# Illumina DNA PCR-Free Prep, Tagmentation

全ゲノムシーケンス アプリケーション向けの、 高性能で迅速な統合型の ワークフロー

- 最適化されたライブラリー調製性能により、高精度で信頼度の 高い結果を生成
- 柔軟なプロトコールにより、高感度シーケンスアプリケーションでも幅広い種類のサンプルに対応
- 少量のインプットDNAでも対応、合計時間約1.5時間の迅速で自動化対応のワークフロー



#### はじめに

次世代シーケンサー (NGS) は、ランあたりに生成できるデータの量 と質を劇的に向上させ、結果を得るまでのコストと時間を削減する ことにより、ゲノム研究の進め方に革命をもたらしました。イルミナ のシーケンステクノロジーは近年急速に進歩していますが、PCRに 依存したライブラリー調製プロトコールには依然として大きな課題 があります。PCRのバイアスにより、特に塩基組成が不均一な領域 では、ゲノム全体にわたるカバレッジの不均一を生じる可能性があり ます。この課題に対処するために、Illumina DNA PCR-Free Prep Tagmentation (Illumina DNA PCR-Free) は、オンビーズタグメ ンテーションとPCRフリーワークフローを独自に組み合わせています

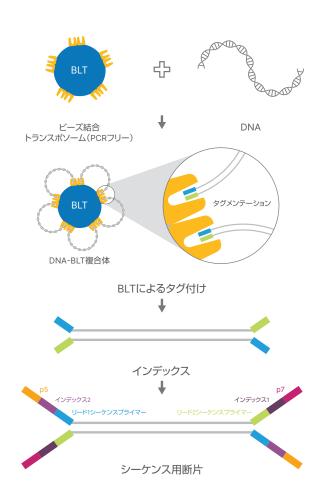


図1: Illumina DNA PCR-Freeケミストリー: サンプルライブラリーの調製と インデックス付けのための効率的なソリューション。

#### 原理について

タグメンテーションは、タグ付けとDNA断片化を単一の高速反応に 組み合わせる、トランスポソームを介した反応です。オンビーズタグ メンテーションは、ビーズ結合トランスポソームを使用し、溶液中で のタグメンテーションと比較してより均一なタグメンテーション反応 を実施します。ビーズ結合トランスポソームがDNAで飽和すると、さ らなるタグメンテーションは生じないため、一貫したライブラリー収 量と均一なライブラリーインサートサイズが得られます。<sup>1,2</sup> さらに、 Illumina DNA PCR-Freeケミストリーは、PCR増幅のステップをな くすことにより、PCRに起因するバイアスを排除し、腫瘍一正常バリ アントの識別またはヒト全ゲノムシーケンス (WGS) などの高感度 アプリケーションに高精度の配列情報を提供します。Illumina DNA PCR-Freeアッセイは抽出したゲノムDNA (gDNA) から90分、また は血液や唾液などの生サンプルから2.5時間で完了できます(表1)。

表1: Illumina DNA PCR-Freeの仕様

パラメーター	Illumina DNA PCR-Free	TruSeq <sup>™</sup> DNA PCR-Free	
DNAインプットの 種類	gDNA、血液、唾液、 プラスミド、乾燥血液 スポット	gDNA	
DNAインプット量	25 ng~300 ng <sup>a</sup>	1~2 µg	
断片化手法	オンビーズ タグメンテーション	Covaris超音波処理	
サンプル マルチプレックス	384種類のデュアル インデックス <sup>b</sup>	96種類のデュアル インデックス	
対応するシーケンス システム	MiniSeq <sup>™</sup> システム、 MiSeq <sup>™</sup> システム、 NextSeq <sup>™</sup> 550 システム、NextSeq 1000システム、 NextSeq 2000 システム、NovaSeq <sup>™</sup> 6000システム、 NovaSeq Xシステム	すべてのイルミナ シーケンスシステム	
合計ワークフロー 時間 <sup>°</sup>	~90分 <sup>d</sup> (抽出 gDNA) ~2.5時間 (生の血液 または唾液)	~11時間	
インサートサイズ <sup>d</sup>	450 bp 350 bpまたは550 bp		

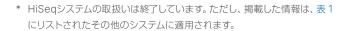
- a. Illumina DNA PCR-Freeの最大インプット量は2 µgです。
- b. マルチプレックス化されたライブラリー間のばらつきを軽減するためのインデッ クス補正については、『Balancing sample coverage for whole-genome sequencinalを参照してください。
- c. ワークフローの合計時間には、DNAの抽出と定量、タグメンテーション、ライブラ リープーリングのステップが含まれます。
- d. 飽和量のインプットgDNA (300 ng) を用いた時のワークフロー時間。
- e. インサートサイズを350 bpまたは550 bpに調整する方法の詳細については、 [Tunable insert sizes with Illumina DNA PCR-Free Prep, Tagmentation] を参照してください。

# ヒトWGSの非常に均一な全ゲノム カバレッジ

カバレッジの均一性は、シーケンスランのゲノム全体にわたるデータ の包括性の指標です。均一なカバレッジにより、平均深度から離れ たバリアントもより正確にコールすることができます。<sup>3</sup> さまざまな GCコンテンツにわたるカバレッジ性能を評価するために、Illumina DNA PCR-FreeおよびTruSeq DNA PCR-Freeからノーマライズ したカバレッジデータをヒトゲノムコンテンツに対してGCの割合ご とにプロットしました。ヒトゲノムデータの大部分は20~70%のGC 配列で構成されています。どちらのキットも、ヒトWGSデータで表 されるように幅広いGCコンテンツにわたって均一なカバレッジレベ ルを示すことから(図2)、Illumina DNA PCR-FreeがヒトWGSア プリケーションに非常に適していることが示されました。

# 高GC領域または高AT領域でも均一な カバレッジ

ヒトゲノム転写の構造要素により、ヒト遺伝子プロモーター領域は GCリッチまたはATリッチであることが多く、PCRでの増幅が困難 な場合があります。4 PCRを含まないキットを使用して調製したヒト WGSライブラリーは、GCリッチなプロモーター領域でカバレッジ が改善する可能性があります。Illumina DNA PCR-Free、TruSeq DNA PCR-Free、およびTruSeg DNA Nano (PCRを含む) の カバレッジ性能を比較するために、ヒト細胞株NA12878のgDNA (Coriell Institute) からライブラリーを調製しました。 すべてのラ イブラリーはHiSeg™システム\*、150 bp×2のラン構成でシーケ ンスしました。データは32~40 ×カバレッジまでダウンサンプリン グしました。TruSeq DNA Nanoデータと比較して、Illumina DNA PCR-FreeのデータセットとTruSeg DNA PCR-Freeのデータセッ トはともに、ヒトのRNPEPL1遺伝子の高GCギャップ領域にわたって 優れたカバレッジを示しました(図3)。Illumina DNA PCR-Freeを 使用すると、困難な領域全体のカバレッジが向上します。



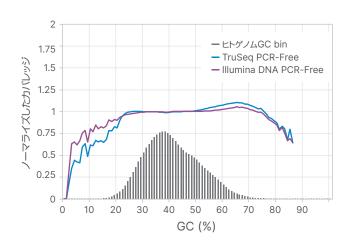
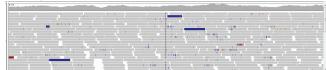


図2:IIIumina DNA PCR-Freeカバレッジの均一性:IIIumina DNA PCR-Freeは、ヒトゲノムの幅広いGCコンテンツにわたって均一なカバ レッジを提供します。

#### Illumina DNA PCR-Free



#### TruSea PCR-Free



#### TruSeq Nano



図3:GCリッチ領域全体のリードカバレッジの比較:TruSeq DNA PCR-FreeおよびTruSeq DNA Nano Library Prep Kitとの比較では、Illumina DNA PCR-Freeは、ヒトRNPEPL1遺伝子のGCリッチプロモーター領域全 体で優れたリードカバレッジを提供します。リードマップは、BaseSpace™ Sequence Hubで利用可能なIntegrative Genomic Viewer (IGV) App で視覚化しました。

# 幅広いDNAインプット量にわたる 優れた性能

Illumina DNA PCR-Freeの性能を、さまざまなDNAインプット量で 評価しました。ライブラリーはヒト細胞株gDNA (Coriell Institute、 カタログ番号: NA12878) から調製し、TruSeg DNA PCR-Free では600 ng、Illumina DNA PCR-Freeでは20~200 ng<sup>†</sup> のイン プット量を使用しました。ライブラリーはNovaSeg 6000システム、 150 bp × 2のラン構成でシーケンスし、40 ×の平均カバレッジにダ ウンサンプリングしました。クオリティスコア、ベースコーリング、お よびバリアントコーリングのメトリクスを比較しました。各ライブラ リータイプからのデータは非常に正確であり、NovaSeg 6000シス テム上で85%以上がQ30以上の塩基スコアを示しました(図4A)。 また、データセットは、常染色体とエクソンの両方内で同等のベース コーリング性能および同等のバリアントコーリングを示しました(図 4B)。また、わずか20 ng\*のインプット量を含むすべてのDNAイン プット量でのデータクオリティ、ベースコーリング性能およびバリアン トコールも同等でした。

# オンビーズタグメンテーションおよび PCRフリープロトコール

Illumina DNA PCR-Freeは、オンビーズタグメンテーションとPCR フリーケミストリーを活用したユニークで強力な組み合わせを提供 します。Illumina DNA PCR-Freeのオンビーズ飽和点は、gDNA 300 ng以上です。オンビーズ飽和により、ロバストなインサートサイ ズ制御と300 ngを超えるDNAインプット量からノーマライズされた 収量を得ることが可能になります。このプロトコールにより、ライブ ラリー調製前後の定量ステップが最小限に抑えられます。ノーマライ ズされたライブラリーは容量でプールができるため、時間のかかるラ イブラリー定量を回避できます。Illumina DNA PCR-Freeは、定量 とPCRステップをなくしたため、効率化された90分間のアッセイと なっています(図5)。ノーマライゼーションはインプット量が150 ng 以上の時のみ達成されますが、解析可能な高性能ライブラリーはわ ずか20 ng\*のインプットDNAからでも生成できます。少ないDNAイ ンプットからPCRフリーのライブラリー調製を実行できるため、乾燥 血液スポットから、WGSなどの新しいアプリケーションが可能にな ります。

# ハイスループットアプリケーション向け の効率的なサンプルマルチプレックス

Illumina DNA PCR-Freeは、Illumina DNA Unique Dual Indexesとともに使うことで、イルミナシーケンスシステムでのサン プルの正確なデマルチプレックスが可能になります。最大384種類 のインデックスにより、ハイスループットのシーケンスプロジェクト に最大限の柔軟性が提供されます。

## 自動化対応ワークフロー

Illumina DNA PCR-Freeは、迅速かつシンプルなワークフローで あるため、自動化と高い親和性があります。ビーズベースのワークフ ローの一貫性と自己ノーマライゼーションにより、血液または唾液の 生サンプルから開始し、Illumina Lysisプロトコールを実行して、定 量ステップなしでライブラリー調製に進むことができます。これらの 性能により、自動分注機プラットフォームで生サンプルの自動化バッ チ処理を行う簡単なワークフローが可能になります。

自動化による効率化を実証するために、TruSeq DNA PCR-Free の自動化ワークフローと競合他社2社の酵素ベースのPCRフリー ワークフローをIllumina DNA PCR-Freeと比較しました。ハミル トン自動分注機ロボットを使用した、96サンプルバッチのライブラ リー調製に必要なタッチポイント、ラボウェア、チップ数、および時間 を、ワークフローごとに計算しました。比較すると、Illumina DNA PCR-Freeは大幅に時間を節約できることが示されました(表2)。

## Illumina DNA PCR-Freeでコストを 削減

ラボウェア、チップ、qPCR試薬は、NGS用のライブラリーを調製 する際の追加コストの原因となります。ビーズベースのテクノロ ジーの主な利点は、バッチで調製されたすべてのライブラリーを 自動的にビーズベースでノーマライズできることです。この自己 ノーマライゼーションにより、個々のライブラリーの定量が不要 になり、等量をプールするシンプルなライブラリープーリングが可 能になります。マルチプレックス化されたライブラリー間でのイン デックス特異的な性能の変動を補正する方法については、テクニ カルノート [Balancing sample coverage for whole-genome sequencing』を参照してください。

<sup>†</sup> Illumina DNA PCR-Freeの最大インプット量は2 μgです。

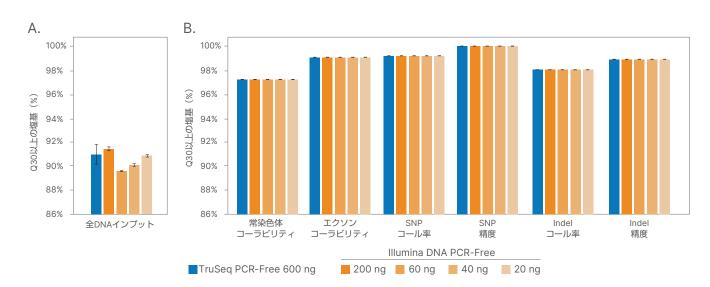


図4:さまざまなDNAインプット量に及ぶIllumina DNA PCR-Free Prep性能:さまざまなDNAインプットから調製したIllumina DNA PCR-Freeライブラリー は、(A) すべてのDNAインブットに対する品質仕様に合格し、(B) 同等のコーラビリティ性能を示しています。Q30スコア:99.9%の推定ベースコール精度。常染 色体コーラビリティ: ジェノタイプコールをパスした常染色体中のN以外のリファレンス位置の割合。エクソンコーラビリティ: ジェノタイプコールをパスしたエク ソン中のN以外のリファレンス位置の割合。SNP:1塩基多型。Indel:挿入欠失変異。精度(正確さ):[真陽性コール数/(真陽性コール数 + 偽陽性コール数)] の割合として計算。コール率(感度):[真陽性コール数/(真陽性コール数 + 偽陰性コール数)]の割合として計算。



図5:Illumina DNA PCR-Freeワークフロー: Illumina DNA PCR-Freeワークフローは、断片化またはタグメンテーションからライブラリーのクリーンアップま で、合計90分の迅速アッセイ時間を実現します。社内資料 Illumina, Inc. 2019.ご注意: N社は、イルミナアダプターと組み合わせた独自の試薬を使用しています。

#### 表2:96サンプル分の自動化に使用した消耗品。

メソッド	サンプルの 種類	タッチポイント	96サンプル プレート	チップ	時間
TruSeq DNA PCR-Free	gDNA	20	20	5,504	10時間10分
K社	gDNA	13	19	4,076	6時間21分
N社	gDNA	13	17	3,266	5時間42分
Illumina DNA PCR-Free (+ オブションのqPCR定量プール)	血液、唾液	2 (6)	10 (12)	2,016 (2,072)	2時間32分(4時間7分)
Illumina DNA PCR-Free (+ オプションのqPCR定量ブール)	gDNA	2 (6)	8 (10)	1,604 (1,660)	1時間32分 (3時間7分)

a. 96コアヘッド + 8チャネル自動分注システムでHamilton Star用のHamiltonソフトウェアを使用してモデル化されています。qPCRは、サンプルごとにすべてのワークフローの自動化モ デリングに含まれています。Illumina DNA PCR-Free以外のワークフローでは、各サンブルはqPCRで測定、調整、ブールされることを想定しています。サンブルブーリングは、24サン ブルからなる4つのブールに基づいています。社内資料 Illumina, Inc. 2019.ご注意:N社は、イルミナアダプターと組み合わせた独自の試薬を使用しています。

PCRフリーライブラリーは通常qPCRで定量されますが、Illumina DNA PCR-Freeはライブラリー調製プロトコールは全体に渡り (例: PCRライブラリーの増幅およびライブラリー調製後の定量) qPCRを排除または大幅に削減します。 qPCR試薬、ラボウェア、定 量試薬、チップ、サードパーティー製抽出キットを含む追加コスト試算 から、Illumina DNA PCR-Freeワークフローでは大幅に節約できる ことがわかります。<sup>5</sup> 例えば、追加コストは、TruSeg PCR-Freeワー クフローでは総コストの約56%、競合他社の酵素ベースのPCRフ リーキットでは約44%を占める可能性があります。 Illumina DNA PCR-Freeワークフローの場合、追加コストはわずか約21%であり、 他のライブラリー調製キットと比較して大幅な削減となります。†

## まとめ

Illumina DNA PCR-Freeは、オンビーズタグメンテーションとPCR フリーケミストリーステップを活用したユニークな組み合わせを提 供します。オンビーズタグメンテーションにより、ビーズベースのノー マライゼーション、簡単な容量ベースのライブラリープーリング、およ びライブラリー定量前後のステップが排除されます。PCRフリーの ワークフローは、ワークフローを簡素化して全体の時間を短縮する と同時に、リピートや不均一なゲノム領域全体にわたって非常に均一 なカバレッジを提供します。ワークフローに統合されたFlex Lysis Reagent Kitは、生サンプルインプットとしての血液、唾液、乾燥血 液スポットに使うことができます。Illumina DNA PCR-Freeは、ヒ トWGS、微生物ゲノムのde novoアセンブル、または腫瘍一正常バリ アントコールなどの高感度アプリケーションに対して、優れた使いや すさ、均一なカバレッジ、高精度のデータを提供します。

## 詳細はこちら

Illumina DNA PCR-Free Prep

<sup>‡</sup> ライブラリー調製キットのコストは、この計算に一致します。追加コストは 変動し、ワークフローの想定に基づいて総コストの割合として計算されて います (表2)。

### 製品情報

カタログ番号
20041794
20041795
20091654
20091656
20091658
20091660
20042221

### 参考文献

- 1. Illumina. Illumina DNA Prep. illumina.com/content/dam/illuminamarketing/documents/products/datasheets/illumina-dna-prepdata-sheet-770-2020-009.pdf. Published 2020. Accessed September 1, 2023.
- 2. Bruinsma S, Burgess J, Schlingman D, et al. Bead-linked transposomes enable a normalization-free workflow for NGS library preparation. BMC Genomics. 2018;19(1):722. Published 2018 Oct 1. doi:10.1186/s12864-018-5096-9
- 3. Illumina. Comparison of TruSeq Sample Preparation Kits. illumina.com/content/dam/illumina-support/documents/ products/technotes/technote\_truseq\_comparison.pdf. Published 2013. Accessed January 31, 2022.
- 4. Bajic VB, Choudhary V, Hock CK. Content analysis of the core promoter region of human genes. In Silico Biol. 2004;4(2):109-
- 5. Data on file. Illumina, Inc., 2019.

# イルミナ株式会社

〒108-0014 東京都港区芝 5-36-7 三田ベルジュビル 22階 Tel (03) 4578-2800 Fax (03) 4578-2810 jp.illumina.com



f www.facebook.com/illuminakk

販売店

本製品の使用目的は研究に限定されます。診断での使用はできません。 販売条件: jp.illumina.com/tc

© 2023 Illumina, Inc. All rights reserved.

すべての商標および登録商標は、Illumina, Inc. または各所有者に帰属します。

商標および登録商標の詳細は jp.illumina.com/company/legal.htmlをご覧ください。

予告なしに仕様および希望販売価格を変更する場合があります。

