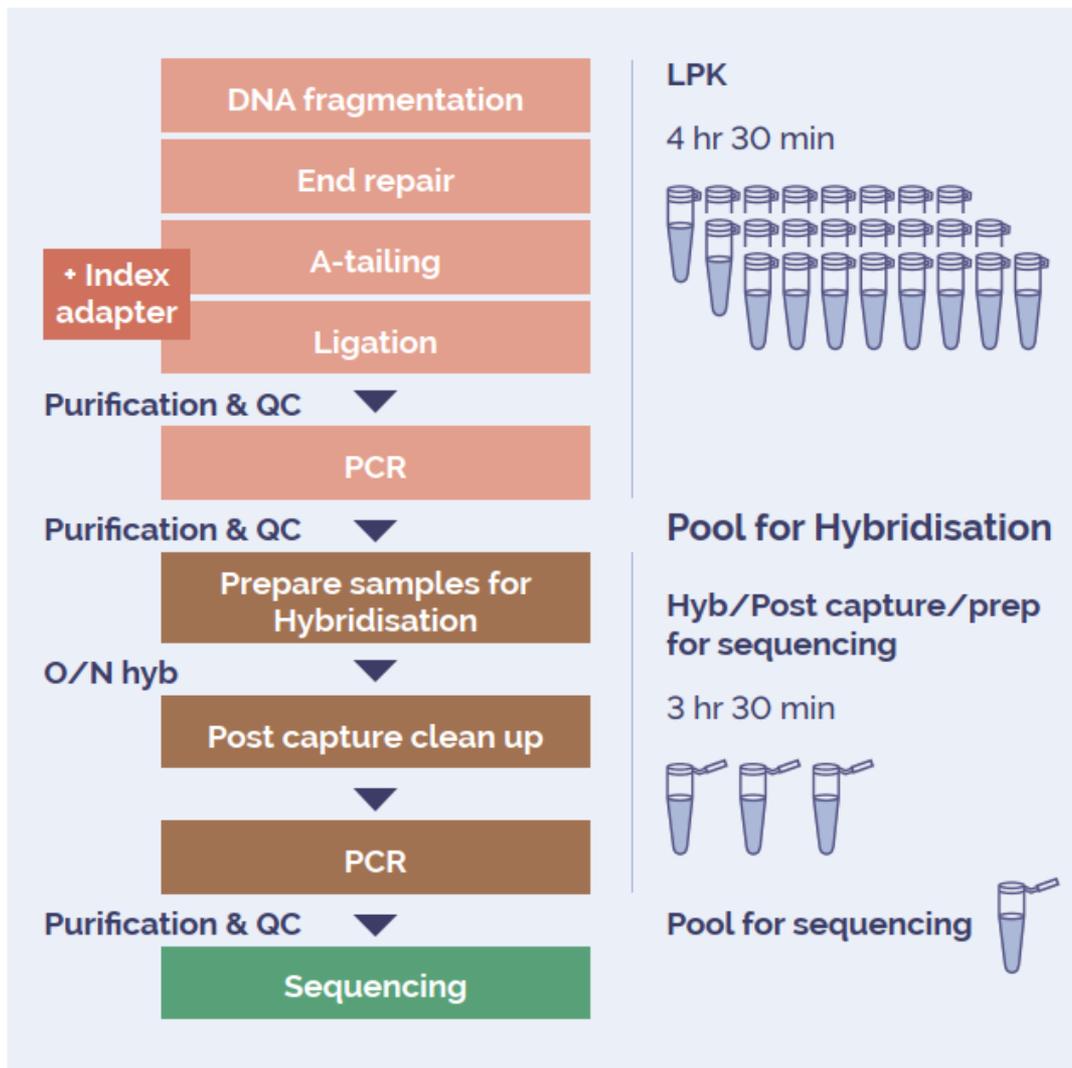


Universal NGS Complete Workflow Solution : ワークフロー

図1 ライブラリ作製フロー



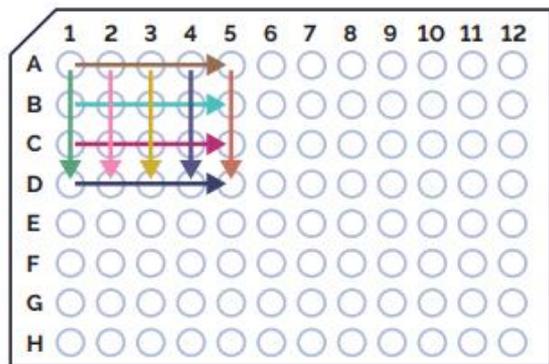
Universal NGS Complete Workflow Solution : Unique Dual Index

図2 Combinatorial dual indexing (A)とUnique Dual Indexing (B)の違い

(A) Combinatorial Indexing

i7 Indexes n = 12

i5 Indexes
n = 8



Indexes repeat across rows and down columns

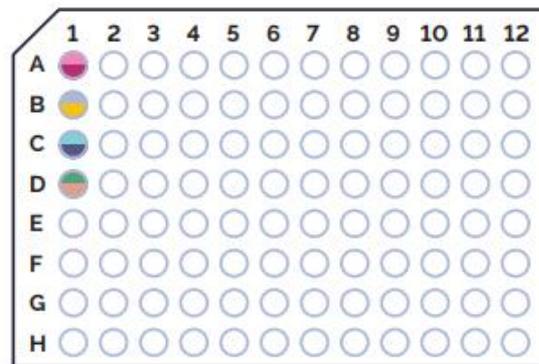


インデックスホッピングによるサンプルインデックスのミスアサインメントが起こる可能性有

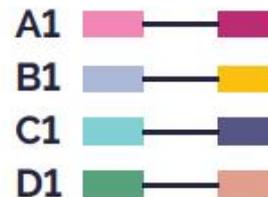
Unique Dual Indexing (B) Non-Redundant Indexing

i7 Indexes n = 96

i5 Indexes
n = 96



No repeated indexes

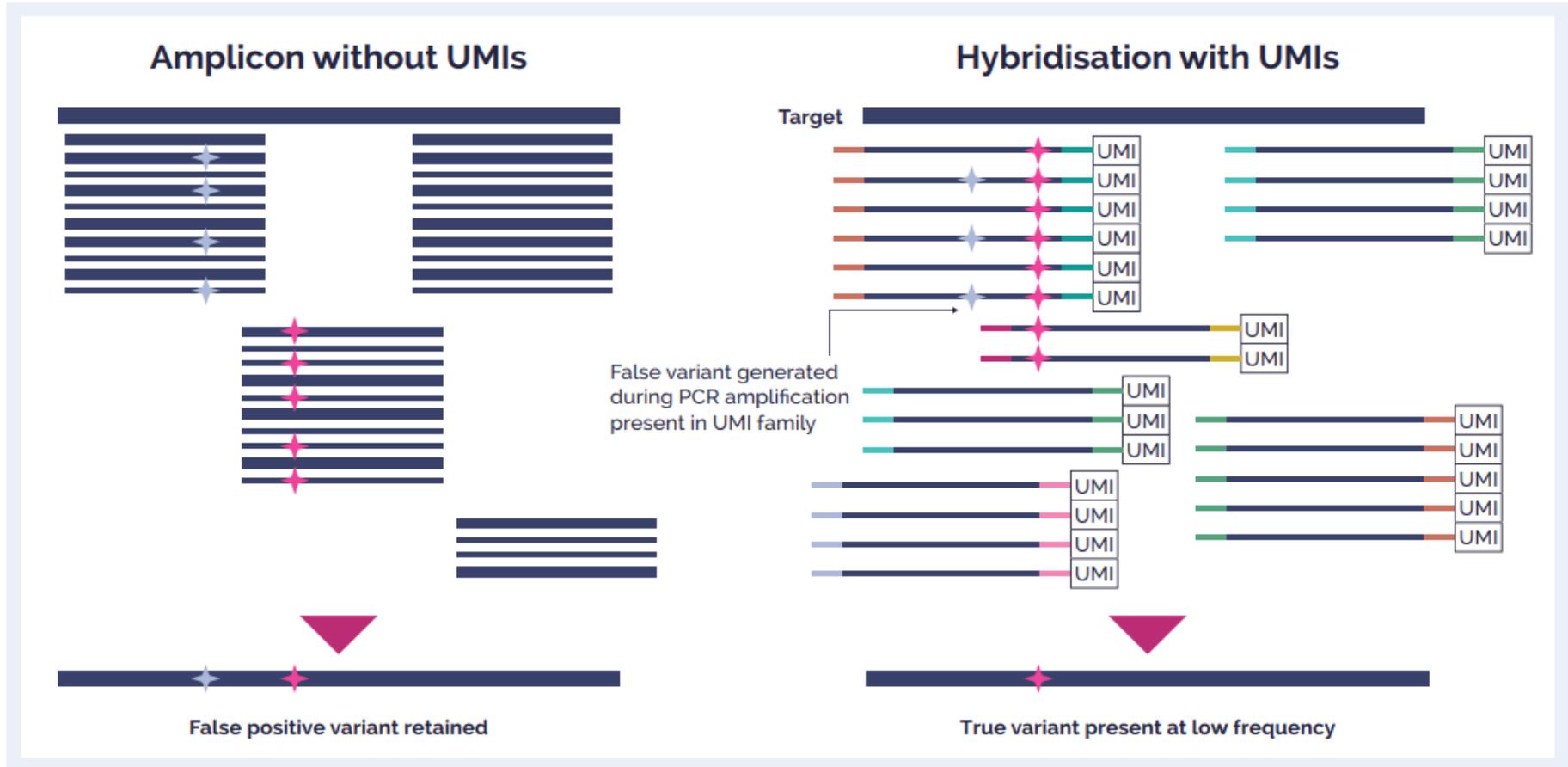


インデックスホッピングによるサンプルインデックスのミスアサインメントを回避

Combinatorial dual indexing (A)では、プレート上で、非ユニークなindexのユニークな組み合わせを使用します。対照的に、Unique Dual Indexing (B)では、プレート全体で完全にユニークなindexを使用し、同じシーケンスが繰り返し使用されることを回避します (例えば、96ウェルプレートあたり96個のユニークな i5 indexと96個のユニークな i7 indexが使用されます)。

Universal NGS Complete Workflow Solution : Unique Molecular Identifier

図3 Unique Molecular Identifier (UMI)を使用した低頻度バリエントの検出



Universal NGS Complete Workflowでは、PCR増幅の前に、元の各DNAフラグメントにUMIのタグが付けられます。同じUMIタグを持つリードは同じ元のDNAフラグメントに由来するため、派生するPCRアンプリコンは同一であり、相違がある場合は偽陽性バリエントであると考えられるため、コンセンサス生成の際に削除されます（右図）。UMIを使用しない場合、低頻度変異は、増幅ステップ中に生成されるDNAポリメラーゼエラーや、配列決定ステップ中に生成される配列決定エラーと混同される可能性があります（左図）。Universal NGS Complete Workflowでは、リードの開始と停止座標とUMIからの情報を組み合わせて、偽陽性バリエントを特定して削除します。

Universal NGS Complete Workflow Solution : 製品情報

Product	Contents	Cat. No.
Universal NGS Workflow Solution (24)	Bundle of 1 x Universal NGS Library Preparation Kit sufficient for 3 x 8-sample pools (24) containing PCR primers and enzymes. 1 x Index Adapter plate (24). 1 x Universal Hybridisation & Wash Kit (24).	770500-24
Universal NGS Workflow Solution (96)	Bundle of 1 x Universal NGS Library Preparation Kit sufficient for 12 x 8-sample pools (96) containing PCR primers and enzymes. 1 x Index Adapter plate (96). 1 x Universal NGS Hybridisation & Wash Kit (96).	770500-96