

TWIST FOR ELEMENT

Exome 2.0 Plus Comprehensive Exome Spike-in のワークフロー

AVITI シークエンシングのための Twist 社で最も包括的な全エクソームエンリッチメントワークフロー

主な利点

- ライブラリコンバージョン不要で AVITI シークエンサー互換の高品質ライブラリを実現する Twist ライブラリ調製キット
- 断片化、ライブラリ調製、インデックス付加、ターゲットエンリッチメントを全て含むオールインワン製品
- 主要クリニカルデータベース登録の遺伝子をカバーする当社で普及率一の Exome 2.0 + Comprehensive Spike-in パネルを含む製品
- 最大で16もしくは96サンプルをマルチプレックス可能とする AVITI 独自の UDI

ユーザーフレンドリーソリューション: AVITI プラットフォーム互換の NGS ライブラリ調製およびターゲットエンリッチメント

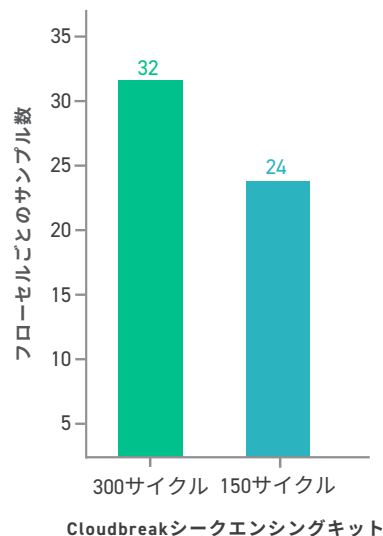
Element Bioscience の AVITI プラットフォームでは高品質のシークエンシングが可能です。そのフレキシブルな特性により、Q30 を超えるリードスコアの確率が 90% を上回っています^{1,2}。AVITI プラットフォームは、独立した 2 つのフローセルを備え、それぞれのラボに固有のニーズに合わせて柔軟なラン設定とスループットを実現できます。これによって、サンプルのバッティングを避け、コストを削減することができます。さらに、Element 社の Cloudbreak ケミストリーを使用することで、直鎖ライブラリから環状ライブラリへ変換する作業が不要となり、時間と処理手順を短縮することができます。

Twist 社は、AVITI プラットフォームでのシークエンシングのために包括的なエクソームエンリッチメントワークフローをご用意しました。サンプルからシークエンシングまで、当社の最も完全性の高いエクソームパネルと高パフォーマンスのライブラリ調製およびターゲットエンリッチメント用の試薬を含んでいます。このワークフローには、Element 社の Cloudbreak シークエンシングテクノロジーと連携するように設計されたアダプターが組み込まれています。また、独自のコンテンツをエクソームパネルに追加できるようにしています。このエクソームシークエンシングのための Twist 社のワークフローはオールインワン設計であり、AVITI シークエンシングに適合しています。

Twist Exome 2.0 plus Comprehensive Spike-in パネルに対する AVITI フローセル能力の効率的な使用

AVITI プラットフォームの 2 つの独立したフローセルにおけるエクソームシークエンシングは、サンプルのスループットに関する多様なニーズを満たすフレキシブルなプラットフォーム出力を可能にします。Twist の専門的なエクソームデザイン戦略により、ターゲット領域に対するプローブ配置を、無駄なリード長を増やすことなく、高いオンターゲット率で効率的に行うことができます。センス鎖とアンチセンス鎖の両方をキャプチャする Twist の二本鎖プローブは、ターゲットカバレッジで優れた均一性を示します。効率的なエクソームキャプチャと AVITI プラットフォームの柔軟なアウトプットを組み合わせることで、1回の測定につき最大で 64 のエクソームを処理することができます (両方のフローセルを使用した場合)。

図 1: Twist の効率的なエクソームデザインでは、ターゲット領域 37.64 Mb にわたるエクソーム領域をフローセルあたり 24 ~ 32 サンプルでシークエンシングすることが可能です。AVITI シークエンシングを実行する際に両方のフローセルを使う場合、この出力を 2 倍にすることができます。



Element の AVITI シーケンサーと Cloudbreak ケミストリを用いたエクソームシーケンシングの性能

Twist Library Preparation には、断片化、ライブラリ増幅およびエクソームのキャプチャに必要なすべてのエンリッチメント試薬が含まれます。試薬のワークフローは、均一性に優れたカバレッジを提供できるように最適化されています。AVITI プラットフォームでのエクソームシーケンシングの性能評価として、関連する Picard メトリクス³ を以下に示します。高いオンターゲット率、ライブラリの多様性および GC 含有率が高い領域と低い領域の両方におけるカバレッジが示されています。

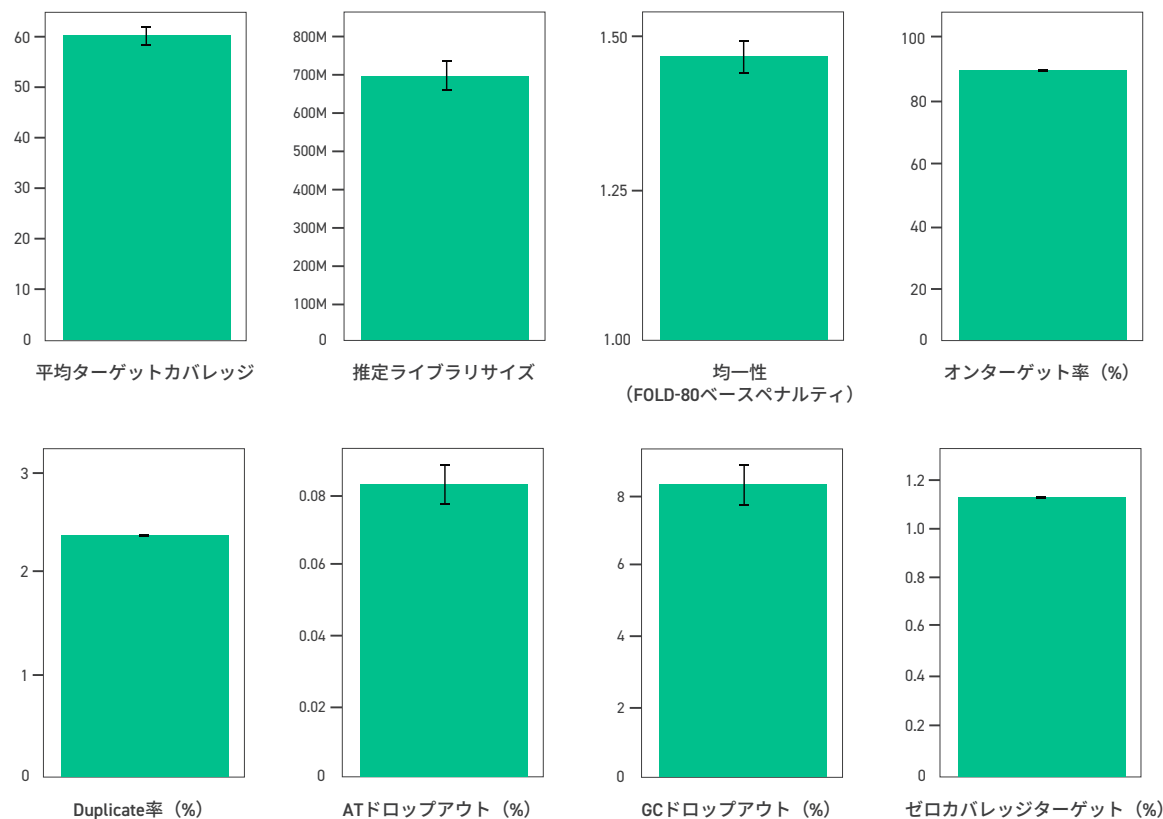


図 2: エクソームシーケンシングのメトリクスの結果は、2 つの独立したシーケンシングの測定データから得られたものです。各測定において、Twist の Standard V2 Hybridization 試薬を用いて、8 つの個別のゲノムキャプチャを単一の AVITI フローセルにプールしました。

参考文献

- Ashby, M. Whole Exome Sequencing 101: Cost-effective DNA sequencing to understand genetic disease. Element Biosciences <https://www.elementbiosciences.com/blog/whole-exome-sequencing-101-cost-effective-dna-sequencing-to-understand-genetic-disease> (2022).
- Arslan, S., Garcia, F.J., Guo, M. et al. Sequencing by avidity enables high accuracy with low reagent consumption. Nat Biotechnol 42, 132–138 <https://doi.org/10.1038/s41587-023-01750-7> (2024).
- Picard Toolkit. Broad Institute <https://broadinstitute.github.io/picard/> (2023).

詳しくは、
twistbioscience.com/ngs
sales@twistbioscience.com
 をご覧ください。

注文情報

107685: Twist for Element, Exome 2.0 plus Comprehensive Spike-in Workflow, 2 rxn
107686: Twist for Element, Exome 2.0 plus Comprehensive Spike-in Workflow, 12 rxn