

Twist Comprehensive Viral Research Panel

新規のウイルスおよび高度に進化したウイルスを広範に同定するための Twist ターゲットエンリッチメントソリューション

主な利点

1検体で 3,100 を超すウイルスゲノムをスクリーニング

- ウイルス性のヒト病原体および非ヒト病原体 3,153 種をスクリーニングする、100 万種類を超す固有のプロープを含有
- RefSeq、FluDB および VIPRdb データベース全体のウイルスゲノムから収集した配列を用いて設計
- ヒトに感染することが知られているウイルスを少なくとも1つ含む全てのウイルス科に対応

新規ウイルス種の検出および特徴づけ

- 環境検体およびヒト検体からの多様なウイルス種を監視可能
- 同様の症状を引き起こす可能性のある複数のウイルスを識別

多様なウイルス種の同時感染を検出

- 1回のキャプチャで複数のウイルス/株を検出する設計

One Codex のソフトウェアを使用した end-to-end のソリューションを完備

- ウイルス種の同定および遺伝子構成の比率を含む公開に対応したレポートを作成

パンデミックを起こす可能性がある新規のウイルス性病原体の頻繁な出現により、新規の病原体の検出および監視方法の改善の必要性が注目されています。qPCR のような配列依存性のアプローチとは異なり、次世代シーケンス (NGS) は、既存の配列情報のないウイルスの同定に使用できます。既存のターゲットエンリッチメントパネルは、この目的における NGS の分析感度を大幅に高めますが、バイアスのないウイルス同定のための包括的なパネルは存在しません。このアンメットニーズを満たす Twist Comprehensive Viral Research Panel により、研究者は未知の病原体および極めて多様なウイルス株を迅速に捉えて配列を解析できます。

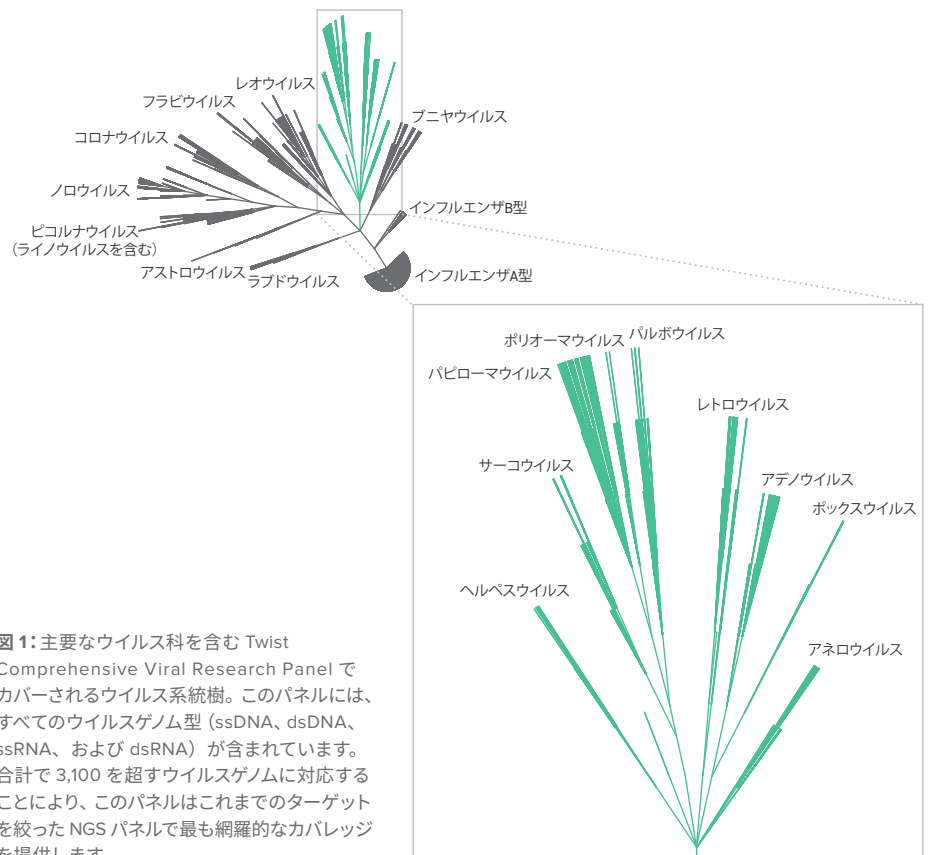


図 1: 主要なウイルス科を含む Twist Comprehensive Viral Research Panel でカバーされるウイルス系統樹。このパネルには、すべてのウイルスゲノム型 (ssDNA、dsDNA、ssRNA、および dsRNA) が含まれています。合計で 3,100 を超すウイルスゲノムに対応することにより、このパネルはこれまでのターゲットを絞った NGS パネルで最も網羅的なカバレッジを提供します。

ウイルス性病原体の包括的検出

Twist Comprehensive Viral Research Panel は、ヒトのウイルス種およびヒト以外のウイルス種 3,153 種の遺伝子配列 (15,488 種の異なるウイルス株を含む) をターゲットとしています。パネルがターゲットとするウイルス科には、COVID-19 パンデミックの原因であるコロナウイルスや、急速に進化してその流行期間と関連症状に影響を及ぼすインフルエンザウイルスがあります。ヒトに影響を及ぼすことが知られているウイルスを 1 種類以上有する全ての科をパネルの設計に入れました (図 1)。このパネルの設計では、RefSeq、FluDB および VIPR データベースのウイルス配列データを使用し、各ウイルス種のゲノムをタイル状に配列した 100 万を越す固有のプロープとしました。このパネルは、複数のウイルスゲノム型 (一本鎖 RNA、二本鎖 RNA、一本鎖 DNA、および二本鎖 DNA) に対応しています。Twist ライブラリー調製キット (Twist Library preparation kit) は、すべての核酸型に対応しているため幅広く様々な用途に使用できます。これらの特徴により、研究者は 1 回の反応で多種多様なウイルスを同定できます。

新規および高度に進化したウイルス性病原体の同定

Twist Comprehensive Viral Research Panel は、ハイブリッドキャプチャと NGS によって、新規ウイルス種および多様なウイルス種の濃縮と同定を可能にします。当社では、野生型配列 (A/California/07/2009(H1N1) 由来; GenBank 登録番号: NC_026433) から 5% ~ 30% の範囲までのランダムな 1 塩基置換を含む一連の合成インフルエンザ A 型ヘマグルチニン (HA) セグメントを用いて、Twist Comprehensive Viral Research Panel のミスマッチ許容性を決定しました。リファレンス配列から最大 10% の変異を含む HA セグメントについて、トータル 100 万のマッピングリードで 1x での完全なカバレッジを得ました (図 2)。ミスマッチが 10% を超す検体では、トータルのキャプチャ量が減少しました。Twist Comprehensive Viral Research Panel の高いミスマッチ許容性は、新規のウイルス種および変異型ウイルス種の発見に役立ちます。

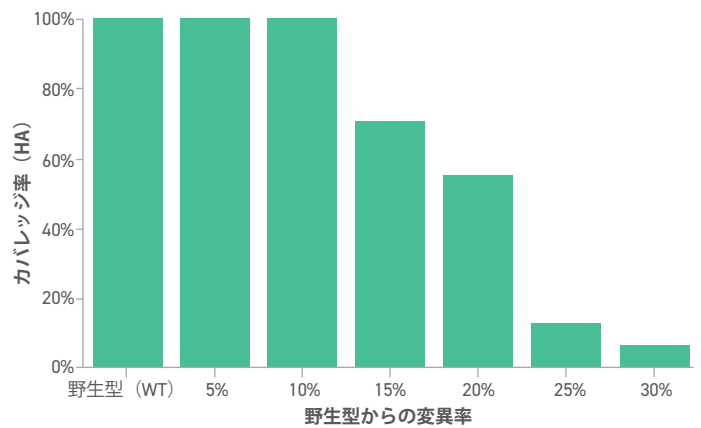


図 2: 様々なレベルのランダムミスマッチ (野生型配列から 0 ~ 30%) を含む合成 H1N1 インフルエンザ HA セグメント (Genbank 登録番号: MN416597) のキャプチャ。変異型 HA セグメントのバリエーションに対するカバレッジ率 (縦軸) を示します

単一の検体から多種ウイルスの同時感染の検出

Twist Comprehensive Viral Research Panel は、単一の検体から 3,100 を超すウイルス種を同時に検出できます。多重感染のアクセシビリティとして、4 種類の合成コントロールウイルス (各ウイルスゲノムタイプを代表するもの) をヒトリファレンス RNA の単一サンプルに添加 (スパイクイン) し、各ウイルスについてパネルのキャプチャー効率を調べました。ターゲットの濃縮後、わずか 120 万リードで、全 4 種類の合成ウイルスを 1 倍以上のカバレッジで >99.8% 検出しました (図 3)。このパネルの多重感染によるウイルスの検出能は、複雑な種類の検体 (便など) におけるメタゲノミクス監視への応用や、患者検体における診断の信頼度向上に使用できます。

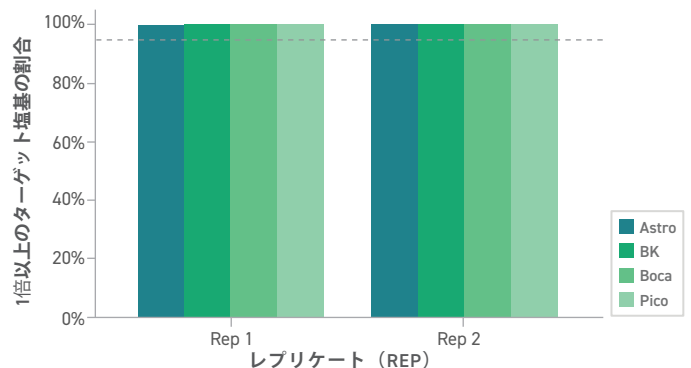
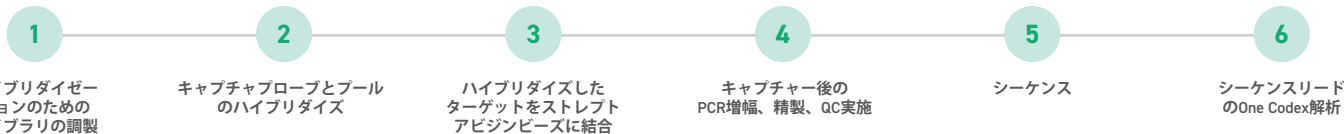


図 3: ヒト RNA に添加 (スパイクイン) した 4 種類の異なるウイルス (アストロウイルス: ssRNA、BK ウイルス: dsDNA、ボカウイルス: ssDNA、およびピコビルナウイルス: dsRNA) の多重感染。このパネルでは、わずか 120 万リードで 4 種類のウイルス全てを検出し、単一の検体中の複数のウイルス種を高い精度で検出できることを実証しました。

シンプルなワークフロー

Twist Total Nucleic Acids Library Preparation Kit と Twist ターゲットエンリッチメントワークフロー (Twist Target Enrichment workflow) を組み合わせて、Twist Comprehensive Viral Research Panel を用いた NGS による複数のウイルス同定について、簡単かつ費用対効果の高い end-to-end の流れ (図 4: 下図) を提供します。シーケンスデータは、パネルの購入時に提供される One Codex プラットフォームを用いて解析できます。



One Codex解析

Twist Comprehensive Viral Research Panel は、メタゲノミクスシーケンスデータ解析および視覚化のためのクラウドベースのプラットフォームである One Codex とバンドルで提供します (図 5)。One Codex は研究と臨床の両方のユースケースに最適であり、ウイルス関連 NGS のシーケンスデータを解釈および共有するためにカスタマイズ可能なワークフローを提供します。パネルを購入されたお客様には、クラウドプラットフォームでのサンプル分析の登録手順とクレジットが提供されます。

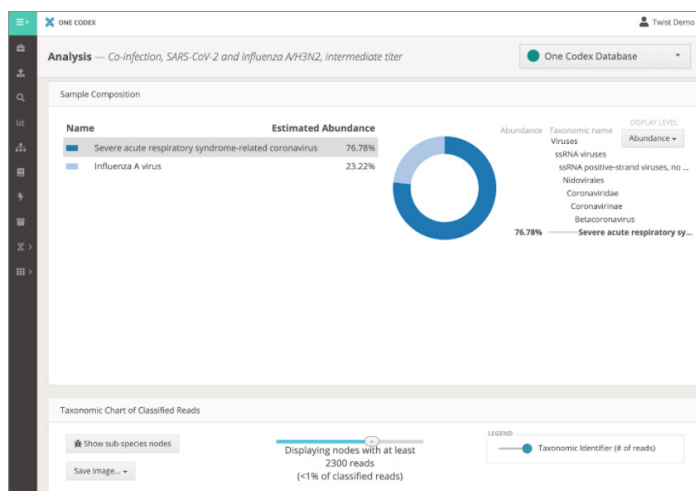


図 5: Twist Comprehensive Viral Research Panel の解析結果を表示した One Codex ユーザーインターフェース

Twist Comprehensive Viral Research Panel は、Twist Infectious Disease ポートフォリオ製品の一部です。

お問い合わせ先

twistbioscience.com/ngs

jsalescustomer@twistbioscience.com

注文案内

103545: Twist Comprehensive Viral Research Panel with One Codex software、2 反応、キット

103547: Twist Comprehensive Viral Research Panel with One Codex software、12 反応、キット

103548: Twist Comprehensive Viral Research Panel with One Codex software、96 反応、キット