

Twist RNA シーケンス ワークフローソリューション

既知の転写産物測定と未知の生物学の把握に適した柔軟なツール

主な利点

完全性を高めた RNA シーケンスワークフロー

- ターゲット RNA シーケンシングまたは全トランスクリプトーム用にキットを提供
- Twist UMI、UDI、標準および高速ハイブリダイゼーション試薬に対応
- RNA エクソームまたはカスタム RNA パネルによる、ターゲット転写産物の濃縮
- 16 サンプルキットと 96 サンプルキットが利用可能

時間を削減したシーケンシングリード

- RNA ライブラリ調製を 5 時間未満で実施
- totalRNA 中の rRNA とヘモグロビン RNA を除去
- 自動化に適した試薬と合理的なプロトコル

パフォーマンスの向上

- 高品質なストランド特異的 RNA シーケンシングライブラリを構築
- 1 ng ~ 1,000 ng までの total RNA のインプットが可能
- FFPE の低品質の劣化した RNA にも対応

Twist Bioscience は、各々のワークフローのパフォーマンスを最適化しながら時間とシーケンシングコストを削減する包括的な RNA ライブラリ調製ソリューションを提供します。一般的な RNA ライブラリ調製キットは、手間とコストを要しますが、Twist は試薬調製時間を短縮し、ターゲットエンリッチメントキット等、当社展開の NGS 試薬セットと統合し、ターゲットを絞った偏りのないワークフローを提供します。各ワークフローでは、トランスレーショナルリサーチサンプル等の様々なインプット量や多様なサンプルからも、シーケンシングプラットフォームですぐにシーケンスできる高品質ライブラリを提供します。

ターゲット RNA シーケンシング

Twist RNA Library Prep、Twist ターゲットエンリッチメント、および当社開発のパネルを当社の exon-aware design algorithm と組み合わせることで、研究にとって重要な RNA 転写産物のみをシーケンスします。Twist RNA Exome、Twist 設計のカスタムパネルのどちらを利用した場合にも、様々な研究に対して費用対効果の高いターゲットシーケンシングライブラリが提供されます。ターゲットシーケンスワークフローにより、ターゲット転写産物を濃縮し、シーケンスするサンプル数をスケールアップできるため、感度とともに NGS 研究の成果を向上させることができます。

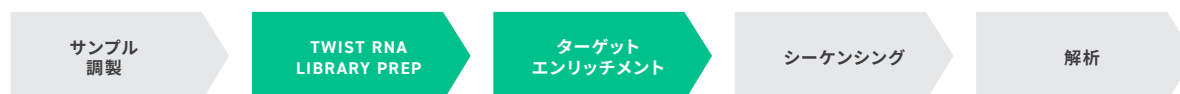
全トランスクリプトームシーケンシング

Twist RNA Library Prep と Twist rRNA & Globin Depletion キットを組み合わせることで、完全性をより高めた RNA トランスクリプトーム研究が実現できます。Twist depletion は、ヒト、マウス、およびラットの動物種において、高発現リボソーム RNA とヘモグロビンを除去します。全トランスクリプトームワークフローにより、偏りのない遺伝子発現解析が可能となり、関連性のある組織やサンプルの新たな転写産物、アイソフォームの発見につながる可能性があります。*

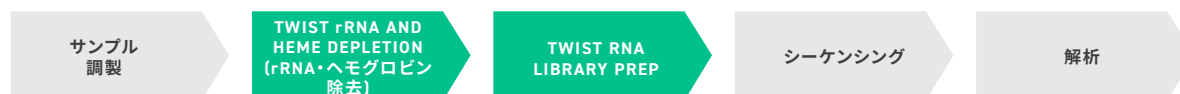
RNA ライブラリ調製のためのトータルなワークフロー

Twist 社の RNA 製品は、RNA シーケンシングに均一なシーケンシングライブラリを作成するトータルな NGS ソリューションを提供します。エンドツーエンドのワークフローは、合理的かつ効果的な library preparation キット、高品質の unique dual indices (UDI)、unique molecular identifiers (UMI)、最適化されたターゲットエンリッチメント、ならびに商標登録をもつ exon-aware panel design algorithm を併用することで達成します。

Twist ターゲットシーケンスワークフロー

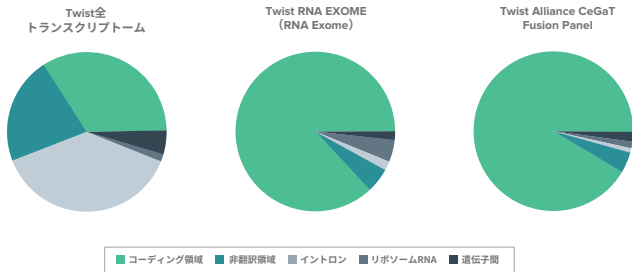


Twist 全トランスクリプトームシーケンスワークフロー

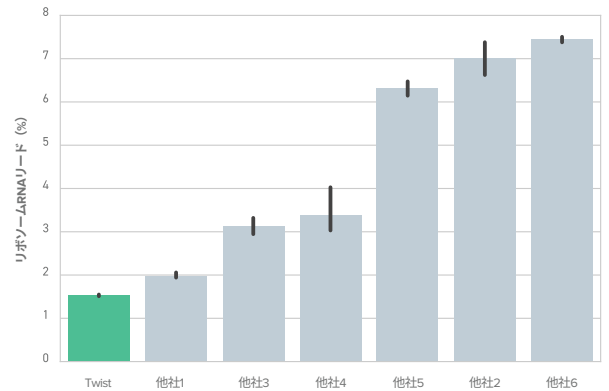
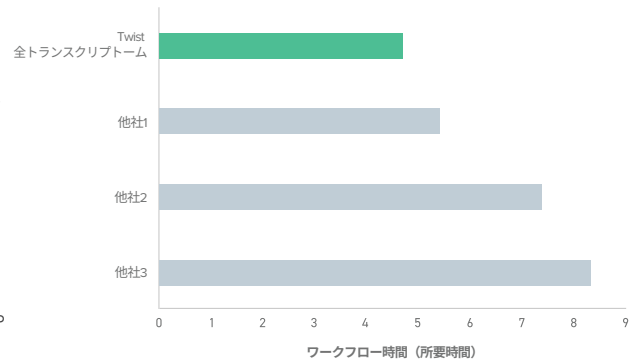


試薬調製時間を削減して、リード数を増やします。

Twist RNA Library Prep を使用することで、5 時間未満でシーケンシング用の RNA ライブラリを構築できます。Twist rRNA & Globin Depletion キットは、不要な高発現ターゲットを効果的に除去します。一方、Twist ターゲットエンリッチメントワークフローでは、解析に重要な転写産物を積極的に選択して、不要な高発現産物を除外します。

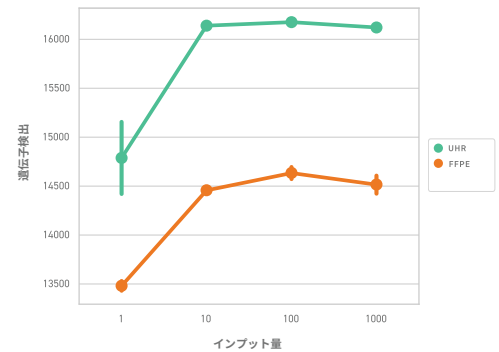


Twist RNA ワークフローは作業時間の削減とリード数に貢献します。Twist および他社同等製品のワークフロー全てに従い、各プロトコルに沿って、100 ng の Universal Human Reference (UHR) RNA の処理を行いました。rRNA depletion を比較するため、他社の depletion キットを Twist RNA Library Prep と併用使用しました。ワークフロー時間には、プロトコルの開始から終了までに要する全ての時間が含まれています。全サンプルを、Illumina NextSeq 550 でシーケンスし、10M リードにダウンサンプリングしました。



重要なサンプルのための性能向上

実験結果の多くは、サンプルの入手可能性と品質に左右されます。様々なインプット量および分解の程度を処理できるキットを用意することが重要です。Twist RNA Library prep では、1 ng ~ 1,000 ng までのインプットが可能であり、ターゲットエンリッチメントと全トランスクリプトームワークフロー両方の幅広い実験デザインに対応しています。また、全トランスクリプトームワークフローでは、全転写産物を網羅するリードが提供されることから、各リードを由来の DNA 鎖へ割り当てることが可能です。

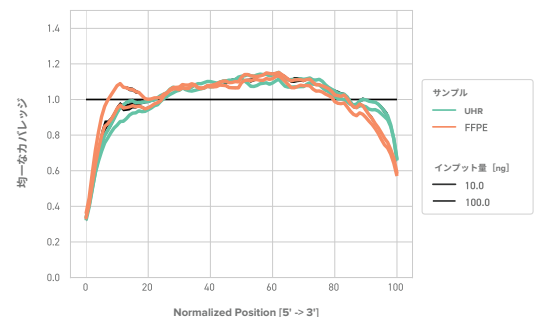


様々なインプット量で検出される遺伝子の数。

RNA ソース (100 NG)	RNA (%)	推定されるライブラリの複雑性*	UMI DUPLICATE リード (%)	不正確なストランドリード (%)	PF 塩基 (%)	使用可能な塩基 (%) (EXONIC + UTR)
UHR	1.53	57,135,794	1.72	1.82	99.68	55.67
FFPE	3.41	62,555,013	2.38	2.20	99.53	50.14

100 ng サンプルの QC 指標。

転写産物とトランスクリプトームを横断するシーケンス用の高品質ライブラリを構築します。UHR およびホルマリン固定パラフィン包埋 (FFPE) からの全トランスクリプトームライブラリ RNA (RIN = 3.3、DV200 = 66%) は Twist RNA Library Prep キットの検体を、Illumina NextSeq 550 でシーケンスし、10M リードにダウンサンプリングして解析しました。



発現遺伝子の上位 1,000 個の平均カバレッジ。

詳細はこちら

twistbioscience.com/ngs

jsalescustomer@twistbioscience.com

ご注文案内

107060 : Twist RNA Library Prep Kit、16 Samples

107061 : Twist RNA Library Prep Kit、96 Samples

107147 : Twist RNA Library Prep with Depletion、16 Samples

107148 : Twist RNA Library Prep with Depletion、96 Samples