した状態で、チューブの蓋を開けて最長 5 分間ビーズを風乾させる。
注意：ビーズを過乾燥させないこと。過乾燥により、ターゲット DNA の回収率が低下する可能性がある。目に見える液体はすべて蒸発しているが、ビーズが暗褐色で光沢を有する時点でサンプルを溶出させる。ビーズが淡褐色に変化し亀裂が生じ始めると過乾燥である。
- 4.14. チューブまたはプレートをマグネットスタンドから取り出す。ビーズに 33 μ l の 0.1X TE (1X TE をヌクレアーゼフリー水で 10 倍に希釈した溶液) を添加して、ターゲット DNA を溶出する。
- 4.15. 10 回のピペティング、またはボルテックスミキサーで十分に混合する。室温で 2 分以上インキュベーションする。必要に応じて、マグネットスタンドに置く前に、チューブやプレートウェルの側面から液体を集めるためにスピンドウンすること。
- 4.16. チューブまたはプレートをマグネットスタンド上に設置し、溶液が透明 (約 5 分間) になるまで静置しておく。上清の 30 μ l を新しい PCR チューブに移し、-20°C で保存する。
- 4.17. Agilent Bioanalyzer High Sensitivity DNA Chip または TapeStation D1000 HS ScreenTape を用いてライブラリーのサイズ分布を確認する。必要に応じてライブラリーを希釈してから泳動する。



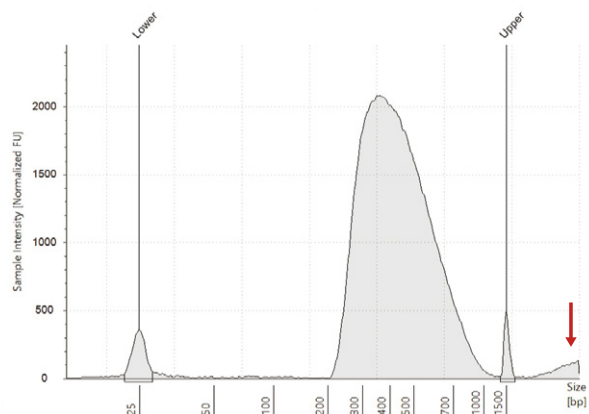
サンプルは -20°C で保存可能である。

図 4.1：ヒトリファレンス DNA (NA19240) で調製したライブラリーの泳動像の例

A. 10 ng のヒト DNA (NA19240) から調製したライブラリー



B. 200 ng のヒト DNA (NA19240) から調製したライブラリー



(A) 10 ng および (B) 200 ng のヒト DNA (NA19240) から 6 サイクルの PCR 増幅で作成したライブラリーを、1 : 3 で希釈して HSD1000 ScreenTape[®] を用いて TapeStation で泳動した。図 B の 200 ng サンプルにおいて、Upper を超えるピークが観測される (赤矢印)。これは、PCR サイクルが多いことによって生じる、ノンリニアな増幅産物に由来している。この増幅産物はシーケンスの結果には悪影響を与えないものの、ScreenTape 上での移動速度の差異により、ライブラリー濃度の定量精度が低下する恐れがある。そのため、このようなピークが観測された場合には、400 bp または目的のライブラリーサイズを用いて、NanoDrop または Lunatic 等の分光光度計を用いてライブラリー濃度を測定し、濃度値をナノモル単位に変換することを推奨する。

注意：もし 150 ~ 180 bp にアダプターダイマー由来のピークが観測された場合には、個別またはプールされたライブラリーであっても、追加で 0.8X のビーズ精製の実施が可能である。追加のクリーンアップにより若干のライブラリー収量の低下とライブラリーサイズの上昇がみられるものの、シーケンス結果にはほとんど影響しない。

Appendix A

ライブラリーのサイズ分布を変更するための、断片化時間およびクリーンアップの最適化に関する推奨事項

本マニュアルに記載のプロトコルは、迅速かつ効率的なライブラリー調製を目的としている。ライブラリーのサイズを変更したい場合の参考として、37°Cでの断片化時間や、完成したライブラリーのクリーンアップ条件を変更した際の、ライブラリーサイズ、インサートサイズの目安を記載する。

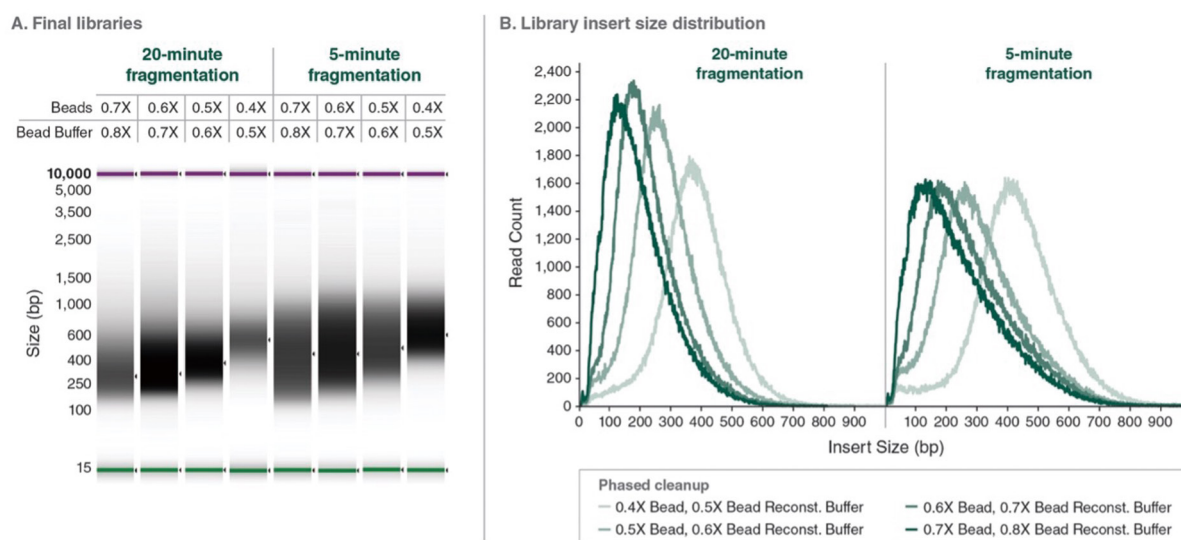
注意：ビーズ添加量が0.5X未満のPhased クリーンアップを行うと、ライブラリーの収量が低下する。以下の推奨事項は、PCR サイクル数が6 サイクルのプロトコル（ステップ3.1.3.）に従い、100 ng 以上の1 kb 以上のDNA またはインタクトなゲノムDNA をインプットDNA として用いた場合のみ適用可能である。10 ~ 100 ng のインプットDNA に対してPhased クリーンアップの条件を変更する場合には、クリーンアップの前に追加のPCR サイクルを行うことを推奨する（Appendix B を参照のこと）。

表 A1：断片化時間を変更、または Phased クリーンアップの条件を変更した際の、ライブラリーおよびインサートのサイズ分布の概算値

ライブラリーサイズおよびインサートサイズの概算値は、TapeStation の電気泳動像と、Picard の CollectInsertSizeMetrics を用いたシーケンスデータ解析によって算出された。

断片化時間 (分)	Phased クリーンアップ試薬の添加量 (μl)		ライブラリーの概算値		
	ビーズ添加量 (ステップ 4.2.)	Beads Reconstitution Buffer の添加量 (ステップ 4.7.)	LIBRARY SIZE DISTRIBUTION (bp)	INSERT SIZE DISTRIBUTION (bp)	PEAK INSERT SIZE (bp)
20	70 (0.7X)	80 (0.8X)	200 ~ 720	80 ~ 600	125
	60 (0.6X)	70 (0.7X)	220 ~ 770	100 ~ 650	175
	50 (0.5X)	60 (0.6X)	250 ~ 820	130 ~ 700	250
	40 (0.4X)	50 (0.5X)	350 ~ 920	230 ~ 800	375
5	70 (0.7X)	80 (0.8X)	200 ~ 820	80 ~ 700	150
	60 (0.6X)	70 (0.7X)	220 ~ 850	100 ~ 730	200
	50 (0.5X)	60 (0.6X)	250 ~ 920	130 ~ 800	275
	40 (0.4X)	50 (0.5X)	350 ~ 1,000	230 ~ 880	400

図 A1：100 ng のヒトゲノム DNA (NA19240) を酵素により 5 分または 20 分断片化し、ビーズ量を変更した Phased クリーンアップを実施した際の、ライブラリーおよびインサート長サイズの分布の例



(A) ヒト gDNA (NA19240) 100 ng を 20 分間または 5 分間断片化し、マニュアルに記載の Phased クリーンアップ、またはビーズ量を変更した Phased クリーンアップにより精製した最終ライブラリーの TapeStation HS D5000 ScreenTape による泳動結果。左端の最初の TapeStation レーンは、マニュアルに記載の断片化およびクリーンアップ条件でのライブラリーの泳動像である。

(B) Picard CollectInsertSizeMetrics ツールによって決定された、ライブラリーのインサートサイズ分布のグラフ。

Appendix B

インプット量ごとの PCR サイクル数の推奨設定

本キットはインプット量によらず共通の PCR サイクル数でライブラリー調製が可能であるが、インプット量ごとに PCR サイクル数を変更することもできる。

表 1 は、インプット量ごとの 100 ng のライブラリー収量に達する PCR サイクル数の目安である。

表 1：100 ng のライブラリー収量に必要な PCR サイクル数

インプット DNA 量	> 100 ng のライブラリー収量に必要な PCR サイクル数 (30 μ l のクリーンアップ済ライブラリーにおいて、> 15 nM となる)
≥ 100 ng	3 ~ 4
50 ng	5 ~ 6
10 ng	6 ~ 7

表 2 は、インプット量ごとの 1 μ g のライブラリー収量に達する PCR サイクル数の目安である。

表 2：1 μ g のライブラリー収量に必要な PCR サイクル数

インプット DNA 量	約 1 μ g のライブラリー収量のために必要な PCR サイクル数 (30 μ l のクリーンアップ済ライブラリーにおいて、約 150 nM となる)
≥ 100 ng	5 ~ 6
50 ng	7 ~ 8
10 ng	9 ~ 10

キットの構成

NEB #E3340S 構成表

NEB #	製品	液量
E3347A	TE Buffer (1X)	0.72 ml
E3344A	NEBNext UltraExpress FS Reaction Buffer	0.096 ml
E3343A	NEBNext UltraExpress FS Enzyme Mix	0.024 ml
E3345A	NEBNext UltraExpress Ligation Master Mix	0.48 ml
E3346A	NEBNext MSTC High Yield Master Mix	1.08 ml
E3348A	NEBNext Bead Reconstitution Buffer	1.92 ml

NEB #E3340L 構成表

NEB #	製品	液量
E3347AA	TE Buffer (1X)	2.88 ml
E3344AA	NEBNext UltraExpress FS Reaction Buffer	0.384 ml
E3343AA	NEBNext UltraExpress FS Enzyme Mix	0.096 ml
E3345AA	NEBNext UltraExpress Ligation Master Mix	2 x 0.96 ml
E3346AA	NEBNext MSTC High Yield Master Mix	4.32 ml
E3348AA	NEBNext Bead Reconstitution Buffer	7.68 ml

改訂履歴：

改訂番号	内容	日付
1.0	N/A	12/23
2.0	図の凡例をグラフに合わせて更新。ヘッダーとフッターを新しいロゴに更新	4/24
3.0	キットの他に別途準備が必要なものに記載されている、インデックスプライマーの内容を修正	9/25



This product is intended for research purposes only. This product is not intended to be used for therapeutic or diagnostic purposes in humans or animals.

This product is covered by one or more patents, trademarks and/or copyrights owned or controlled by New England Biolabs, Inc. For more information about commercial rights, please email us at busdev@neb.com. While NEB develops and validates its products for various applications, the use of this product may require the buyer to obtain additional third party intellectual property rights for certain applications.

This product is licensed for research and commercial use from Bio-Rad Laboratories, Inc., under U.S. Pat. Nos. 6,627,424, 7,541,170, 7,670,808, 7,666,645, and corresponding patents in other countries. No rights are granted for use of the product for Digital PCR or real-time PCR applications, with the exception of quantification in Next Generation Sequencing workflows.

NEW ENGLAND BIOLABS®, NEB®, NEBNext®, NEBNext UltraExpress™, USER® は、New England Biolabs, Inc. の商標または登録商標です。

ILLUMINA® is a registered trademarks of Illumina, Inc. AGILENT®, BIOANALYZER® and SCREENTAPE® are registered trademark of Agilent Technologies, Inc.

BECKMAN COULTER® is a registered trademarks of Beckman Coulter, Inc. EPPENDORF® and LOBIND® are a registered trademark of Eppendorf AG.

THERMO SCIENTIFIC™ and NANODROP™ are trademarks of Thermo Fisher Scientific Inc.

© Copyright 2026, New England Biolabs, Inc.; all rights reserved.

ご質問は弊社テクニカルサポート (Tel: 03-4545-1420、E-mail: tech.jp@neb.com) までお問い合わせください。



ニュー・イングランド・バイオラボ・ジャパン株式会社

〒130-0022 東京都墨田区江東橋 2-2-3

カスタマーサービス TEL : 03-4545-1421 FAX : 03-5669-6194

テクニカルサポート TEL : 03-4545-1420 Email : tech.jp@neb.com

ウェブサイト : www.neb.com

