

Swift Biosciences™社商品のココに注目！

ユニークなライブラリ調製技術により、様々なタイプのDNA/RNAから効率よくシークエンスデータの取得が可能です。他社キットではあきらめていた解析にも、可能性が広がります。

革新的なAdaptase®テクノロジー

- 様々なタイプのインプットDNA/RNAに対応
 - 一本鎖DNA由来ライブラリ調製 極端にダメージのある二本鎖DNA、バイサルファイト処理後のDNA
 - RNA由来ライブラリ調製 1st strand cDNA
- 少ないインプットDNA量に対応 (キットにより異なる)
 - 高いライブラリ収率により、貴重なサンプルを最大限有効に活用できます。
- インサート長は40 bpから
 - 古代DNA の解析に最適です。
- 最大で96種のインデックスが利用可能
 - TruSeq® LT・TruSeq® HT以外にも、完全独立配列のインデックスが利用できます。インデックスの振り分けエラーにお悩みの方はお試しください。

Adaptase®テクノロジーとは

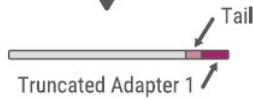


一本鎖DNAにアダプター配列を付加する技術です。二本鎖DNAは熱変性後、一本鎖にしてから使用します。1st strand cDNA由来のRNAseqも可能です。

この付加されたアダプターを起点として相補鎖合成を行い、最終的には二本鎖ライブラリとして完成させます。最初の反応には酵素Adaptase®を用いることから「Adaptase®テクノロジー」と呼ばれます。一本鎖DNAウイルスや熱変性した病原体サンプル、ニックや損傷あるいは短いフラグメントを含む二本鎖DNAサンプルからのライブラリ調製に適しています。

ワークフロー ssDNA Fragment

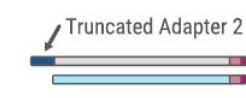
Adaptase™
17 minutes



Extension
8 minutes



Ligation
15 minutes



Indexing PCR
Time varies



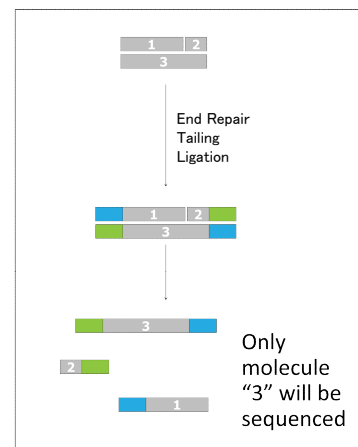
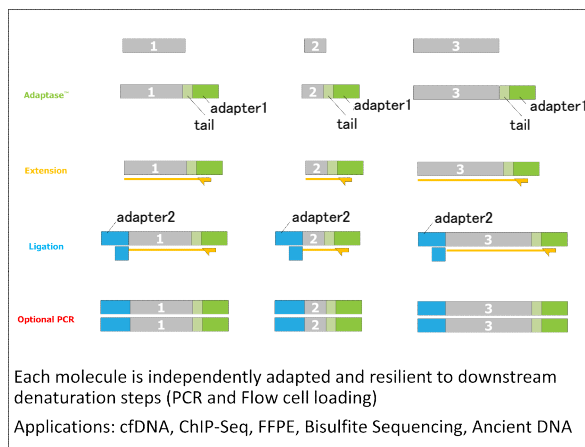
Indexed Library

損傷二本鎖DNAからのライブラリ調製戦略

Double stranded DNA fragment with top strand nick

Denature and
SWIFT's workflow

従来法



片鎖にニックの入った二本鎖DNAを鋳型としてライブラリ調製を行う場合、他社キットのワークフローで完成するライブラリは、ニックの入っていない側の鎖に由来したもののみに限られます(右)。

Adaptase®テクノロジーでは、最初に熱変性により二本鎖をバラバラにしてから、各一本鎖分子に対してライブラリ調製を行います。利用できる鋳型が多いためライブラリの収率が高く、且つシークエンスバイアスも抑えることができます。

※Tail配列はデータ解析の始めに取り除く必要があります。