

Twist RNA Exome

トランスクリプトームをターゲットに、より多くの生物学的発見を

主な利点

ヒトトランスクリプトーム用にデザイン

- ターゲット: 塩基 35.8Mb、遺伝子 19,708 個およびアイソフォーム 63,215 個
- Gencode および RefSeq データベースを基に構築されたデザイン
- CDS 領域に対して全トランスクリプトームシーケンスと比べて 1.8 倍超えのエンリッチメント

RNA ターゲットエンリッチメント

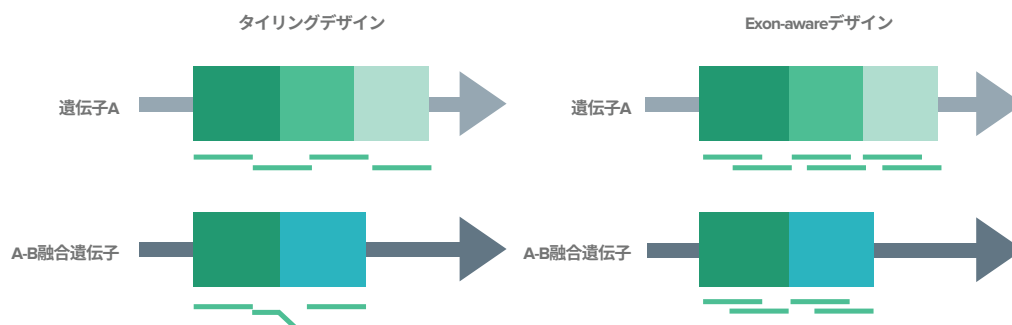
- タンパク質コード領域、融合遺伝子およびアイソフォームに対する Exon-aware プローブデザイン
- サンプルごとのリード数を少なく抑え、スループットを向上
- 少量の分解された RNA (例: FFPE) からも転写物をエンリッチ可能

トランスレーショナルリサーチ用のヒトサンプルの日常的な RNA シーケンシングにより、ヒト疾患に関する病理学の重要な知見がもたらされています。遺伝子発現量解析は、疾患の機序および進行を促進する経路を特定する強力な手法です。さらに、アイソフォームおよび融合遺伝子は、疾患に大きな影響を及ぼすタンパク質発現および細胞機能の重要な変化を特定できる要素です。臨床サンプルはホルマリン固定パラフィン包埋 (FFPE) サンプルから抽出されることが多い一方で、この固定方法はサンプル間の一貫性に欠けることが多く、RNA を著しく分解し、正確な遺伝子定量およびアイソフォーム検出を妨げる可能性があります。

Twist RNA Library Prep および Twist ターゲットエンリッチメントからなる Twist RNA Exome は、FFPE を含む様々なソースから抽出した RNA のトランスクリプトームシーケンシングデータを生成する信頼性の高い方法を提供します。RNA Exome は、より少ないシーケンスリード数でシグナルを増加させます。これにより、細胞の転写状態を正確に把握するために重要となる、低発現ターゲットの検出が可能になります。また、Twist RNA Exome は、同じ数の遺伝子を検出するのに、他の方法よりも少ないシーケンスリード数で済みます。これにより、より多くのサンプルにリードを割り当てたり、手持ちのサンプルでより多くの検出を行うことができるようになりました。最後に、RNA Exome の Exon-aware デザインアプローチは、他の方法では失われる可能性のあるアイソフォームおよびジャンクションを検出できる可能性を持たせることができます。この完全性をより高めたシーケンシングソリューションにより、トランスクリプトームの RNA シーケンシング解析に向けて複雑性を反映しながら均一なシーケンシングリードを得ることができます。

Exon-aware デザイン

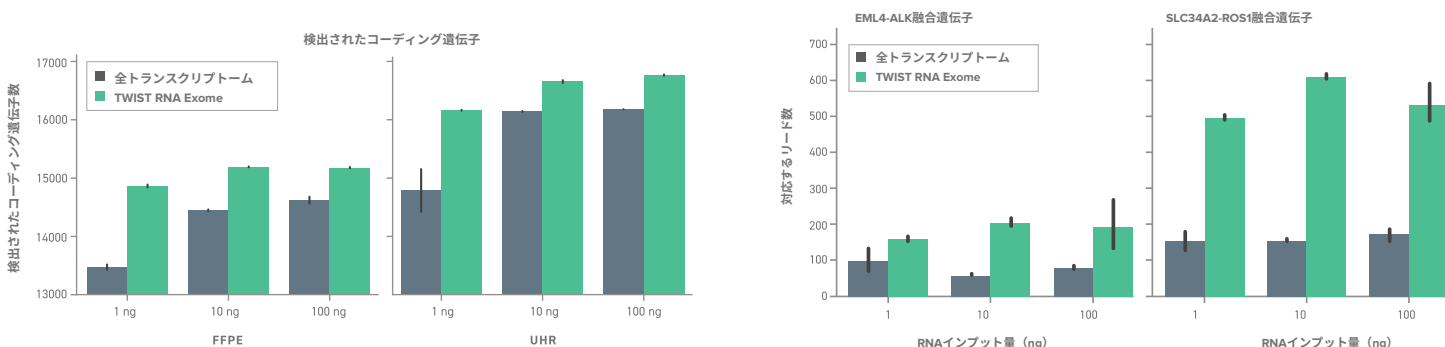
ターゲットエンリッチメントアプリケーションには、それぞれ独自のデザインが求められます。ターゲットキャプチャプローブをエクソン領域全体にタイリングした方法では、RNA スプライシングに対して特有な課題が残ります。Twist パネルデザインの開発者は、スプライシングを考慮に入れた独自の Exon-aware デザイン戦略を考案しました。典型的なキャプチャプローブは、未検出のアイソフォームまたは融合遺伝子などのジャンクション全体でタイリングするのに対し、当社がデザインした Exon-aware タイリングでは、新規の転写物に対して余計なバイアスがかからないように、エクソン間の境界にプローブを配置することを避けます。



トランスクリプトーム用に構築されたパネルデザイン。Exon-aware デザインにより、典型的なタイリングアプローチによって生じるアイソフォームバイアスを克服します。

より多くの遺伝子をより少ないリードで検出

Twist RNA Exome パネルは、発現の程度にかかわらずトランスクリプトーム全体の転写物をエンリッチします。Exon-aware デザイン戦略による全体的な濃縮は、従来のタイリングデザインよりも大幅に向上し、同じリード数でトランスクリプトーム全体のシーケンシングを行うよりも、シグナルの大幅な増加を実現します。これにより、FFPE および Universal Human Reference (UHR) RNA の両方で、検出されたコーディング遺伝子数を大幅に増加する結果を得ることができました。重要な点は、この機能が RNA 融合遺伝子などの低発現量や希少な転写物を検出する能力に効果を与えることです。

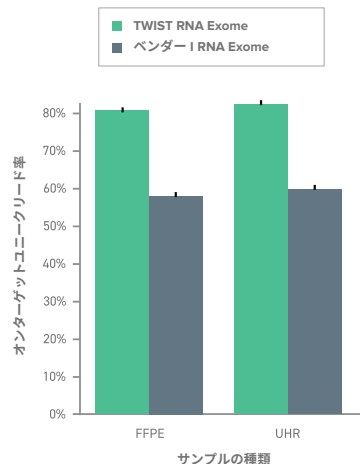
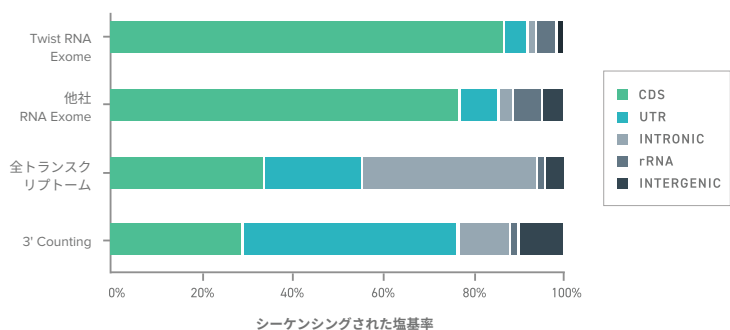


Twist RNA Exome は、より少ないリードでより多くのターゲットを検出できます。すべてのライブラリは、Twist RNA Library Prep で調製し、Twist Standard Hybridization Reagent Kit v2 でエンリッチしました。すべてのサンプルを、Illumina NextSeq 550 でシーケンシングし、10M リードにダウンサンプリングしました。

右上: 各 Exome について、全転写物に対するコーディング遺伝子のフォールドエンリッチメントの中央値を測定した結果です。
 左下: RNA Exome および全トランスクリプトームワークフローで検出された遺伝子数と、異なるインプット量の FFPE 及および UHR RNA を比較した結果です。
 右下: 明確に定義された融合遺伝子を含む細胞株由来 FFPE 標準物質を用いて、RNA 融合遺伝子をエンリッチする能力を評価した結果です。

重要なターゲットに向けて、より多くのリード

Twist RNA Library Prep と Twist Standard Hybridization Reagent Kit v2 の組み合わせは、RNA Exome を用いたトランスクリプトームのシーケンシングに大きな利点をもたらします。Twist RNA Exome はオンターゲット率が高く、タンパク質コードシーケンシング (CDS) に対応できるより多くのリードを得ることができます。リードの約 80% がユニークでコーディングシーケンスであるのに対し、他社 RNA Exome は約 60% です。2000 万リードのサンプルシーケンスの場合、コーディング領域からのユニークリードは 1200 万に対し 1600 万となります。



Twist RNA Exome は、より貴重なリードをご提供します。100 ng の FFPE または UHR RNA を、他社のハイブリダイゼーションおよびライブラリ調製キットで処理しました。すべてのサンプルを、Illumina NextSeq 550 でシーケンシングし、10M リードにダウンサンプリングしました。

詳細はこちら

twistbioscience.com/ngs

jsalescustomer@twistbioscience.com

注文案内

107143 : RNA Exome 2 Reactions

107144 : RNA Exome 12 Reactions

107146 : RNA Exome 96 Reactions