

Methyl-Seqの**新スタンダード発表記念**

**10キット限定！キャンペーン**

**2020年5月28日（木）ご注文分まで**

独自のAdaptase<sup>™</sup>テクノロジーにより高いライブラリ回収率と低バイアスの両方を実現

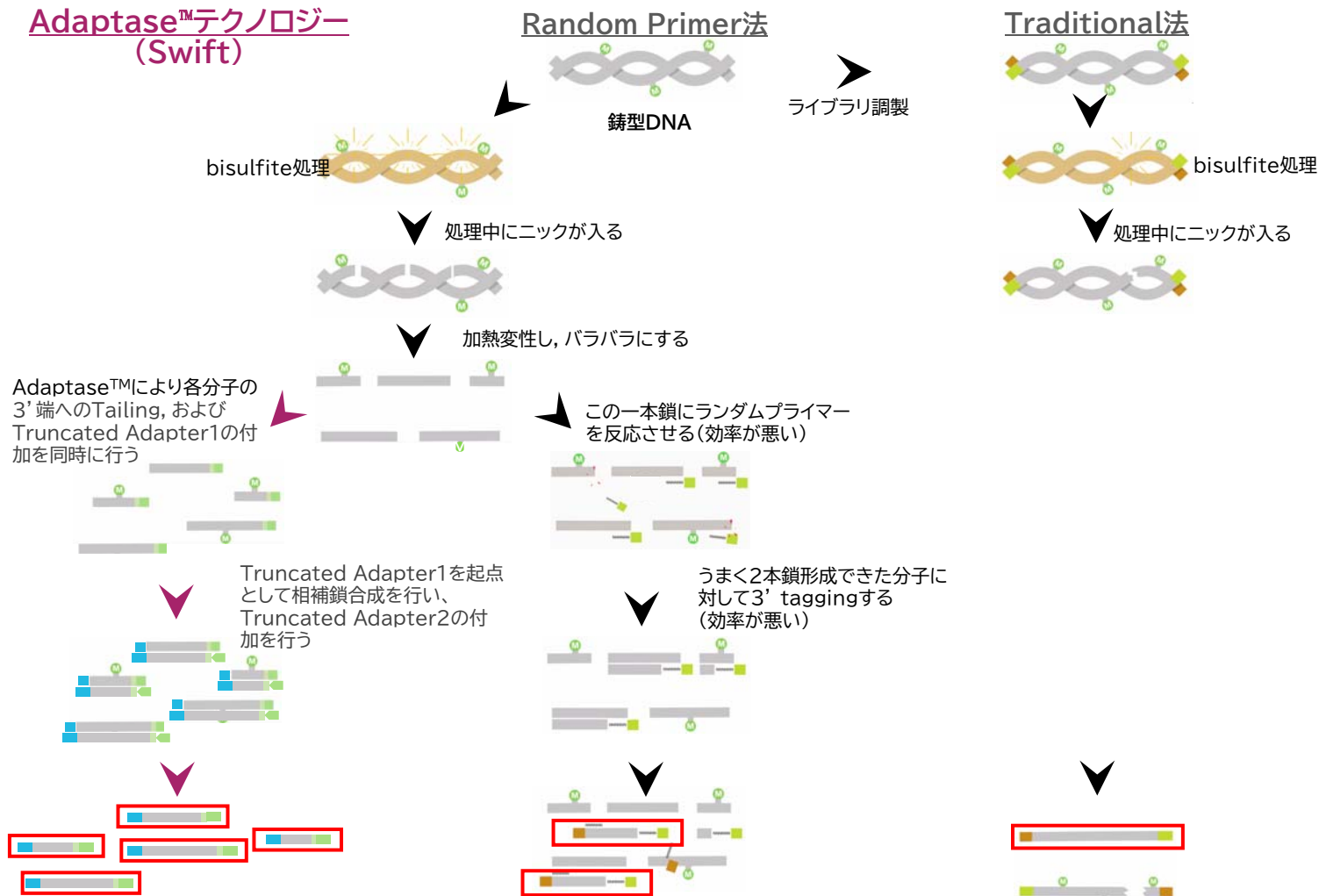
カテゴリー	製品名	反応数	品番	キャンペーン価格 (税別)
DNAライブラリ 調製キット	Accel-NGS <sup>®</sup> Methyl-Seq DNA Library Kit Methyl-Seq Set A Indexing Kit(12plex 2回)	24	30024 36024	<b>¥165,500</b>

注1) ご購入可能数は、1名様1キットまで

注2) Swift Normalase(定量不要のマルチプレックスライブラリ標準化キット)との組み合わせも可能です。

\*通常定価276,100円

Swift Biosciences社独自のAdaptase<sup>™</sup>テクノロジーは、従来のランダムプライマーDNA合成法やバイサルファイト処理前にライブラリ調製を行う手法とは全く異なるストラテジーで、Methyl-Seq用ライブラリ調製を行います。



得られるものは全て  
ライブラリとして機能する分子

最終的に機能するライブラリ分子は僅か

機能するライブラリ分子は  
Random Primer法よりもさらに少ない

# ■本キットを使用した論文情報 ~Nature SCIENTIFIC REPORTSより~

<https://www.nature.com/articles/s41598-019-46875-5>

<https://swiftbiosci.com/publications/#methyl>

## Systematic evaluation of library preparation methods and sequencing platforms for high-throughput whole genome bisulfite sequencing

Li Zhou<sup>1</sup>, Hong Kiat Ng<sup>1</sup>, Daniela I. Drautz-Moses<sup>2</sup>, Stephan C. Schuster<sup>2</sup>, Stephan Beck<sup>3</sup>, Changhoon Kim<sup>4</sup>, John Campbell Chambers<sup>1,5,6,7</sup> & Marie Loh<sup>1,5,8</sup>



Swift  
BIOSCIENCES™

# THE GOLD STANDARD.

Swift's Accel-NGS® Methyl-Seq: Powered by Patented Adaptase® Technology!

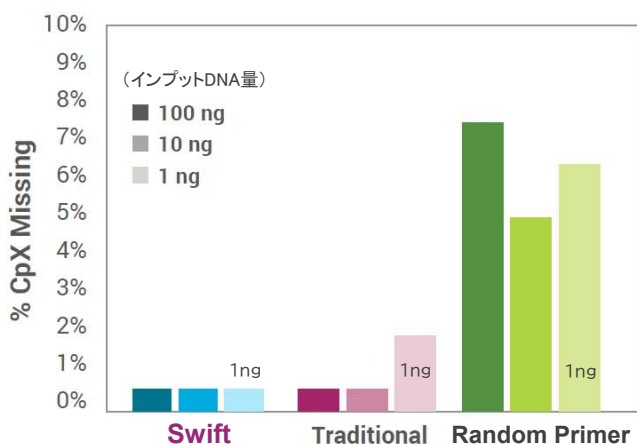
## ■1ngのインプットDNA量で優れたライブラリの複雑性とカバレッジを達成

本キットの効果的で低バイアスのパフォーマンスを評価するため、100 ng・10 ng・1 ngのシロイヌナズナ (Arabidopsis) ゲノムDNAからライブラリ調製を行ない、従来法およびランダムプライマー法と比較しました。

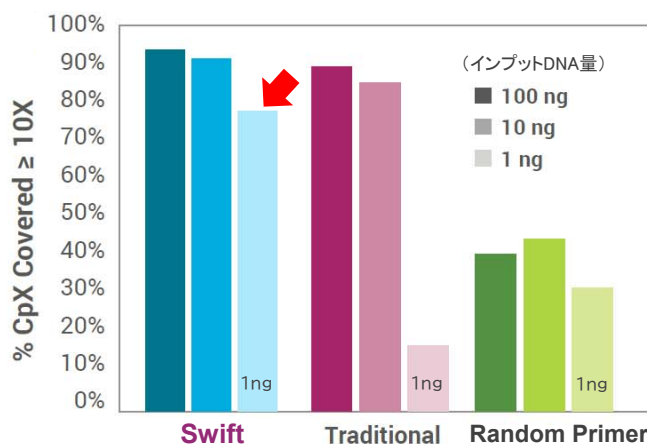
\* CpX = CpG + CpH

Sample	Total Aligned	Genome Coverage	Duplicate Reads	Estimated Library Size	Relative Library Size	%CPX Missing	%CPX Covered >10x	
100 ng	<b>Swift</b>	<b>89.6%</b>	<b>22X</b>	<b>1.9%</b>	<b>713,928,657</b>	<b>1</b>	<b>0.6</b>	<b>92.2</b>
	Traditional	80.2%	21X	2.7%	603,864,885	0.85	0.6	88.1
	Random Primer	71.4%	16X	22.1%	47,841,839	0.07	7.7	39.4
10 ng	<b>Swift</b>	<b>87.8%</b>	<b>22X</b>	<b>2.7%</b>	<b>405,907,312</b>	<b>1</b>	<b>0.6</b>	<b>90.4</b>
	Traditional	76.8%	19X	11.9%	70,015,055	0.17	0.6	83.9
	Random Primer	71.9%	16X	22.2%	45,166,496	0.11	5.2	45.2
1 ng	<b>Swift</b>	<b>83.3%</b>	<b>18X</b>	<b>18.2%</b>	<b>38,295,868</b>	<b>1</b>	<b>0.6</b>	<b>77.1</b>
	Traditional	80.7%	10X	62.3%	6,215,803	0.16	2.0	17.0
	Random Primer	73.4%	12X	46.1%	11,863,382	0.31	6.6	31.3

シロイヌナズナ (Arabidopsis thaliana) の各データは3,020万リード当たりで補正してあります。バイサルファイト変換後の各2サンプルのデータを平均しています。ライブラリサイズはAccel-NGS Methyl-Seqキットの結果を1として、他法の結果を相対的に表しています。Coverage, duplication%, ライブラリサイズという評価項目全てにおいて、インプットDNA量が少ないほど、Swiftキットの優位性が際立つ結果となっています。



見落としているメチル化割合は本キットでは1%以下



10X以上でカバーできているメチル化領域はインプットDNA量が少なくなるほど下がります。しかし本キットでは1ngのDNA inputでも70%以上がカバーできていました。

### 輸入販売元

トミーデジタルバイオロジー株式会社  
〒112-0002 東京都文京区小石川1-1-17  
日本生命春日駅前ビル3階  
TEL. 03-6240-0843  
MAIL. info\_ap@digital\_biology.co.jp  
URL. <http://www.digital-biology.co.jp>

### 製造元

米国Swift Biosciences, Inc.  
<https://swiftbiosci.com/>

販売代理店



## [Circulating tumor DNA profile recognizes transformation to castration-resistant neuroendocrine prostate cancer](#)

Loss of androgen receptor (AR) signaling dependence occurs in approximately 15%–20% of advanced treatment-resistant prostate cancers, and this may manifest clinically as transformation from a prostate adenocarcinoma histology to a castration-resistant neuroendocrine prostate cancer (CRPC-NE). (First published February 24, 2020)

# nature

## [SPEN integrates transcriptional and epigenetic control of X-inactivation](#)

*Xist* represents a paradigm for the function of long non-coding RNA in epigenetic regulation, although how it mediates X-chromosome inactivation (XCI) remains largely unexplained. (Published: 05 February 2020)

## SCIENTIFIC REPORTS

## [Ancient DNA and high-resolution chronometry reveal a long-term human role in the historical diversity and biogeography of the Bahamian hutia](#)

Quaternary paleontological and archaeological evidence often is crucial for uncovering the historical mechanisms shaping modern diversity and distributions. (Published: 28 January 2020)



bioRxiv  
THE PREPRINT SERVER FOR BIOLOGY

## [A versatile method for circulating cell-free DNA methylome profiling by reduced representation bisulfite sequencing](#)

The methylation profile of circulating cell-free DNA (cfDNA) in blood can be exploited to detect and diagnose cancer and other tissue pathologies and is therefore of great diagnostic interest. There is an urgent need for a cost-effective genome-wide methylation profiling method that is simple, robust and automatable and that works on highly fragmented cfDNA. (Posted June 11, 2019)

OXFORD  
ACADEMIC

## [Human mitochondrial DNA is extensively methylated in a non-CpG context](#)

Mitochondrial dysfunction plays critical roles in cancer development and related therapeutic response; however, exact molecular mechanisms remain unclear. (Published: 06 September 2019)



ScienceDirect

## [Epigenetic disturbances in obesity and diabetes: Epidemiological and functional insights](#)

Obesity and type 2 diabetes (T2D) are major public health issues worldwide, and put a significant burden on the healthcare system. Genetic variants, along with traditional risk factors such as diet and physical activity, could account for up to approximately a quarter of disease risk. (Available online 6 September 2019)