



我们制造 DNA



寡核苷酸池



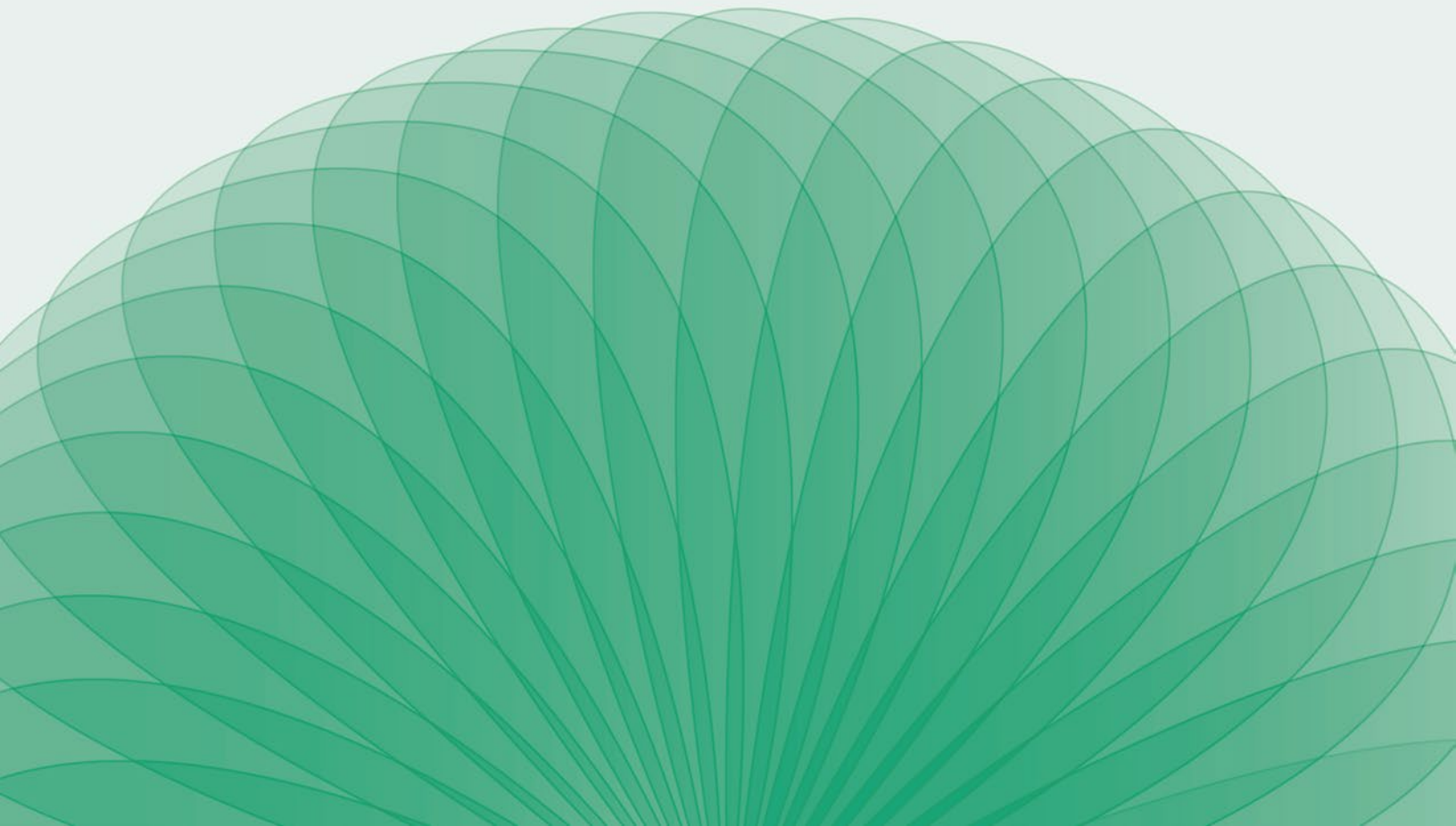
NGS



基因

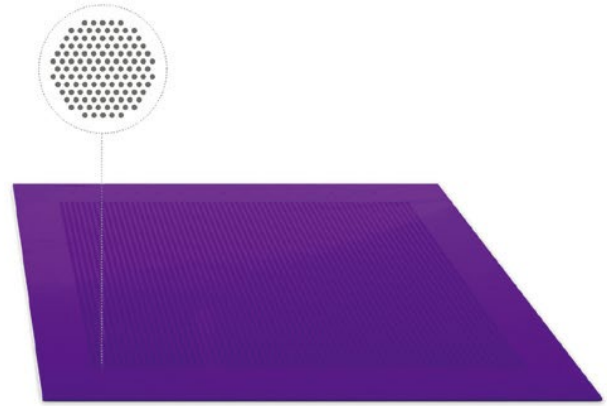


文库





96孔板
合成1个基因



TWIST的硅基平台
合成9600个基因

我们制造 DNA

Twist Bioscience 旨在提供服务，助力客户让世界变得更美好。客户将我们人工合成的 DNA 工具应用于卫生保健、农业、化工原料、学术研究和数据存储等多个领域，开发技术，改善生活，提高地球的可持续性。我们相信，客户越早成功，于我们越有益。我们也相信，在加快客户工作进展的过程中，Twist Bioscience 正发挥着独一无二的作用。

大规模合成 DNA

我们开发了首个硅基 DNA 编写平台，一次运行可大规模平行合成许多不同的寡核苷酸序列。这项技术加速了高质量合成生物学和基因组学工具的生产，降低了成本，进而加速了研究开发进程。

大规模设计

您可以利用更多的高性能工具来扩展您的实验设计。以全新的视角重新审视错综复杂的基因通路、基因组编辑、蛋白质工程和精准医疗。使用这一全新的 DNA 合成平台，释放合成生物学和基因组学的全部潜力。

寡核苷酸池

Twist 寡核苷酸池是利用硅基 DNA 编写技术合成的高度多样化的单链寡核苷酸集合。我们的合成平台可以在单次运行中大规模平行合成数十万个高质量且高度准确的寡核苷酸。

寡核苷酸池具有多种用途,包括 CRISPR 向导 RNA (sgRNA) 文库构建、肽和蛋白质筛选,以及高通量报告基因分析。

产品说明

- 以 ssDNA 池的形式交付
- 序列长度可达 300 nt
- 寡核苷酸池最少 2000 个序列,没有最大值的限制
- 0.1 fmol/寡核苷酸

主要优点

精确编辑靶标位点

- 针对特定靶标精确合成
- 行业领先的低错误率 1:2,000 nt

最大化筛选效率

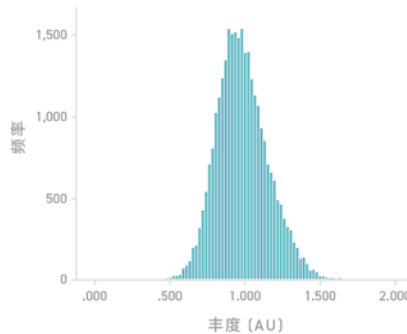
- 均一的合成,确保出色的寡核苷酸呈现
- 90% 以上的寡核苷酸在平均丰度 2.5 倍内出现

灵活的寡核苷酸池大小,可以充分适应您的筛选

- 针对您的检测来设计寡核苷酸池
- 具有可扩展性,可订购您需要的寡核苷酸数量

图 A Twist 寡核苷酸池在高度均一性条件下合成,90% 的序列在平均频数 4 倍内出现,保证了 100% 的占比 (左)。行业领先的低错误率 (1:1,000),确保了高度的靶标特异性 (右)。

100 % 的寡核苷酸占比



行业领先的低错误率, 1:1,000

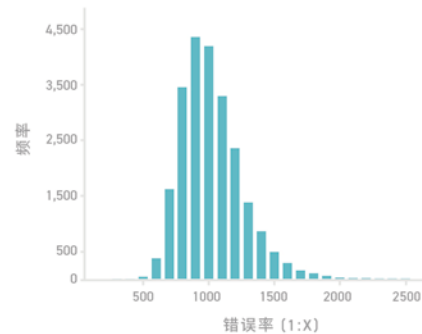
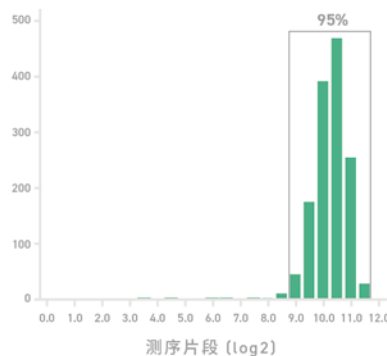
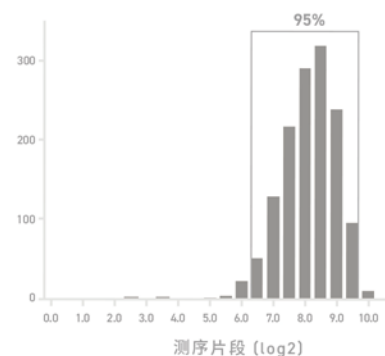


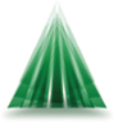
图 B 对寡核苷酸池进行扩增、克隆、电转化和测序,研究其占比和准确性。利用 NGS 验证 Twist 寡核苷酸池合成的克隆,结果显示回收率达 100%,同时,与竞争对手基于阵列的寡核苷酸池相比,也表现出更高的均一性和准确性。95% 以上的寡核苷酸在平均频数 4 倍内出现。

TWIST BIOSCIENCE 寡核苷酸池



竞争对手基于阵列的寡核苷酸池





TWIST 定制组合

NGS 靶向富集方案

Twist 定制组合通过富集用户自定义的数十到数十万个目标区域，使研究人员能够实现更加集中的基因组分析，得出有意义的结果。Twist Bioscience 的探针结合了严格控制、平衡的探针占比和高度可扩展合成平台的优点，能够有效地捕获靶标。该技术还具有一个专有的设计算法，可以快速、高效地进行组合设计。

- 按您的应用需求定制探针
- 可灵活选择订购完整的试剂盒或适合您的工作流程的组分
- 专有的设计算法
- 交付时间更短，2 - 3 周内即可完成预试验到生产的全过程

主要优点

性能卓越

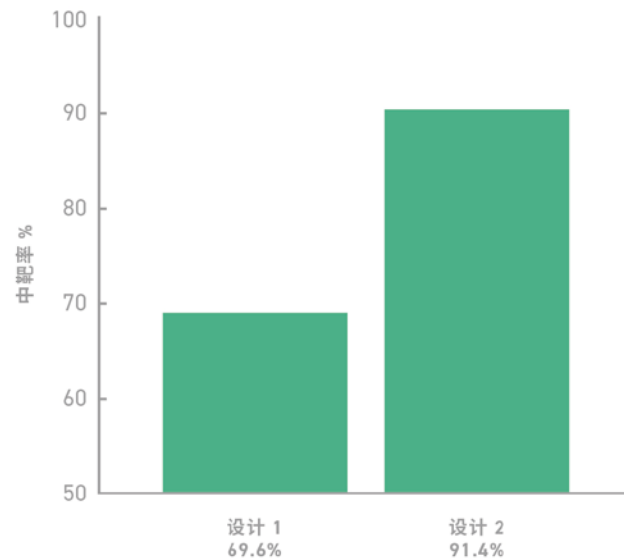
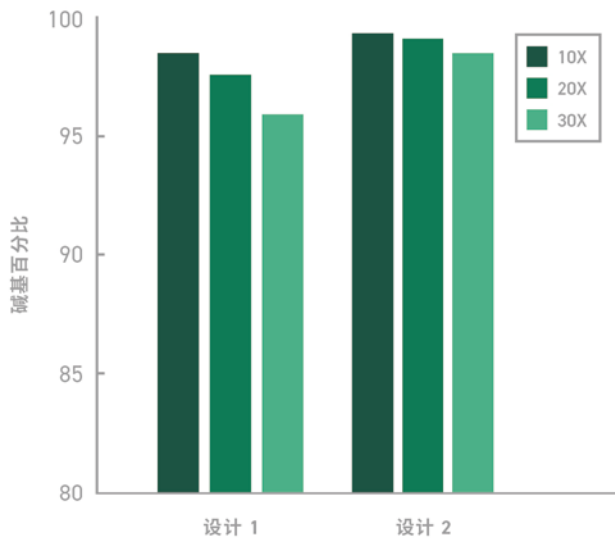
- 均一完整的靶标覆盖
- 利用 NGS 进行质量控制确保最佳的探针表现，消除丢失

迅速访问

- 最终组合交付时间更短
- 每个池中可以设计 100 至 > 100 万个探针

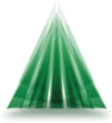
组合设计直观

- 专有的设计算法能够平衡捕获，即使是难以捕获的区域
- 直观的设计工具，简化组合定制



两个定制组合实例显示了在 150x 测序时的高中靶率和靶标覆盖度。设计 1 (803 kb) 和设计 2 (757 kb) 设计用于捕获肿瘤学特定区域。数据采用 Illumina MiSeq 仪器使用 2 x 101 bp 的测序片段生成。

这些产品遵守 Twist 供应条款和条件中规定的使用限制
www.twistbioscience.com/supply-terms-and-conditions



Twist 人外显子组试剂盒 2.0

NGS 靶向富集方案

Twist Exome 2.0 旨在检测罕见和遗传性疾病, 以及胚系癌症。该组合具有高度均一性, 且脱靶率低, 具有出色的测序效率, 从而能够以更少的测序来收集高质量数据。Twist Exome 2.0 具有优异的覆盖度, 可覆盖主要的遗传数据库 (RefSeq、CCDS、GenCode、Clinvar、ACMG73 等), 并添加临床相关的非编码致病和可能致病的变异株, 具有多个临床组合的价值, 这些组合都整合在一个易于定制的软件包中。

外显子组定义

- CCDS (共识编码序列) 覆盖度达36.5Mb
- 99.3%靶向区域测序深度为20x, 测序量为5.3Gb

主要优点

重要的覆盖度

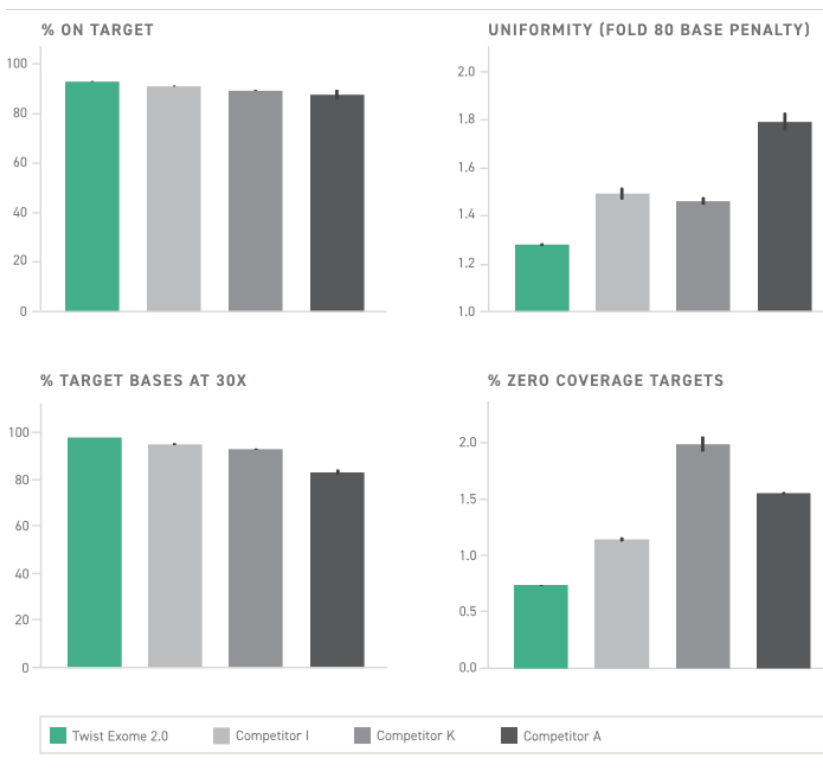
- 覆盖 36.5 Mb 人类蛋白质编码区
- 基于最新发布的数据库
- 涵盖精心设计的临床相关内容

出色的性能

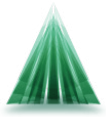
- 目标区域均一富集
- 所有探针均经过 NGS 质量控制

兼具灵活性

- 可在外显子组中轻松加入额外的内容
- 有效应用于多重靶向富集的工作流程
- 过夜运行或单日工作流程



Twist Exome 2.0 超越主要竞争产品, 实现高效的外显子组测序, 具有出众的性能, 名副其实。与其他外显子组组合相比, Twist Exome 2.0 具有更高的均一性和中靶率, 以及更少的碱基丢失和重复片段比例, 从而能够实现更少的测序片段浪费和极广的靶标序列覆盖度。



Twist 人甲基化组检测组合

Twist 人甲基化组检测组合通过 123 Mb 的基因组含量靶向 3.98M CpG 位点，以靶向生物学相关的甲基化标记。这一组合拥有广泛的内容，成为研究者从癌症转移、人体发育和功能基因组学等各种各样的应用中探索甲基化部分的不二之选。

该组合经过优化和验证，可与 Twist 新一代测序 (NGS) 甲基化检测系统配合使用，实现完整的端到端工作流程，性能行业领先。高效率捕获提高了表观基因组足迹的检测灵敏度，同时降低了测序成本。因此，该组合是筛选队列样本和发现甲基化区域差异的理想选择。

主要优点

设计和工作流程效率

- 通过端到端工作流程优化性能
- 增加文库复杂性
- 加入加标内容物的灵活性

与普通微阵列相比，覆盖度更广泛

- 所有 CpG 位点的覆盖度增加约 4 倍
- CpG 岛碱基覆盖度更高
- 基于更新的参考数据库

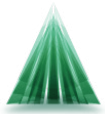
与微阵列相比的优势

- 甲基化区域差异的识别更精确
- 邻近 CpG 位点的上下游覆盖度更高

性能



Twist 人甲基化组检测组合经过设计和湿实验室优化，可提供准确、灵敏且高性能的杂交捕获效率。该组合在 30 倍覆盖度下实现了 90% 碱基的覆盖度深度，中靶率为 95%，探针特异性高。另外，还实现了 1.54 的 80 倍富集，通过缩小碱基检出堆积的峰值和谷值之间的增量，保证整个靶向区域的高度均匀性。文库复杂性在 150 倍原始覆盖度的高测序深度下，以 < 4% 的重复率成反比表示。整体组合捕获效率指标显示，整个甲基化部分检测的水平置信度高，测序成本最低。



Twist 长读长测序panel

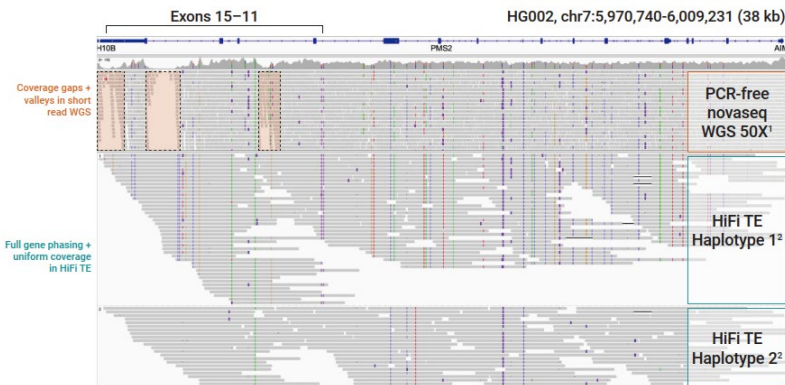
将靶标富集技术与PacBio测序相结合,可以实现目标区域高度精确的变异检测,包括结构变异(SVs)和复杂变异,以及直接单倍体分型。Twist Bioscience优秀的靶标富集技术可提供高的捕获效率和跨目标区域覆盖的均一性。目前可提供两种商品化的panel,包含Twist Alliance Dark Genes panel和Twist Alliance Long-Read Pharmacogenomics panel,客户还可以根据自己感兴趣的基因来扩展panel或者设计定制panel。

主要优点

特点

- 高均一性和高测序效率的优化探针
- 高精度的变异检测,包含SNPs, SVs, and Indels
- 无需检测家系,即可识别单倍型
- 高通量,低成本,兼容PacBio Sequel® IIe 和 Revio™ 系统

Panel介绍



Twist Alliance Dark Genes panel

能够测到二代测序难以测到或测不完全的基因
覆盖基因数:389 genes (20 Mb)
主要基因包含:CYP2D6,GBA, SMN1/2, PMS2等

全基因分型检测, PMS2无覆盖缺口



Twist Alliance Long-Read PGx Panel

对药物代谢和预后相关的重要基因
覆盖基因数:49 genes (2 Mb)
主要基因包含:CYP2D6, HLA-A, HLA-B等

通过靶标捕获CYP2D6与50×短读长全基因组测序的比较。

克隆基因

Twist Bioscience 正在改变合成生物学和分子生物学的核心过程 — 基因合成。我们的硅基 DNA 编写平台显著提高了基因合成通量和可扩展性,同时减少了每个碱基的交付时间和价格。Twist 的克隆基因产品能以您所需的方式灵活地为您提供DNA。您可以选择合适的 DNA 总量和需要的形式来推动您的研究。每个克隆基因都经过了 NGS 验证,确保您每次都能获得完美的克隆基因。

为您的基因设计突破规模的限制,加速您的研究进展。

克隆基因

- 使用 Twist 载体或您选择的载体进行克隆,大小为 0.3 – 5.0 kb
- 基因序列经 NGS 验证,100% 准确
- DNA 质量选项:
- 50 ng – 2 µg
- 2 – 10 µg
- 10 – 100 µg
- 100 µg – 1 mg

主要优点

定制化序列

- 质量范围
- 均一化浓度
- 溶解缓冲液
- 质粒载体
- 插入位点
- 转染级或无内毒素
- 运输形式 (是否添加甘油贮备液)
- 添加甘油贮备液

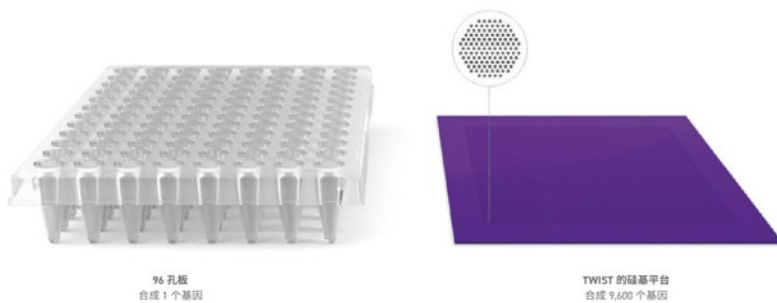
与普通微阵列相比,覆盖度更广泛

- 每个碱基 9 美分起
- 最短的交付时间为 11 个工作日

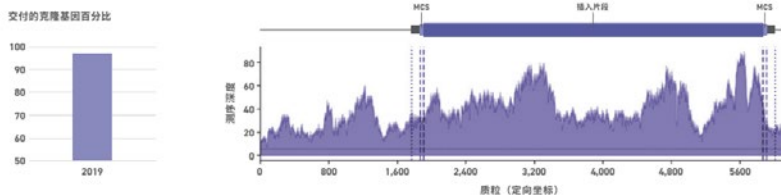
可扩展的合成

- 没有最低订购数量限制
- 交付时间与订单大小无关

可以合成 1 个、10000 个、甚至更多基因的最佳序列



我们的高通量硅基平台能使 DNA 合成所需的化学反应条件微型化。这种微型化使我们能够将反应体积减小 100 万倍,同时将通量提高 1000 倍,从而在单个硅片上能完成 9600 个基因的合成。传统的合成方法使用 96 孔板时在相同的物理空间中只能生产一个基因。



左图代表 Twist Bioscience 观察到的克隆基因成功率。成功率定义为在交付的克隆基因中,没有任何 SNP 或插入缺失的克隆基因的百分比。右图是我们对每个克隆基因进行的标准 NGS 验证的图示。本图中的克隆基因是一个无错误克隆的示例。图中显示了整个质粒的测序深度,未检测到 SNP 或插入缺失。

基因片段

合成基因片段是一种经济、快速、高效的方法,可以为您的研究构建所需的基因。Twist 的硅基高精密度 DNA 合成平台不但可以生产出更高质量的基因,而且显著提高了生产能力和可扩展性。

Twist 基因片段通过减少菌落筛选来改善您的克隆过程。大幅降低克隆和测序的成本,从而节省时间和金钱。思考更全面,设计规模更大,加速您的研究进展。

基因片段

- 双链 DNA
- 长度:0.3 - 1.8 kb
- 规模:100 ng - 1 µg
- 基因片段定价:
- 带接头, 7 美分/bp
- 无接头, 8 美分/bp

主要优点

减少筛选, 拓展发现

- 行业领先的低错误率
- 更低的克隆成本

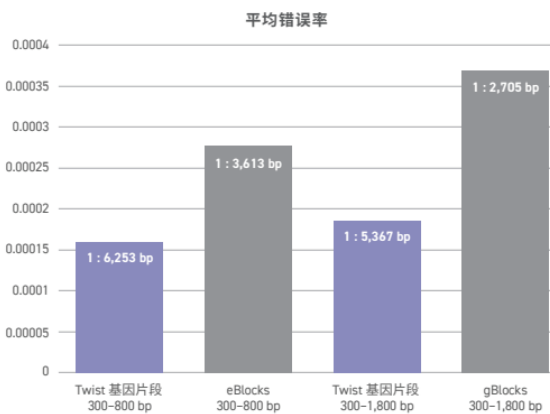
预算合理

- 订单无上限
- 每个碱基对固定价格, 无论长度

您的 DNA, 由您做主

- 便于组装成更大的基因或通路
- 兼容所有下游克隆方法
- 可带或者不带接头

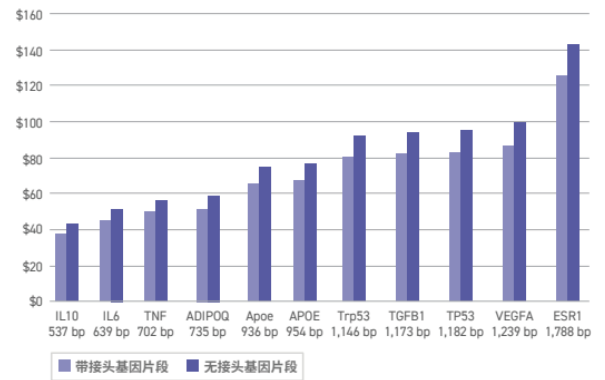
行业领先的低错误率



长度范围为 300 bp 到 1,800 bp 的基因序列从 Twist 和 IDT 订购, 每个基因序列之间的长度递增 100 个碱基。图表代表指定产品所有序列的平均错误率。

注:eBlocks 的长度有限, 数据集范围为 300-800 bp。错误率是通过 SNP 总数除以测序的碱基对总数进行修正后得出的, 用于测序参数。

以经济实惠的性能满足您的需求



点饱和文库

使用单点突变文库的蛋白工程筛选使研究人员可以探索蛋白质序列空间，研究序列与蛋白质结构和功能之间的关系。现有的许多构建突变文库的方法通常存在明显的缺陷和限制，如密码子缺乏控制、具有序列偏好性、目标突变序列不完整等。

Twist Bioscience 点饱和突变文库利用大规模平行寡核苷酸合成技术，利用硅基 DNA 合成平台和广泛的分子生物学专业知识，系统而精确地构建突变文库。Twist 构建的文库经过 NGS 验证，确保所有目标突变呈现正确的突变率。

- 全面控制密码子使用（全部 64 个密码子均可用）
- 在每个位点筛选一种或全部 20 种氨基酸组合
- 研究序列突变和/或者插入缺失

主要优点

精确构建突变文库

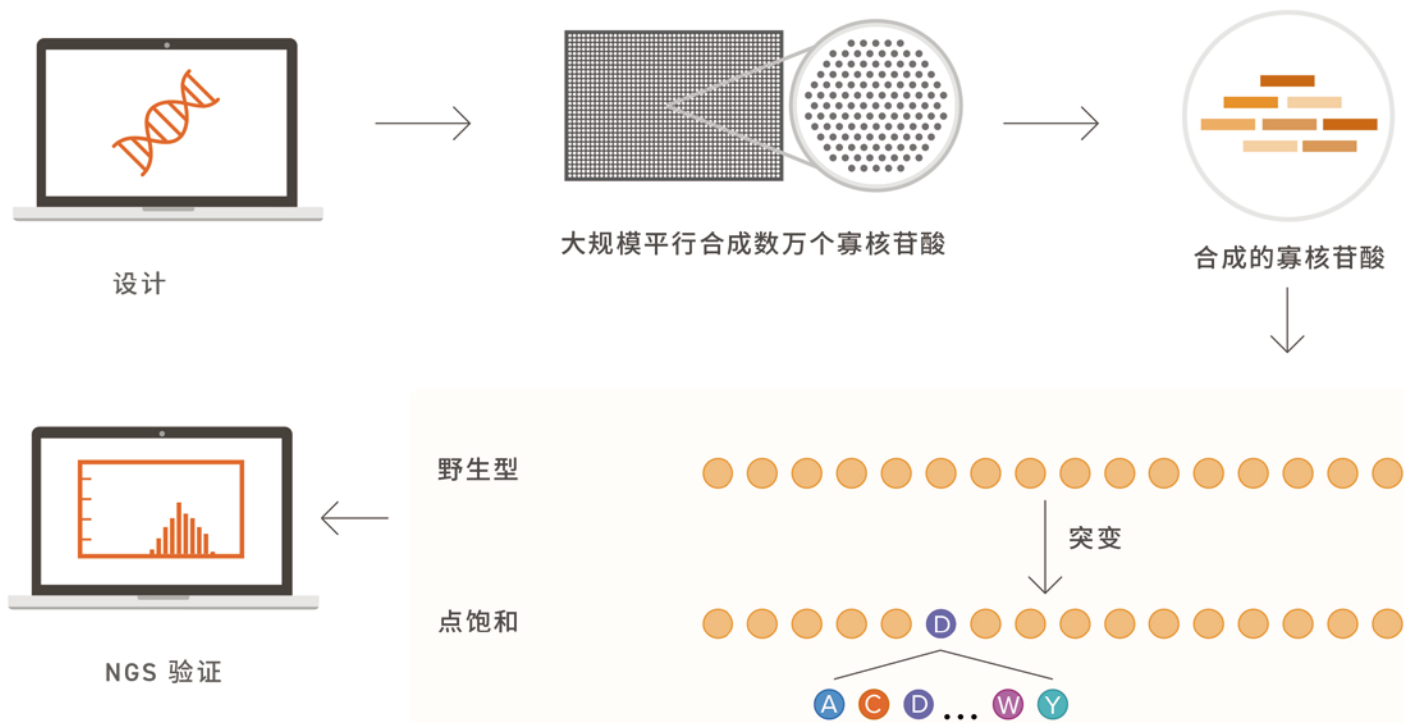
- 各位点突变占比具有高度均一性
- 无多余密码子或提前出现的终止密码子

质量验证

- 严格的质量控制
- 对改造区域进行 NGS 分析验证，突变占比的均一性
- 质量均一化后呈现每个位点

灵活性

- 可提供混合文库或某一位点的混池



Twist Bioscience 点饱和突变文库合成流程。大规模平行寡核苷酸合成，先进的分子生物学经验，以及高通量的自动化方法，能够精确构建文库，并使所有预期突变都以期望的比率出现。

组合文库

Twist Bioscience 特别利用大规模平行硅基 DNA 合成平台合成大量高质量的寡核苷酸，结合我们成熟的分子生物学专业知识，可以精确构建出高度多样化、高度特异性、用户自定义组成的基因突变文库。

- 阅读框选择：单个或多个胚系，或用户自定义
- 结构域多样性达 10^{10}
- 控制结构域内密码子的分布比例
- 使用高质量寡核苷酸预备的多样性部分进行模块化组装
- CDR3 的长度变异

主要优点

多样性高、精确度高

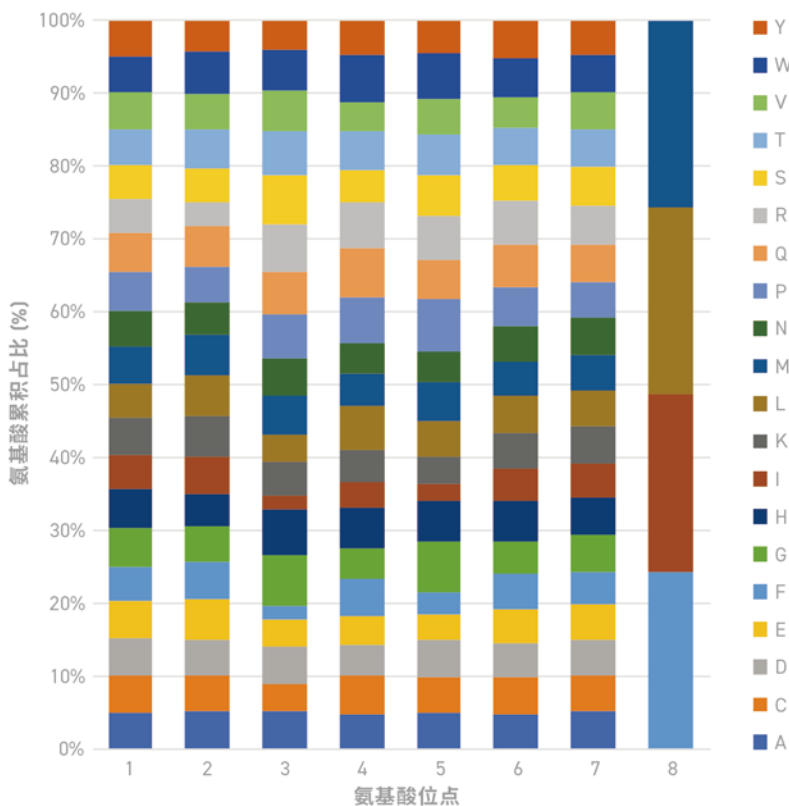
- 单个或多个 scaffold 中存在多个突变区域 ($> 10^{10}$ 个突变)
- 精确控制密码子使用（全部 64 个密码子）、氨基酸分布和长度变异

质量验证

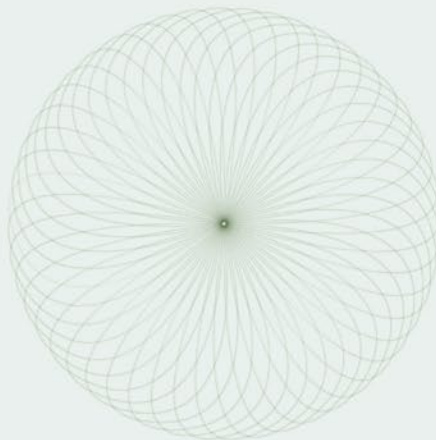
- 严格的质量控制，包括使用 NGS 验证改造区域
- 记录序列突变率

灵活性

- 设计所有序列、单个或多个区域以及组合突变 — 单突变体、双重突变体或三重突变体
- 模块化合成系统允许对未来文库进行迭代



生成多样性丰富的组合突变文库。在 8 个连续氨基酸位点生成突变，前七个位点含有全部 20 种氨基酸残留（满足预期，每种占 5%），第八个位点含有 4 种氨基酸残基（每种占 25%），多样性总计达 5×10^9 。所有位点都出现了所有的预期突变，并且几乎所有突变都达到了预期比率。

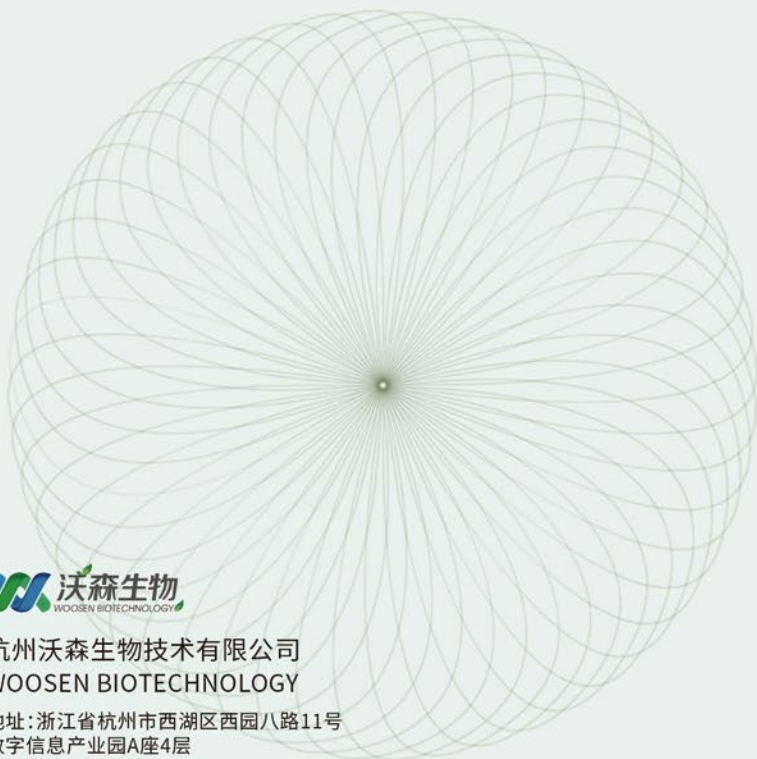


TWIST 能为您提供哪些服务?

sales@twistbioscience.com

twistbioscience.com

#WeMakeDNA



杭州沃森生物技术有限公司
WOOSSEN BIOTECHNOLOGY

地址:浙江省杭州市西湖区西园八路11号
数字信息产业园A座4层
电话:0571-86495259
网址:www.ws-bio.com

