

# リンクリードNGSデータで 多様なアプリケーションを強化

## Dovetail® LinkPrep™ テクノロジー



ゲノムに隠された  
秘密を解明



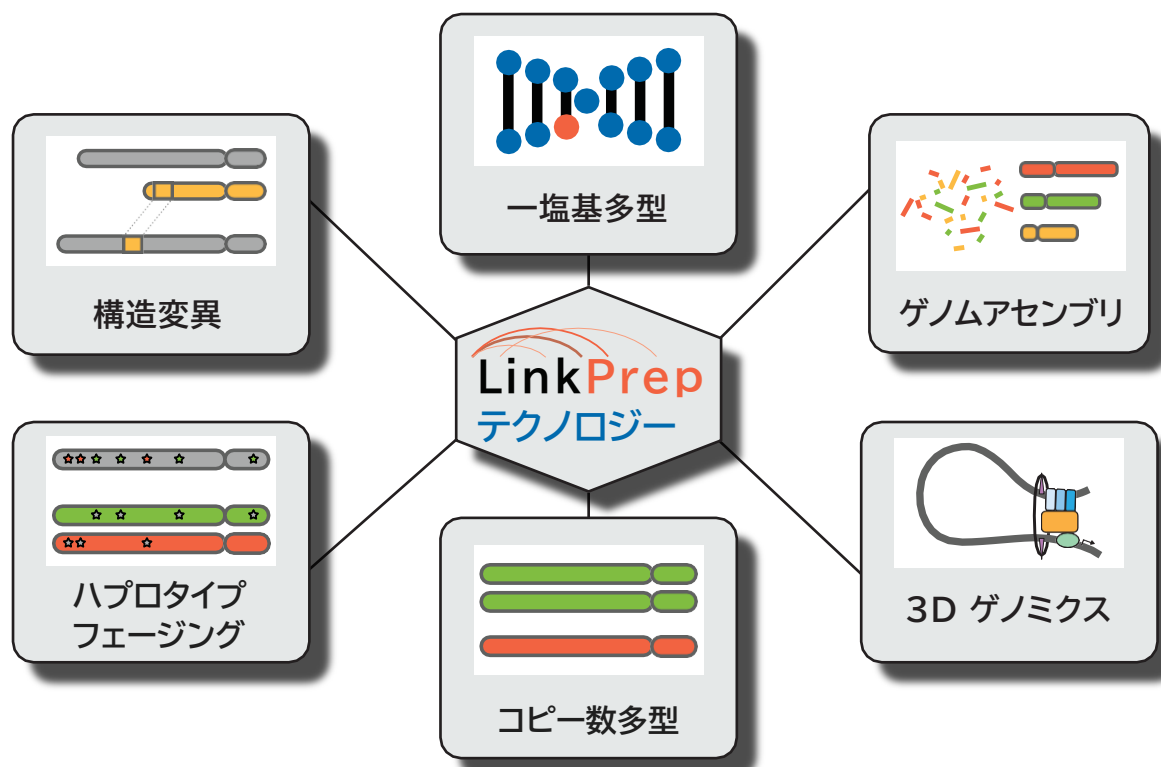
既存のショートリード  
シーケンサーを活用



最小限の  
サンプルインプット

### 1アッセイで複数のアプリケーションに対応

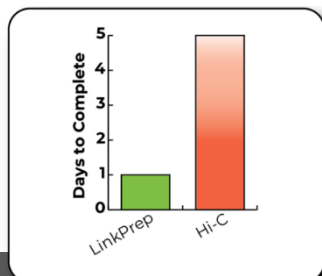
Dovetail® LinkPrep™ テクノロジーは、長距離ゲノム情報を取得するリンクリードライブラリを作製します。このアプローチは、包括的なゲノム変異の検出、3Dゲノム構造のマッピング、ハプロタイプを考慮したゲノムアセンブリの作成など、幅広いアプリケーションを容易にします。



### 統合されたソリューション

#### Speed

フラグメンテーションとアダプター・タグの同時処理により、アッセイ時間を大幅に短縮



#### Input

エンドポイント反応により低インプット、検証済みサンプルの最適化が不要

	LinkPrep	Hi-C
Cells	1 Million	2-10 Million
Tissue	3-20 mg	20-50 mg
Blood	1 mL	2-5 mL

#### Efficiency

マッピング率の向上と高いS/N比によりシーケンスコストを低減

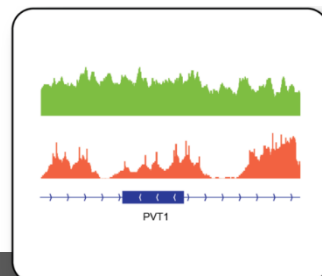
Reduce sequencing by:

**25-50%**

For most applications

#### Resolution

均一なゲノムカバレッジが精度を向上させ、1塩基対分解能を可能に



# For Genome Assembly

・ゲノムスキャフォールディング  
・ハプロタイプ解決アセンブリ・ポリプロイドアセンブリ

## ハプロタイプを解決したアセンブリも可能に

A

Assembly	BUSCO Completeness
Haplotype 1	99.22%
Haplotype 2	98.82%

B

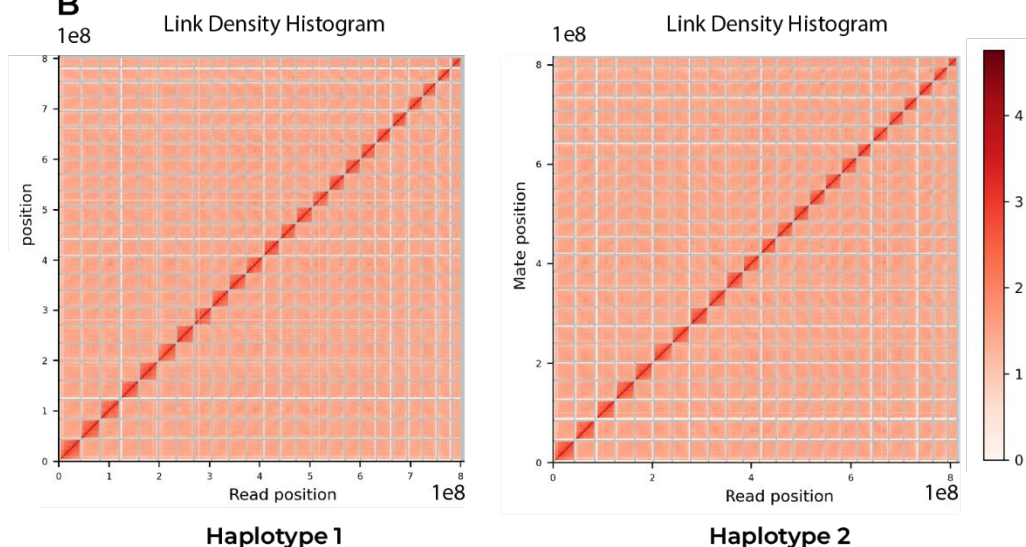


Table A.

Dovetail® LinkPrep™ データと  
Dovetail® HiRise® を使用して  
アセンブルした魚類ゲノムの完全性スコア

Figure B. 魚類2倍体ゲノムのハプロタイプ分解アセンブリのコンタクトマトリクス

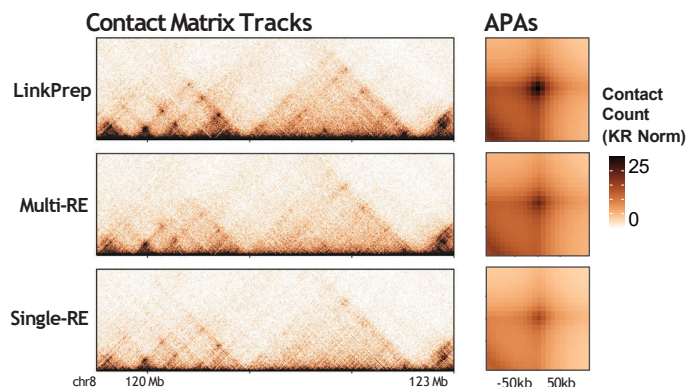
# For Epigenetics

・3D Genomics ・TAD/LOOP ・Chromatin Structure  
・Transcription Factor Dynamics ・SNV/VUS Annotations

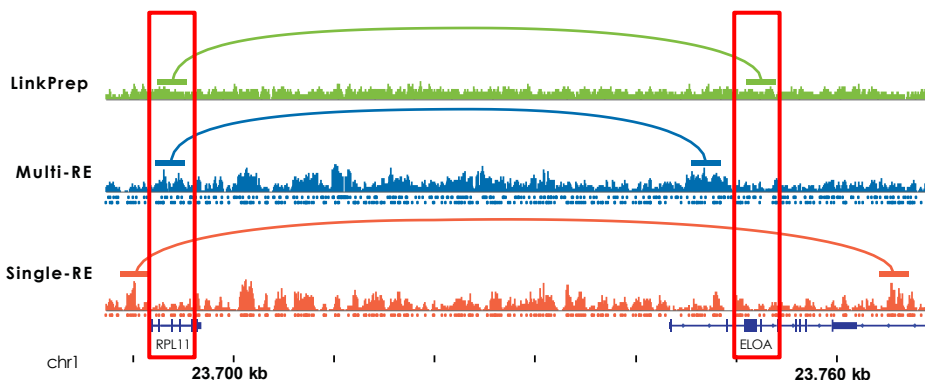
## より少ないシーケンスでより多くを検出

	LinkPrep	Hi-C
必要インプット量 (細胞数)	1 Million	2-5 Million
トータルアッセイ時間	1 Day	2-3 Days
必要近接ライゲーション 反応数	1	3-4
必要ライブラリ数	3	6-8
Loops コールに必要な リードペア	800 Million	1.2-1.6 Billion
TADs コール数	5,179	2,386
Loops コール数	19,253	9,071-12,899

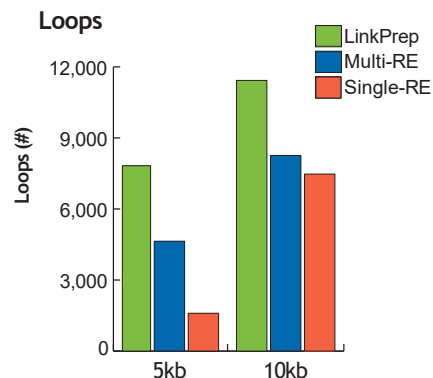
## 高品質のコンタクトマトリクスを生成し、 フィーチャー検出を改善



## 偏りのないゲノムカバレッジは 解析精度の向上につながります



不均等なシーケンスカバレッジはLoopの位置をシフトしてしまいます



## 網羅的な遺伝的変異検出による発がんドライバーの解明

がんゲノムは非常に複雑で、未解明な部分が数多く残されているため、すべてのクラスの 遺伝的変異を捕捉することは、発がんドライバーを明らかにするための重要なステップです。

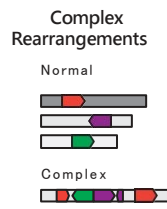
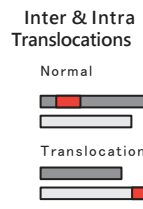
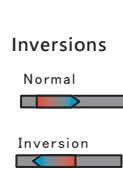
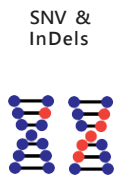
末期がんの50%以上はドライバー陰性であることが知られています

がんの遺伝的ドライバーは規模も複雑さも多様です



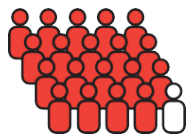
~54%

Driver Negative Cases  
(Attalla et al., 2021)



構造変異は最も多様で複雑なタイプの遺伝的変異です

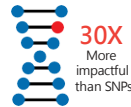
### 構造変異はがんの重要な要因です



がんの95%以上が1つ以上のSVsを含んでいます  
(2,658 cases across 38 tumor types; Li et al., 2020).

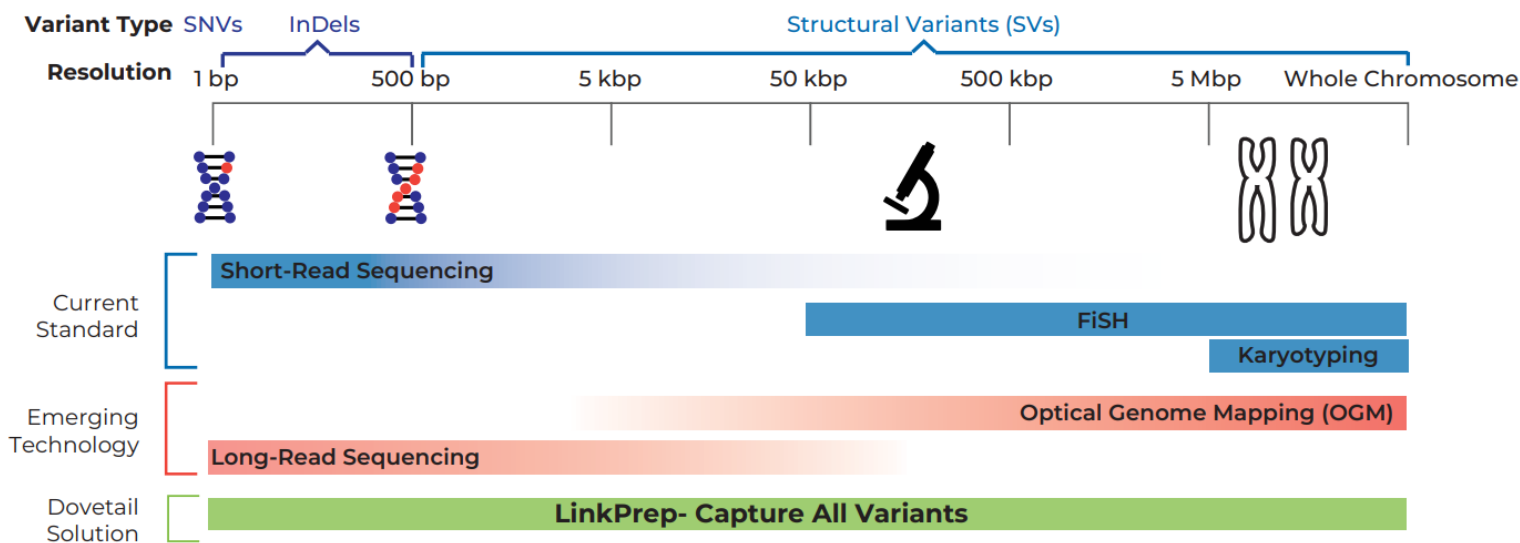


転座と100 kbを超える大きなSVsが、actionableなSVsの83%を占めています  
(Cui et al., 2022)



大きなSVsはSNVsに比べて30倍も発がん性発現に影響する可能性が高いです  
(Chiang et al., 2017)

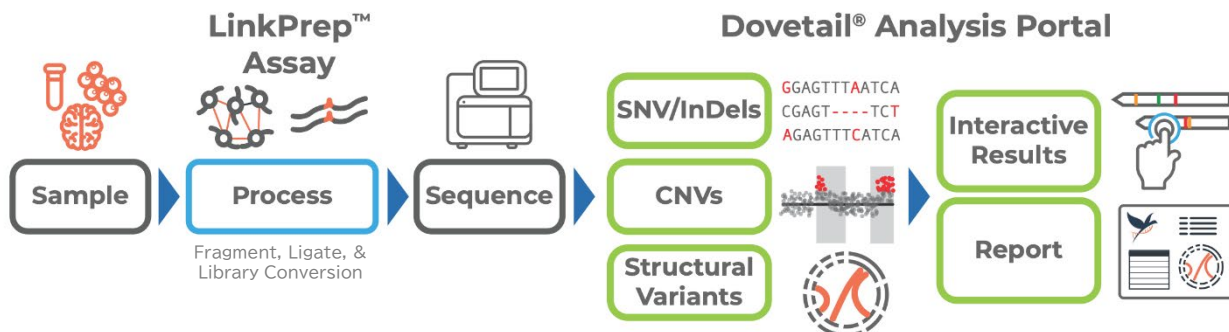
これまでの分子的アプローチでは非常に困難だった網羅的な構造変異の検出を Dovetail® LinkPrep™ で網羅する



これまでの技術では、検出可能なサイズ範囲や複雑さの異なる遺伝的変異を検出する能力にギャップがあり、結果として、サンプル内のすべての遺伝的変異を網羅的に検出するためには、複数の異なる技術を組み合わせる必要がありました。LinkPrepソリューションは、イルミナのショートリードシーケンシングプラットフォームによる単一のNGSアッセイのみですべての遺伝的変異を網羅的に検出することができます。

### シンプルなワークフローですべての変異クラスを検出

### データ解析ポータルもご用意





## 様々なサンプルに対応

Dovetail® LinkPrep™ テクノロジーは、細胞、組織、血液など、幅広い種類のサンプルに対応しており、哺乳類、非哺乳類を問わず、Dovetailは包括的なサポートを提供します。

標準的なワークフローでは100万個の細胞または、それに相当するサンプルが必要ですが、特定のアプリケーションによっては、わずか1万個の細胞から、より少量のサンプルにも対応できます。

## Dovetail® Publications

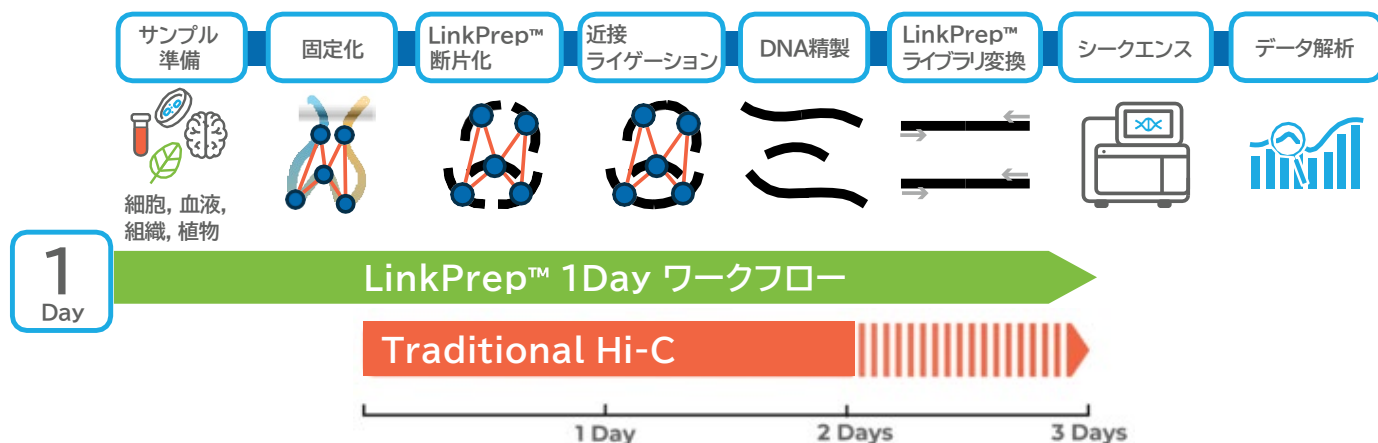
解析実績のある生物種・アプリケーション・製品など  
をご確認いただけます

<https://cantatabio.com/publication-database>



## ショートリード次世代シーケンサーとの互換性

Dovetail® LinkPrep™ Kit には、一部の一般的なラボ試薬を除き、イルミナ互換ライブラリーをわずか1日のワークフローで作製するために必要なすべてが含まれています。



## データ解析もサポート

Kitでの取得データの解析How to ビデオ・チュートリアルをご用意

## Dovetailの受託解析サービス

Dovetailの経験豊富なサービスチームが、お客様のプロジェクトをお引き受けいたします。サービスプロジェクトは、お客様が解明しようとしている課題を理解するためのご相談から始まり、お客様からサンプルをご提供いただき、Dovetailがウェットベンチ処理、シーケンシング、バイオインフォマティクスを行い、結果をデータとレポートでお届けします。

※受託サービスはお打合せの上見積りとなります ※サービス実施場所: アメリカ合衆国



## Kit 製品仕様

Dovetail® LinkPrep™ Kit,  
8 Samples, 8 Libraries

構成

・LinkPrep™ Proximity Core 4°C  
・LinkPrep™ Proximity Core -20°C  
・LinkPrep™ Library Module for Illumina  
・LinkPrep™ Primer Module Set#1  
・Cell Isolation Module

#21025G	Genome Assembly用
#21025E	Epigenetics用
#21025V	Genetic Variation用

¥670,000  
(税別)

1サンプルあたりのライブラリ数 1  
(計 8ライブラリ分)

\*追加ライブラリ調製用モジュール 別売あり

※本製品は研究用です。製品の価格及び仕様は予告なく変更する場合があります。

お問合せ先

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

phone: 03-6240-0843

email: [info\\_ap@digital-biology.co.jp](mailto:info_ap@digital-biology.co.jp)

<https://www.digital-biology.co.jp>

販売代理店