

版本号: NG230710

TIANSeq Dual-Index Adapter (Illumina)

TIANSeq 双索引接头 (Illumina)

目录号: NG216

产品内容

| 产品组成 | NG216-A (96 rxn)* | NG216-B (96 rxn)* | NG216-C (96 rxn)* | NG216-D (96 rxn)* |
|--|------------------------|------------------------|------------------------|------------------------|
| TIANSeq Dual-Index Adapter 1-24 (15 μ M) | 20 μ l \times 24 | - | - | - |
| TIANSeq Dual-Index Adapter 25-48 (15 μ M) | - | 20 μ l \times 24 | - | - |
| TIANSeq Dual-Index Adapter 49-72 (15 μ M) | - | - | 20 μ l \times 24 | - |
| TIANSeq Dual-Index Adapter 73-96 (15 μ M) | - | - | - | 20 μ l \times 24 |
| Adapter Dilution Buffer | 1.5 ml \times 2 | 1.5 ml \times 2 | 1.5 ml \times 2 | 1.5 ml \times 2 |

*在不稀释Adapter的情况下，每个包装的反应次数为96次。

储存及使用条件

收到试剂盒后，请于-30 $^{\circ}$ C~-15 $^{\circ}$ C下保存。保质期：2年。

使用时，TIANSeq Dual-Index Adapter不宜置于25 $^{\circ}$ C及以上的环境中，解冻后建议放在冰上备用，同时避免反复冻融。用完后应置于-30 $^{\circ}$ C~-15 $^{\circ}$ C下保存。

Adapter Dilution Buffer可在2 $^{\circ}$ C~8 $^{\circ}$ C下保存一个月，长期保存应置于-30 $^{\circ}$ C~-15 $^{\circ}$ C条件下。

Adapter Dilution Buffer成分：

10 mM Tris-HCl, 10 mM NaCl, 1 mM EDTA, pH 8.0~8.5 @ 25 $^{\circ}$ C。

产品简介

TIANSeq Dual-Index Adapter是专门针对illumina高通量测序平台所开发的DNA接头。可用于illumina高通量测序平台下DNA和RNA文库的构建。本产品共分为四个包装，每种包装提供24种接头，共计96种。每种接头含有两个8碱基index序列（barcode），以便于在多样品混合测序时进行不同样品的区分。

本试剂盒提供的接头浓度为15 μM ，操作时的用法随着建库所用试剂盒、初始DNA投入量和DNA片段大小的不同而不同，具体信息请参考使用方法。另外，96种接头的Index序列详见接头序列信息部分。

适用范围

1. 整体来说，本产品在二代测序（NGS）应用中，用于illumina高通量测序平台下DNA和RNA文库的构建；
2. 本产品的具体应用包括：外显子测序，靶向测序，RNA-Seq，ChIP-Seq，以及定向测序和全基因组测序；
3. 本产品提供的接头没有经过甲基化处理，因此不适用甲基化测序。

注意事项 请务必在使用本试剂盒之前阅读此注意事项。

1. 使用过程中，建议将TIANSeq Dual-Index Adapter置于冰上或冰盒中，而不要置于25 $^{\circ}\text{C}$ 以上的环境中，以免破坏接头的高级结构；
2. 如需对接头进行稀释，请使用试剂盒自带的Adapter Dilution Buffer，而不要使用超纯水或者其他Buffer；
3. 稀释后的接头最好在当天用完，不建议将稀释后的接头长期保存或反复冻融；
4. 实验耗材应保证无核酸酶和核酸污染，并尽量选择低核酸吸附性的耗材进行实验。另外，在实验过程中要注意避免接头之间的交叉污染。

可兼容的TIANGEN 文库构建产品

1. TIANSeq直接快速DNA文库构建试剂盒(illumina平台)，目录号：NG101；
 2. TIANSeq快速DNA文库构建试剂盒(illumina平台)，目录号：NG102。
-

使用方法

1. 如果保持 TIANSeq Dual-Index Adapter在连接体系中的加入量为 5 μ l的前提下，使用人员可根据初始DNA处理量和DNA片段大小的不同，参照下表推荐的接头工作液浓度进行配制：

| DNA处理量 | 不同片段大小下的工作液浓度 | | | Adaper : Insert (摩尔比) |
|-----------------|---------------|------------|--------------|--------------------------|
| | 200 bp | 300 bp | 400 bp | |
| 1 μ g-50 ng | 15 μ M | 10 μ M | 7.5 μ M | 10 : 1-200 : 1 |
| 25 ng | 7.5 μ M | 5 μ M | 3.75 μ M | 200 : 1 |
| 10 ng | 3 μ M | 2 μ M | 1.5 μ M | 200 : 1 |
| 5 ng | 1.5 μ M | 1 μ M | 750 nM | 200 : 1 |
| 2.5 ng | 750 nM | 500 nM | 375 nM | 200 : 1 |
| 1 ng | 300 nM | 200 nM | 150 nM | 200 : 1 |
| 0.25 ng | 75 nM | 50 nM | 37.5 nM | 200 : 1 |

2. 文库构建时，若DNA处理量大于1 μ g，则按接头与插入片段摩尔比10:1的标准进行接头稀释；若DNA处理量小于0.25 ng，则按接头与插入片段摩尔比200:1的标准进行接头稀释；而处理DNA的摩尔数按以下公式进行计算：

$$\text{处理DNA摩尔数 (pmol)} = \frac{\text{DNA质量 (ng)}}{660} \times \frac{1000}{\text{DNA片段大小 (bp)}}$$

3. 当处理DNA片段大小在表中也没有体现的情况下，处理DNA的摩尔数也按上述公式进行计算，对于RNA建库，接头使用量可以RNA建库产品说明为准。

接头序列信息

本产品接头序列包括如下信息：

1. D5XX Sequence

5' -AATGATACGGCGACCACCGAGATCTACAC[**D5XX**]ACACTCTTTCCCTACACGAC
GCTCTTCCGATCT-3'

2. D7XX Sequence

5' -GATCGGAAGAGCACACGTCTGAACTCCAGTCAC[**D7XX**]ATCTCGTAT
GCCGTCTTCTGCTTG-3'



TIANGEN 官方微信, 专业服务助力科研:

- 可视化操作指南
- 技术公开课合辑
- 全线产品查询
- 在线专家客服
- 微信直播课堂
- 最新优惠活动

3. index组合明细

| NG216-A | | NG216-B | | NG216-C | | NG216-D | |
|---------|-----------|---------|-----------|---------|-----------|---------|-----------|
| Adapter | Index组合 | Adapter | Index组合 | Adapter | Index组合 | Adapter | Index组合 |
| 1 | D501/D701 | 25 | D501/D704 | 49 | D501/D707 | 73 | D501/D710 |
| 2 | D502/D701 | 26 | D502/D704 | 50 | D502/D707 | 74 | D502/D710 |
| 3 | D503/D701 | 27 | D503/D704 | 51 | D503/D707 | 75 | D503/D710 |
| 4 | D504/D701 | 28 | D504/D704 | 52 | D504/D707 | 76 | D504/D710 |
| 5 | D505/D701 | 29 | D505/D704 | 53 | D505/D707 | 77 | D505/D710 |
| 6 | D506/D701 | 30 | D506/D704 | 54 | D506/D707 | 78 | D506/D710 |
| 7 | D507/D701 | 31 | D507/D704 | 55 | D507/D707 | 79 | D507/D710 |
| 8 | D508/D701 | 32 | D508/D704 | 56 | D508/D707 | 80 | D508/D710 |
| 9 | D501/D702 | 33 | D501/D705 | 57 | D501/D708 | 81 | D501/D711 |
| 10 | D502/D702 | 34 | D502/D705 | 58 | D502/D708 | 82 | D502/D711 |
| 11 | D503/D702 | 35 | D503/D705 | 59 | D503/D708 | 83 | D503/D711 |
| 12 | D504/D702 | 36 | D504/D705 | 60 | D504/D708 | 84 | D504/D711 |
| 13 | D505/D702 | 37 | D505/D705 | 61 | D505/D708 | 85 | D505/D711 |
| 14 | D506/D702 | 38 | D506/D705 | 62 | D506/D708 | 86 | D506/D711 |
| 15 | D507/D702 | 39 | D507/D705 | 63 | D507/D708 | 87 | D507/D711 |
| 16 | D508/D702 | 40 | D508/D705 | 64 | D508/D708 | 88 | D508/D711 |
| 17 | D501/D703 | 41 | D501/D706 | 65 | D501/D709 | 89 | D501/D712 |
| 18 | D502/D703 | 42 | D502/D706 | 66 | D502/D709 | 90 | D502/D712 |
| 19 | D503/D703 | 43 | D503/D706 | 67 | D503/D709 | 91 | D503/D712 |
| 20 | D504/D703 | 44 | D504/D706 | 68 | D504/D709 | 92 | D504/D712 |
| 21 | D505/D703 | 45 | D505/D706 | 69 | D505/D709 | 93 | D505/D712 |
| 22 | D506/D703 | 46 | D506/D706 | 70 | D506/D709 | 94 | D506/D712 |
| 23 | D507/D703 | 47 | D507/D706 | 71 | D507/D709 | 95 | D507/D712 |
| 24 | D508/D703 | 48 | D508/D706 | 72 | D508/D709 | 96 | D508/D712 |

4. Index编号和序列

| D5XX (P5端) | | D7XX (P7端) | |
|------------|-----------|------------|----------|
| Index | Sequence | Index | Sequence |
| D501 | TATAGCCT | D701 | ATTACTCG |
| D502 | ATAGAGGC | D702 | TCCGAGAA |
| D503 | CCTATCCT | D703 | CGCTCATT |
| D504 | GGCTCTGA | D704 | GAGATTCC |
| D505 | AGGCGAAG | D705 | ATTCAGAA |
| D506 | TAATCTTA | D706 | GAATTCGT |
| D507 | CAGGACGT | D707 | CTGAAGCT |
| D508 | GTA CTGAC | D708 | TAATGCGC |
| | | D709 | CGGCTATG |
| | | D710 | TCCGCGAA |
| | | D711 | TCTCGCGC |
| | | D712 | AGCGATAG |

说明, 在根据index序列进行样品拆分时, P7端的index序列即为上表中的序列; 对于P5端的Index序列, 如果测序平台为HiSeq2000/2500, MiSeq和 NovaSeq1.0时, 则使用上表中序列; 如果测序平台为iSeq, MiniSeq, NextSeq, HiSeq3000/4000, HiSeqX和NovaSeq1.5时, 则需使用上表中序列的反向互补序列。