

従来のWGS (PCR増幅) (図4、右、赤のヒストグラム)と比較して、MGI WGS PCR-Freeの深度頻度分布 (図4、左、赤のヒストグラム)はポアソン分布 (青線)に近く、MGI WGS PCR-Freeではゲノム全体で高いカバレッジ均一性が実現できることを示しています。

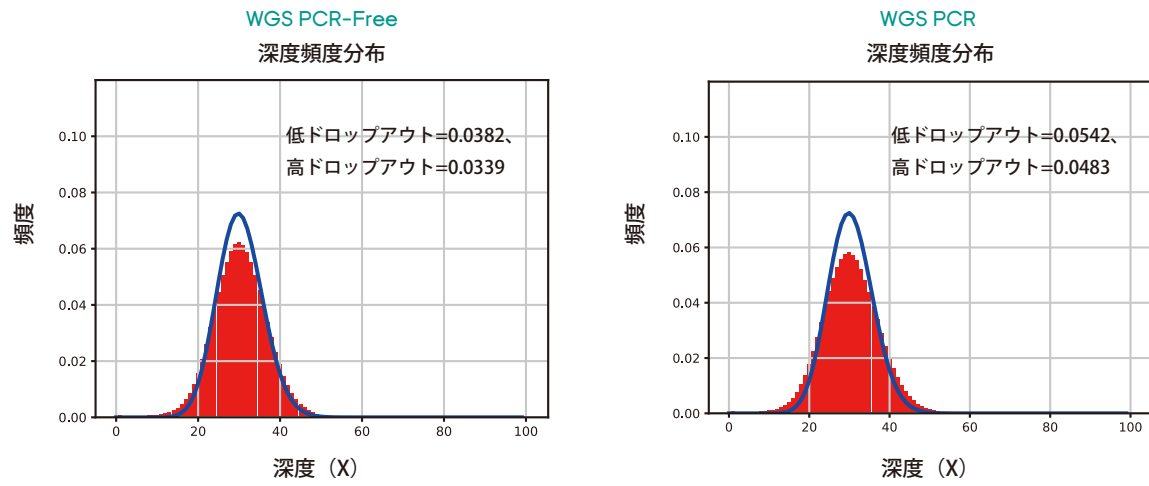


図4 深度頻度分布のシーケンシングプロット 1 µgのNA12878からMGIEasy PCR-Free DNA Library Prep Setでライブラリを調製しました。MGISEQ-2000 (PE150) でシーケンシングを行い、30Xデータで分析しました。X軸、シーケンシング深度;Y軸、完全な深度に対する深度の割合 (%) を示すシーケンシング深度分布頻度。赤のヒストグラムは実際の分布を、青の線グラフは予測された分布を示しています。

## 優れた変異検出性能

ヒト標準サンプルNA12878からMGIEasy PCR-Free DNA Library Prep Setで調製したライブラリのindelの検出精度および感度は高く (99.49%と99.18%)、ベンダーiのWGS PCR-FreeおよびPCRありの結果を大きく上回りました。また、本キットで調製したライブラリより得られたSNPの検出精度および感度はいずれも99.9%を上回り、ベンダーiのNシーケンシングプラットフォームより得られたWGS PCR-FreeおよびPCRありと同等の結果となりました。これは、MGI WGS PCR-Freeの検出性能が非常に優れていることを示しています。

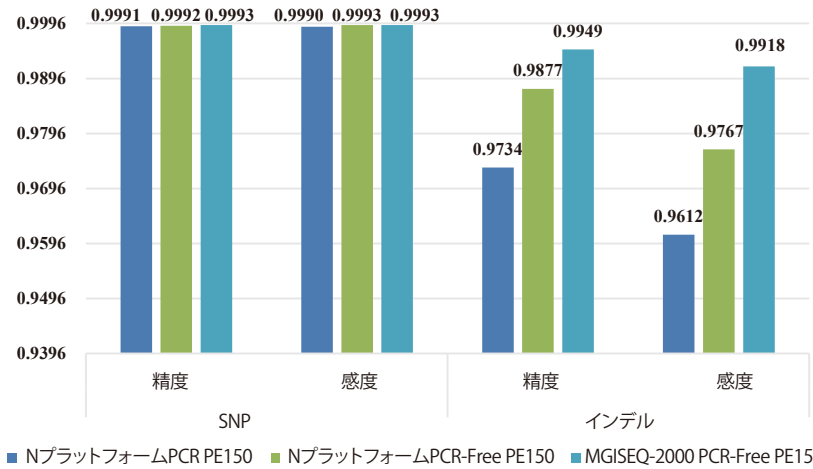


図5 2種類のシーケンシングプラットフォームにおけるPCR-Free WGSおよびPCR WGSの変異検出性能の比較 NA12878からMGIEasy PCR-Free DNAで調製したライブラリをMGISEQ-2000 (PE150)でシーケンシングを行いました。変異検出結果を、公式ウェブサイトからダウンロードしたベンダーi製品のNシーケンシングプラットフォームのデータ (T PCR-FreeキットおよびT PCRあり)と比較しました。

## 要約

MGIEasy PCR-Free DNA Library Prep Setは、WGSの幅広いアプリケーションに適しています。PCR増幅を排除したMGI PCR-Free WGSは、最小限のエラー蓄積、高いカバレッジ均一性、優れた変異検出性能により高品質のシーケンシングデータを生成して、包括的な全ゲノム研究に貢献します。

## 発注情報

製品	仕様	項目番号
MGIEasy PCR-Free DNA Library Prep Set	16 RXN	1000013452
	96 RXN	1000013453

## 日本事務所

JAPAN MGI TECH CO., LTD. (日本華大智造科技株式会社)

アドレス: 〒651-0083兵庫県神戸市中央区浜辺通5-1-14 神戸商工貿易センタービル 8 F

メール: [MGI\\_Japan@genomics.cn](mailto:MGI_Japan@genomics.cn)

ウェブサイト: [en.mgitech.cn](http://en.mgitech.cn)

電話: 078-414-8765

FAX: 078-414-8763



<https://www.linkedin.com/company/MGI-BGI>



[https://twitter.com/MGI\\_BGI](https://twitter.com/MGI_BGI)



website

著作権に関する声明事項: このパンフレットの著作権はMGI Tech Co., Ltd.が所有しています。このパンフレット又はその一部 (インテリアデザイン、カバーデザイン、アイコン等を含むがこれらに限らない) に含まれる情報は、MGI Tech Co., Ltd.の事前の書面による承諾を得た場合を除き、あらゆる手段 (電子、コピー、記録、翻訳等) による、また、いかなる形式の複製または送信をすることを禁じます。パンフレット内のすべての商標またはアイコンはMGI Tech Co., Ltd.及び提供者の知的財産です。



# MGIEASY PCR-FREE DNA LIBRARY PREP SET

## 「製品の特長」

### 幅広い種に対応

ヒト、動物、植物、細菌、真菌などに対応します。例えば、ヒト (血液、唾液、新鮮組織)、マウス、イネ、大腸菌、メタゲノミクスなどに対応可能です。

### 迅速、簡単に自動化に適したワークフロー

ライブラリ調製は、サイズ選択したDNAをインプットとして3.5時間で完了できます。ワークフローは簡単に自動ライブラリ調製に適しており、アンプリコンによるコンタミネーションのリスクを避けることができます。

### 増幅エラーの蓄積なし

WGS PCR-Freeで調整したライブラリをMGI DNBSEQ™プラットフォームによりシーケンシングする場合には、PCRを完全に排除できるために増幅エラーが累積せず、ゲノム忠実度も高くなります。

### 高いカバレッジ均一性

PCR増幅を伴う従来のWGSに比べて、WGS PCR-Freeライブラリ調製ではGCバイアスが小さく、GCリッチ領域、プロモーター領域や反復領域などのゲノム全体を通して、高いカバレッジ均一性が得られます。

### 優れた変異検出性能

PCR増幅を伴う従来のWGSに比べて、WGS PCR-Freeライブラリ調製では変異検出、特にindel検出において高い感度と精度を示します。

## 「概要」

MGEasy PCR-Free DNA Library Prep Setは、PCR増幅を行わずにWGSライブラリを作製するためにデザインされたMGI高スループットシーケンシングプラットフォーム用のライブラリ調製キットです。本キットとMGI DNBSEQ™シーケンサーを組み合わせることで、本当の意味で「PCR-Free」のワークフローが完成し、エラーが蓄積しない、高いデータ精度を実現できます。本キットは、ヒト、動物、植物、微生物などの幅広い種に対応しています。ワークフローは迅速で簡単です。従来のWGS (PCR増幅)と比較した場合、MGI WGS PCR-Freeにはエラーの蓄積がない、カバレッジ均一性が高い、変異検出性能が高いというメリットがあります。

## 「ワークフロー」

MGEasy PCR-Free DNA Library Prep Setでは、サイズを選択したdsDNA断片をインプットとして使用してMPSライブラリを調製します。末端修復、Aテーリング、アダプターライゲーション、クリーンアップの後に、得られた二本鎖を一本鎖に変性します。最後に環状化することで、MGI高スループットシーケンシングプラットフォーム専用のライブラリを得ます。



## 「製品概要」

必要時間	約3.5時間
パンズオンタイム	約30分
サンプル量	120～200 ngの断片化DNA（1 µgのゲノムDNAからを推奨）
インサートサイズ	350～400 bp
サンプルタイプ	断片化DNA
種の適合性	ヒト、動物、植物、真菌、細菌、メタゲノミクスなど
アプリケーション	全ゲノムシーケンシング
対応プラットフォーム	MGISEQ-2000、BGISEQ-500、DNBSEQ-G400
シーケンシング戦略	PE100、PE150

## 「製品性能」

### ● 長い断片の情報を読む

1 µgのgDNAをインプットとして、ヒト標準サンプルNA12878やマウス、カイコ、イネ、大腸菌、メタゲノミクスの6種からライブラリ調製を行ったところ、次の工程に十分な量のssCir（一本鎖環状DNA）ライブラリを得ることができました(>12ng)。

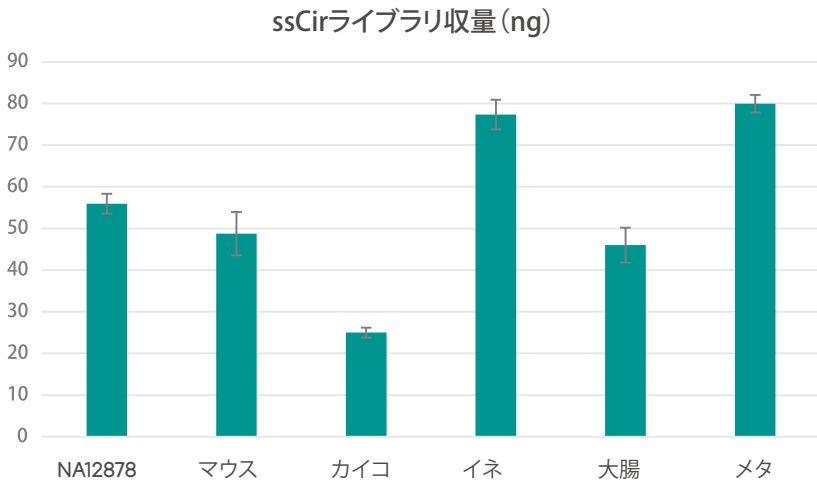


図1 異なるサンプルでのssCirライブラリ収量の例 (N=3～6)

ヒト標準サンプルNA12878に対して、異なる試薬ロットや複数の作業によるライブラリ調製を複数回行いました。いずれの条件でも常に12 ng以上のssCirライブラリを得ることができました。本キットは異なる条件下でも安定したライブラリ作成に寄与することが示されました。

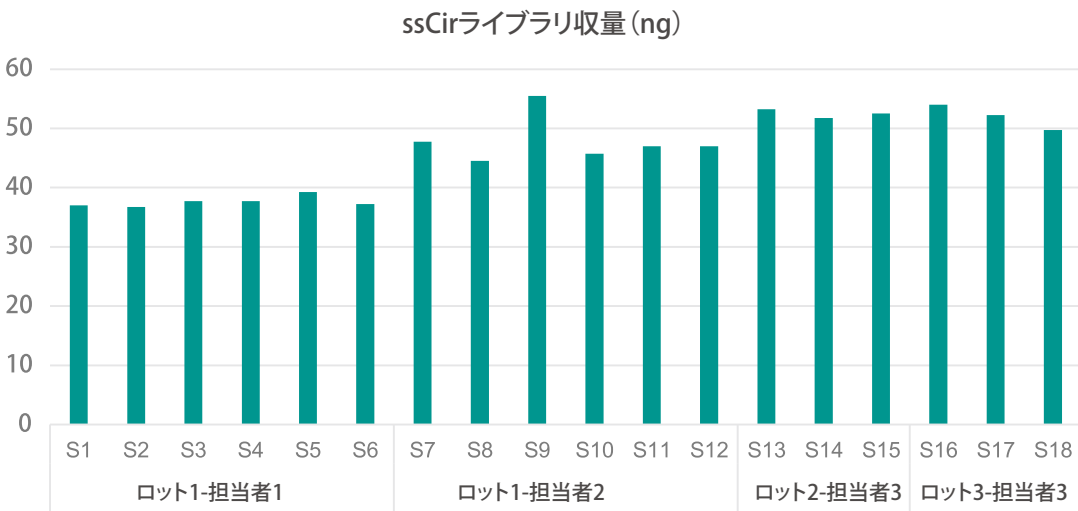


図2 NA12878のssCirライブラリ収量

### ● エラーが蓄積しない

WGS PCR-Freeキットでは、ライブラリ調製でPCR増幅を行わないため、PCRエラーやPCR/バイアスが発生しません。さらにMGI DNBSEQ™テクノロジーでは、シーケンス前のライブラリ増幅工程でも元のゲノム断片からローリングサークル法で行います。本キットによるPCR-Freeライブラリ調製とDNBSEQ™テクノロジーの組み合わせは真のPCR-Free MPSワークフローであり、高いゲノム忠実度を実現できる最初で唯一の方法です。

### ● 高いカバレッジ均一性

PCR増幅を行わないMGI WGS PCR-Freeライブラリでは、増幅バイアスが最小限に抑えら、ゲノム全体のカバレッジ均一性が高まります。GC含量が中程度の細菌と同様に、GC含量が高い細菌および低い細菌のカバレッジプロットは、期待される正規化カバレッジ (1.0) に近くなっていました。これは、MGI WGS PCR-Freeが、幅広いGC含量のサンプルにおいて均一なGCカバレッジを提供できることを示しています (図3参照)。

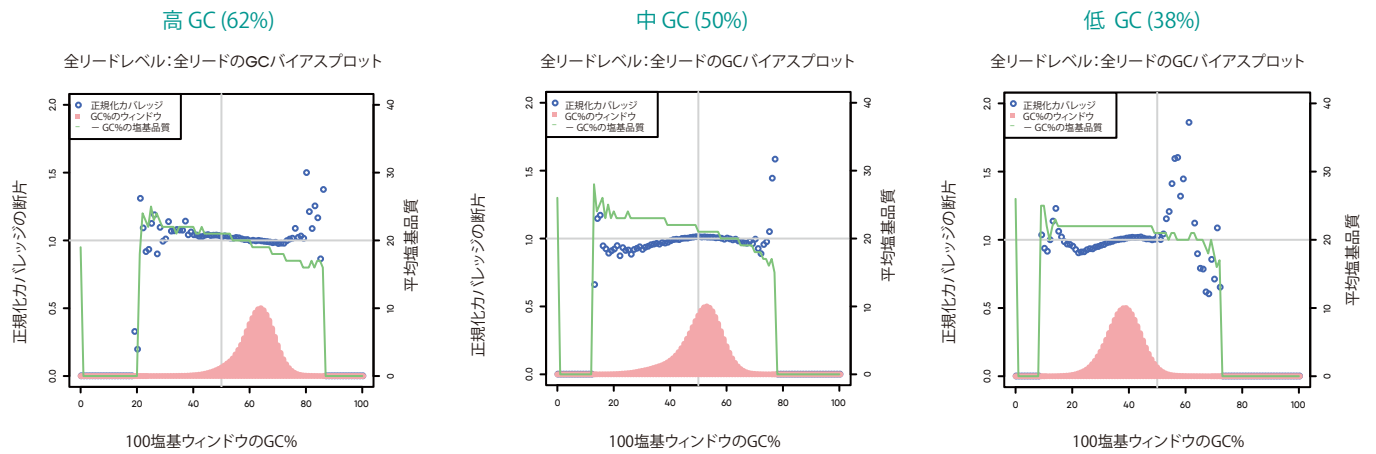


図3 ゲノムGC含量が異なる細菌のGCバイアスプロット (olsenella 62% GC、E.coli 50% GC、B.megaterium 38% GC)。1 µgのgDNAからMGEasy PCR-Free DNA Library Prep Setを使用してライブラリを調製し、MGISEQ-2000 (PE150) でシーケンスを行いました。100 bpビン内におけるリファレンスのGC含量を計算してプロットしています。期待される正規化カバレッジ (1.0) を灰色の横線で、各ライブラリの正規化カバレッジを青い点線で示しています。青い点線が1.0に近いほど、カバレッジ均一性も高くなります。