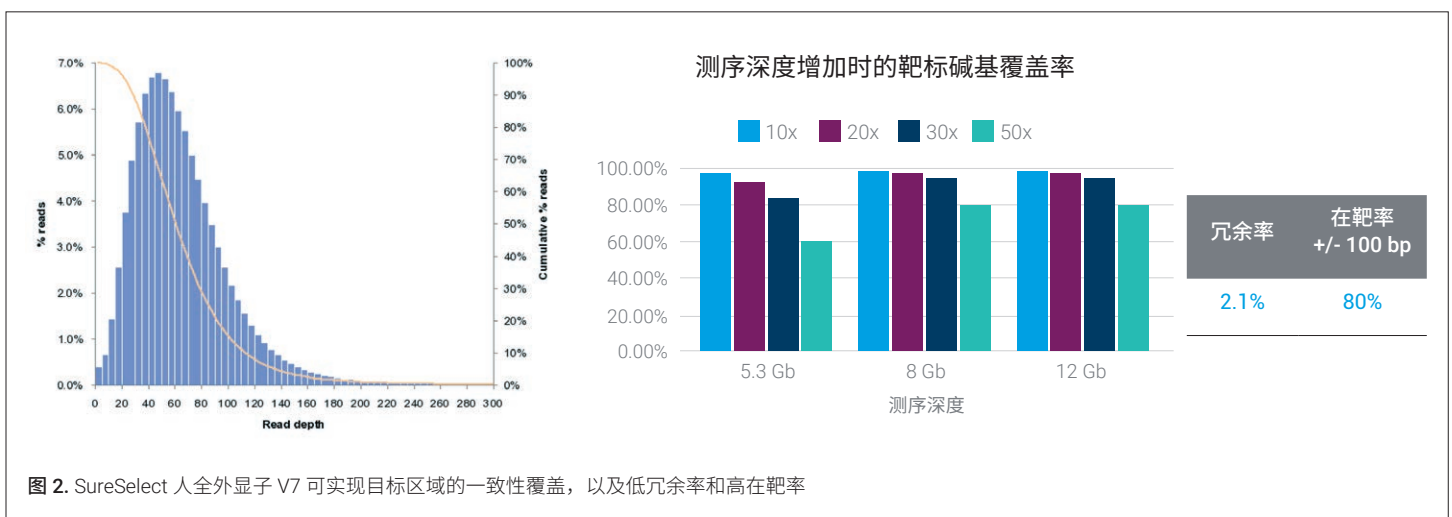
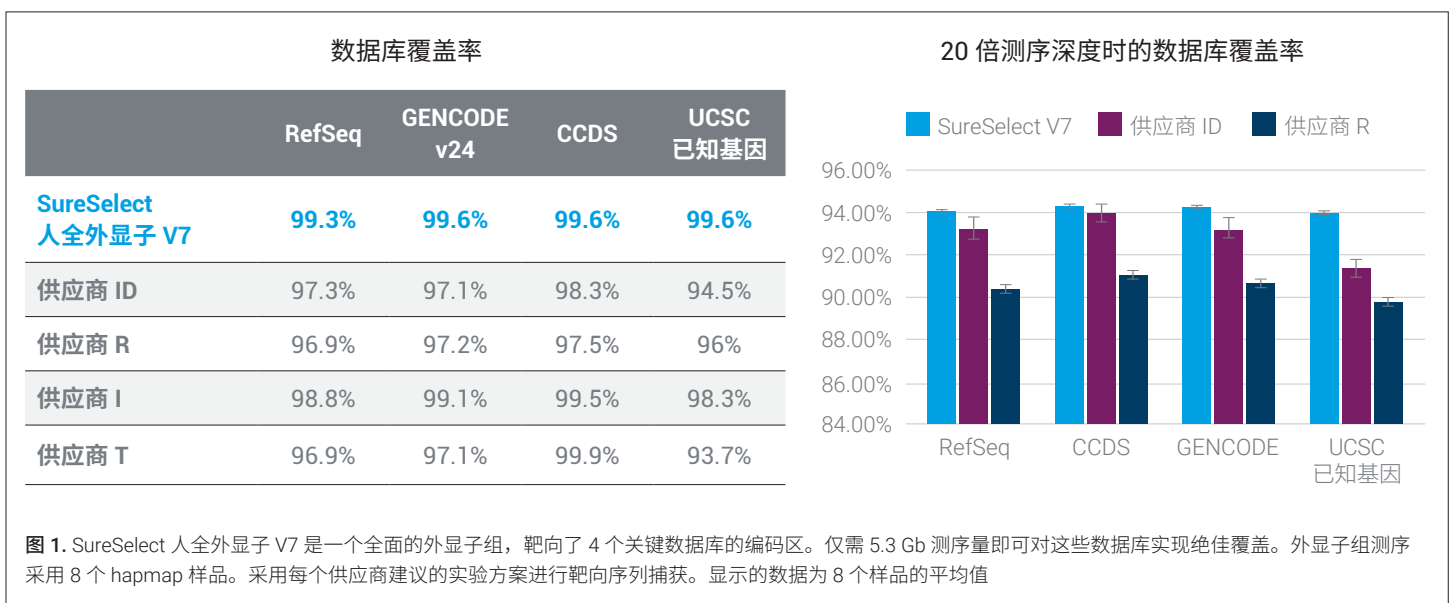


## 精雕细琢的设计，出色的覆盖率，最少的测序量

**SureSelect 人全外显子 V7** 是一个靶向 35.7 Mb 区域的精雕细琢的外显子组，其设计大小只有 48.2 Mb。捕获探针的设计方法基于创新的机器学习，可降低测序成本，还可实现关键数据库的编码区的绝佳覆盖，包括 RefSeq、CCDS、GENCODE 等数据库。

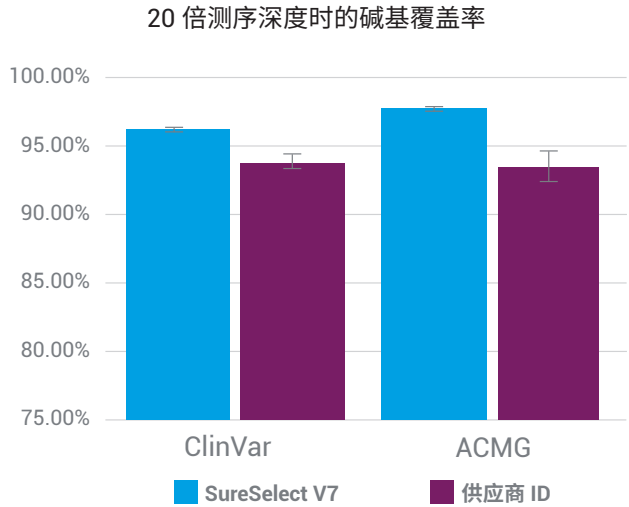
### 最少测序量实现最大覆盖率



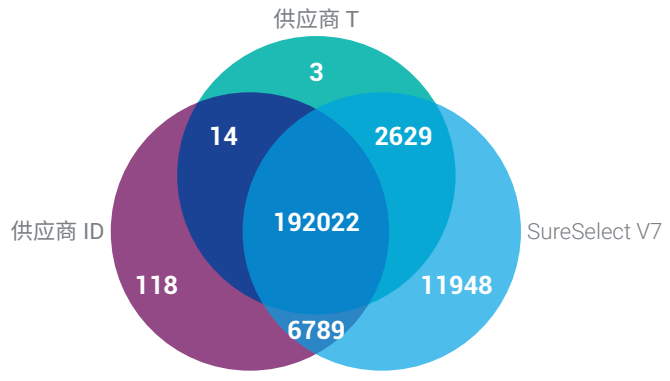
# 最全面的变异检测平台

	SureSelect 人全外显子 V7	供应商 ID	供应商 T
编码外显子靶向率*	99.7%	92.9%	90.0%
不完全覆盖的疾病相关基因数目	51	1,377	1,574
丢失的 ClinVar 致病性变异数目**	1	93	192

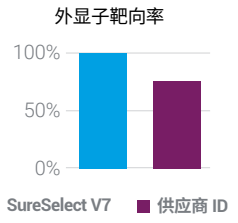
\* 编码外显子总数目 = 213994; 来源 = RefSeq、GENCODE v24、CCDS、UCSC 已知基因  
 \*\* 将 ClinVar 编码区中的致病性/可能致病性变异根据每个供应商的靶标进行分割



每个外显子组的靶向外显子重叠图

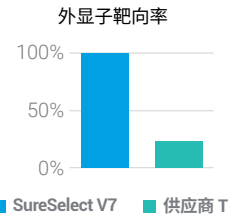


SureSelect V7 实现对 *LCAT* 基因的完整覆盖



*LCAT* 基因突变与 Norum (诺卢姆病) 和鱼眼病有关

SureSelect V7 实现对 *TNXB* 基因的完整覆盖



*TNXB* 基因突变与埃勒斯-当洛斯综合征有关

图 3. SureSelect 人全外显子 V7 提供了一个高度完整的变异检测平台。SureSelect V7 可靶向 4 个关键数据库中 >99% 的编码外显子，对 ClinVar 实现最为全面的覆盖。其他外显子组对疾病相关基因的不完全覆盖会导致多个致病性变异丢失

## SureSelect V7 可实现对所有外显子的绝佳覆盖，包括难捕获的外显子

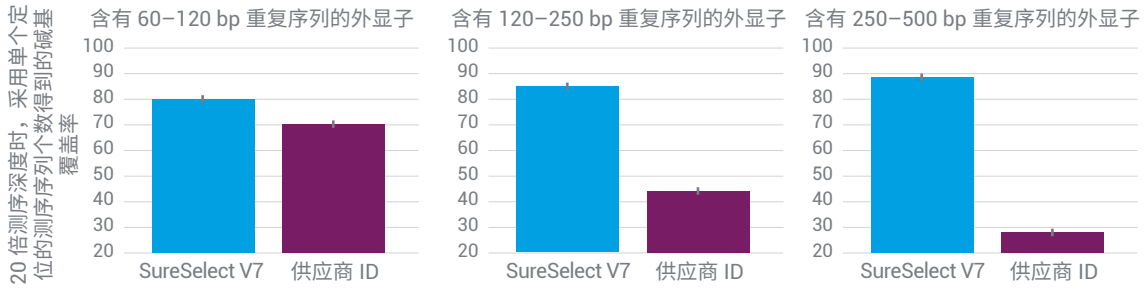


图 4. SureSelect 人全外显子 V7 靶向并出色地覆盖含有重复序列的外显子，因此能对这些区域进行可靠的变异识别。只采用单个定位的测序序列个数进行分析

[www.agilent.com/genomics](http://www.agilent.com/genomics)

仅限研究使用。不可用于诊断目的。  
 本文中的信息、说明和指标如有变更，恕不另行通知。

PR7000-1841  
 © 安捷伦科技 (中国) 有限公司, 2018  
 2018 年 2 月, 中国出版  
 5991-9040ZHCN

