

# Combinatorial Variant Libraries

Twistの大規模並列シリコンベースのDNA合成プラットフォームは、90%のオリゴが平均存在量の2.5倍の差以内に存在し、業界最高クラスの低エラー率1:2,000 ntを達成した、均一性の高い正確なオリゴを製造します。当社が持つ分子生物学の豊富な専門知識を活用することで、高度に均一な変異の導入や、不要なバイアスやモチーフのない、ユーザーが希望する変異の割合で特異性を高めた非常に多様な遺伝子変異ライブラリの作成が可能です。Twistのライブラリテクノロジーは、タンパク質の配列の網羅的な探索を可能にします。

## 仕様

- 製品のフォーマット：直鎖二本鎖DNA、次世代シーケンスで検証
- 納品と収量：すべての変異を1本のチューブにプール、最大1 µg（フラグメントの長さによって異なります）
- 価格/納期：お問い合わせください
- スケールアップ：最大50 µgまでライブラリをスケールアップすることが可能
- クローニングサービス：ライブラリをカスタムベクターにクローニング可能

## 主な利点

### 高い多様性と精度

- 単一または複数の足場となるドメインへ複数の変異を導入
- コドン使用（全64コドン）、アミノ酸分布、長さのバリエーションを精密に制御

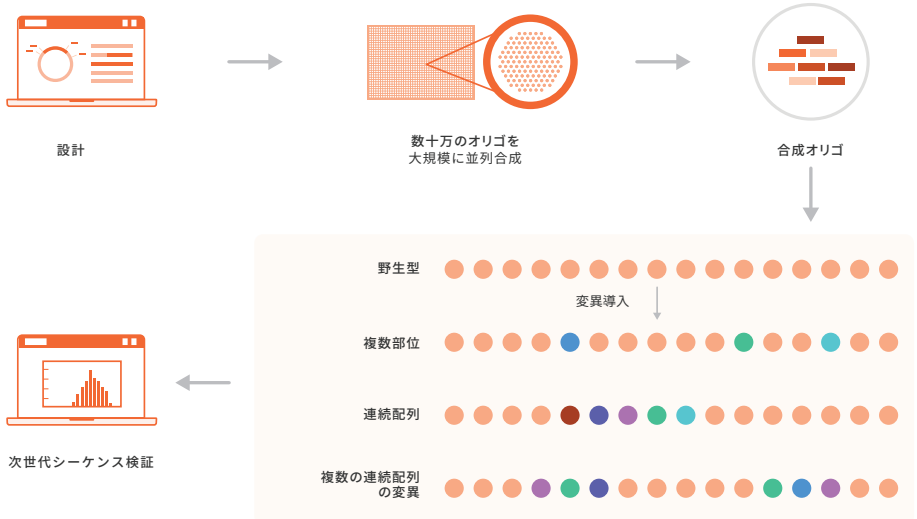
### 検証された品質

- 厳格な品質管理、変異導入部位は次世代シーケンスで検証
- 配列バリエーションの割合を分析

### 柔軟性

- すべてのシーケンス、単一または複数ドメインおよびその組み合わせ（単一、二重、三重変異）に対応
- ライブラリの変更時に複数のモジュールから一部のモジュールを再利用可能

## シリコンベースのDNA合成プラットフォームを活用して精密なライブラリを作成



分子生物学の専門知識とハイスループット自動化を活用した大規模並列オリゴヌクレオチド合成により、抗体やタンパク質工学のスクリーニングで使われるコンビナトリアルライブラリが高度に正確に作成されます。

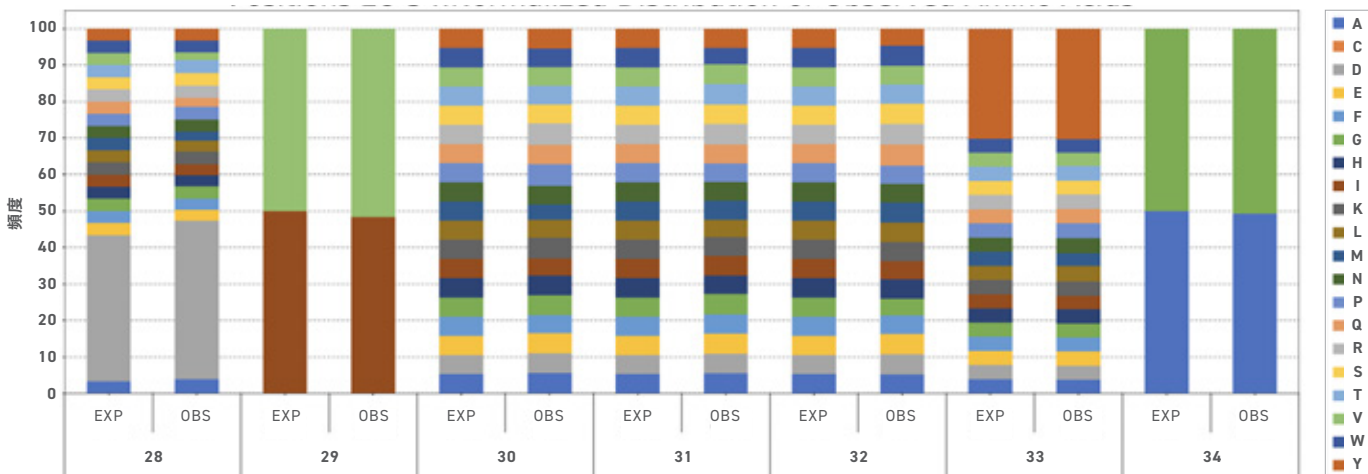
	縮重 (NNK/NNS)	TRIM/トリマー コントロール	TWIST COMBINATORIAL VARIANT LIBRARIES
配列バイアスの除去	No	No	Yes
利用可能なコドン数	32	20	All 64
不要なモチーフを防ぐ	No	No	Yes
コドン最適化	No	No	Yes
停止コドン进行	No	Yes	Yes

コンビナトリアル変異ライブラリ生成方法の比較。

## 合理的に構築されたTwistのライブラリは、品質と構成において並ぶものはありません。

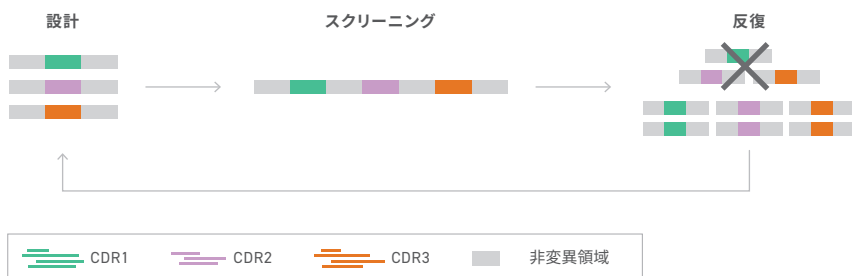
7つの連続したアミノ酸位置28~34のコンビナトリアル変異導入ライブラリを作成しました。各部位で異なるアミノ酸の分布になるようにリクエストがありました。最終的に提供されるライブラリには希望するすべての変異が存在し、ユーザーのデザインから予想される割合に対応したものが得られます。

位置28~34：観察されたアミノ酸分布



## モジュール式でマルチユース型のライブラリ

Twistのライブラリ作製技術が優れているもう1つの分野は、可変領域と定常領域のカセットやモジュールの構築とアーカイブです。複雑なライブラリを選択して、設計と多様性の異なる特定のカセットを複数組み合わせることで作製します。レゴ® (LEGO®) ブロックのように、ライブラリのユーザーが様々なやり方で組み立てることができる交換可能なビルディングブロックを提供することで、似ているようで異なる構造を創り上げることが可能です。さらに必要に応じて継続的にライブラリ設計の変更を反復させ進化させることで、抗体開発やタンパク質工学に優れた成果をもたらします。



### デザインから精密に作製してお届けします

- 精密に制御された、単一、二重、三重のコンビナトリアル変異。
- 単一または複数の足場となるドメインへ複数の変異を導入。
- ドメイン内のアミノ酸分布と長さのバリエーションを精密に制御。
- 効率的なヒト化のため、ドメイン内のバイナリー置換をすべての組み合わせで実施。
- 不要な配列モチーフと制限部位を避ける（または最小化）。
- すべてのライブラリを次世代シーケンスで検証、どの変異がスクリーニングされるか正確に分かります。スクリーニングにおけるネガティブなデータを用いて、ライブラリ設計の次の反復における判断材料とすることができます。

デザインして下さい、私たちが作り上げます。library@twistbioscience.comまでお知らせいただくか、twistbioscience.comを参照してください。