

# Twist Exome 2.0 パネル

## 厳選されたコンテンツと業界最高クラスの性能の組み合わせ

### エクソーム定義

- 36.5 Mb の標的
- 99% のターゲット領域を 20x でカバー

### 主な特徴

#### 違いをもたらすカバレッジ

- ヒトタンパク質コーディング及びノンコーディング領域の 36.5 Mb をカバー
- 主要な遺伝子データベースの最新のリリースに基づく
- 厳選した臨床コンテンツを含む

#### クラスで最高のパフォーマンス

- 標的領域の均一な濃縮
- すべてのプローブでの NGS QC

#### カスタマイズ可能

- 容易にコンテンツをスパイクイン可能
- 効果的な複数サンプル同時キャプチャワークフロー
- オーバナイトもしくは当日のうちに完了できるワークフローから選択可能

#### シーケンシングコストの節約

- サンプルあたりの読み取り深度の増加、又はランあたりより多くのサンプル
- シーケンシングコストの削減

ターゲットシーケンシングは、特定の遺伝子又は関心領域に焦点を当てることにより、シーケンシングコストを効果的に節約する方法になります。しかし、これまで例え優れたターゲットシーケンシングパネル（特にエクソーム）でも、コンテンツとパネルのパフォーマンスの間には妥協が必要でした。もう妥協しないでください。

Twist Exome 2.0 のご紹介—当社の堅牢で進化し続ける NGS ターゲットエンリッチメント ポートフォリオの最新の製品です。この新しいエクソーム エンリッチメント パネルは、一般的なシーケンシングの落とし穴を軽減し、研究者がクラス最高の均一性、オンターゲット率、Duplicate 率、及びターゲットカバレッジを得られるよう慎重に設計されています。いずれも最新のタンパク質コーディング領域及びノンコーディング領域を含む臨床的に意義のあるコンテンツを含めています。

## 業界最高クラスのパフォーマンス

Twist Exome 2.0 は、業界最高クラスのパフォーマンスを示し、市場で最も効果的なエクソームシーケンスを可能にします。他のエクソームパネルと比較して、Twist Exome 2.0 は、より高い均一性とオンターゲット率とともに、より低いドロップアウトと PCR duplication の割合を提供します。併せて、無駄な読み取りが少なく、ターゲットシーケンスのカバレッジが最大になることを意味します。

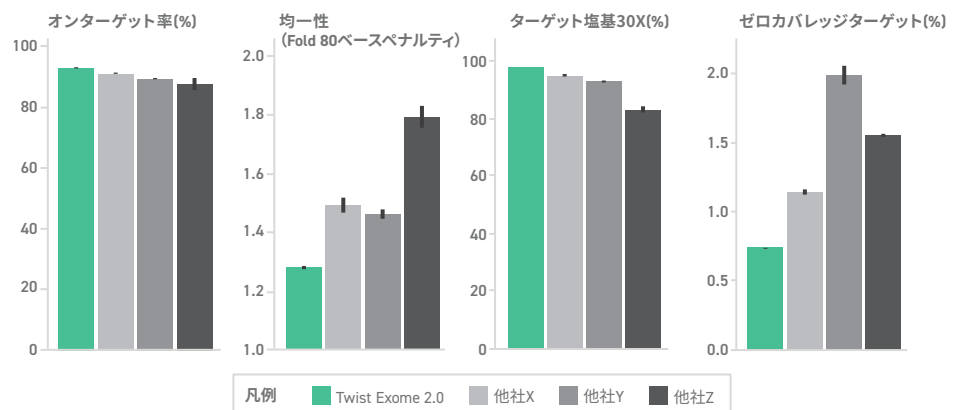


図 1: Twist Exome 2.0 は、(a) 「1-PCT\_OFF\_BAIT」として計算されたオンターゲット率、(b) Fold 80 ベースペナルティスコアとして報告された均一性、(c) 30X でカバーされるターゲット塩基の割合、及び (d) ゼロカバレッジターゲット又はカバレッジのないターゲット塩基の割合で、他社 X、Y、Z\* よりも優れたパフォーマンスを示します。

## 最新のヒトエクソームを超越するカバレッジ

Twist Exome 2.0 は、CCDS、GenCode、RefSeq、Ensembl 及び ClinVar のタンパク質コーディング領域の最新のカバー範囲を含め、ClinVar データベースから臨床的に重要な領域のカバレッジを最大にする完全な新しい設計を特徴としています。さらに、この新しい設計には、薬理ゲノミクス SNP、Tert プロモーターを拡張してカバーした領域、およびコンタミネーションの問題を解決する 41 の Sample ID SNP も含んでいます (Eurogentest, Pengelly et al.)。

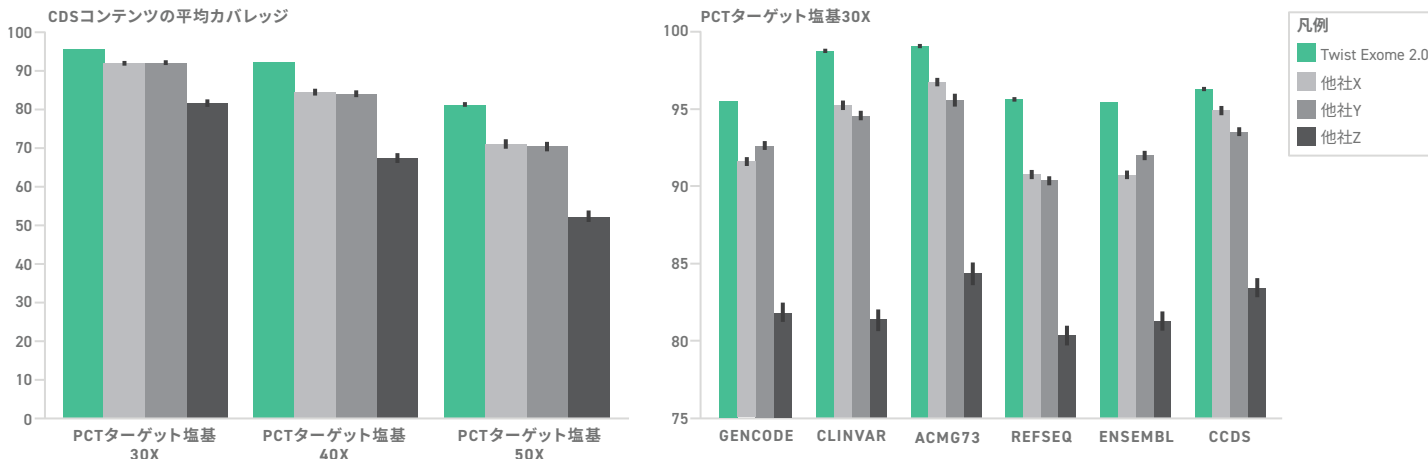


図 2: 他社 X、Y、Z と比較して、Twist Exome 2.0 は、ヒトエクソーム内及びそれ以外のターゲット領域の最も包括的なコーディングコンテンツカバレッジを提供します。Twist Exome 2.0 は以下のように優れた平均カバレッジを示しました (a) タンパク質コーディング領域の深度が 30X、40X、50X での比較 (b) さまざまな重要なデータベース及び遺伝子リスト全体の比較。\*

## 最も効率的なエクソームパネル

Twist Exome 2.0 の優れた均一性、オンターゲット率、Duplicate 率、及び全体的カバレッジにより、非常に効率的にコストを節約するエクソームパネルとなります。この効率性により、1回のランでシーケンスするサンプルの数を増やすことや、あるいは目的の数値よりもさらに深いシーケンシングを実現できます。

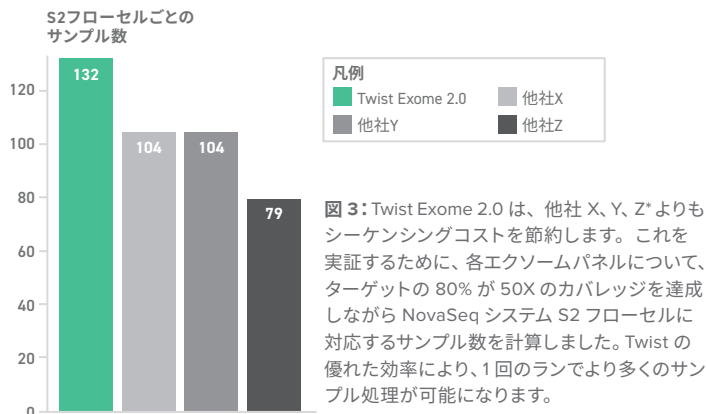


図 3: Twist Exome 2.0 は、他社 X、Y、Z\* よりもシーケンシングコストを節約します。これを実証するために、各エクソームパネルについて、ターゲットの 80% が 50X のカバレッジを達成しながら NovaSeq システム S2 フローセルに対応するサンプル数を計算しました。Twist の優れた効率により、1回のランでより多くのサンプル処理が可能になります。

\* 偏りのないデータセットを提示するために、Twist Exome 2.0、他社 X、他社 Y、他社 Z 間のエクソーム比較を実施するために、第三者検査機関を 2 社を採用しました。ライブラリは、ベンダー固有の酵素断片化法を用いて調製しました。インプット量は 50 ng (100 ng を要する他社 Y は例外)。すべての手順は、ベンダーのプロトコルに従って行われました。Twist Exome 2.0 は、Standard Hybridization v2 & Enzymatic Fragmentation Kit 2.0 で実行されました。示した結果は、S2 フローセル実行された 6 GB の NovaSeq シーケンシングデータに基づくものです。

Twist Exome 2.0 は、NGS ターゲットエンリッチメント用の Twist Bioscience 製品ポートフォリオの一部です。

### 詳細はこちら

[twistbioscience.com/ngs](https://www.twistbioscience.com/ngs)  
[sales@twistbioscience.com](mailto:sales@twistbioscience.com)

### 注文情報

**104132:** Twist Exome 2.0, 2 Reactions, Kit  
 36.5 Mb のヒトタンパク質コーディング領域及びノンコーディング領域を標的とするパネル 濃縮 2 反応

**104134:** Twist Exome 2.0, 12 Reactions, Kit  
 36.5 Mb のヒトタンパク質コーディング領域及びノンコーディング領域を標的とするパネル 濃縮 12 反応分

**104136:** Twist Exome 2.0, 96 Reactions, Kit  
 36.5 Mb のヒトタンパク質コーディング領域及びノンコーディング領域を標的とするパネル 濃縮 96 反応