



YOUSEQ

TEN 16S NGS UŽIVATELSKÁ PŘÍRUČKA K PŘÍPRAVĚ KNIHOVNY

Se sadou pro kvantifikaci knihovny

CAT NO. YS-NGS-ONE16SLQ-IL-96

96 vzorků (pro sekvenátory Illumina)

VERZE 5.0

Pouze pro výzkumné účely



YOUSEQ

YouSeq Ltd
8 Moorside Place
Moorside Road
Winchester SO23
7FX
Spojené království

+44 333 577 6697
hello@youseq.com

youseq.com

OBSAH

URČENÉ POUŽITÍ.....	3
POPIS PRODUKTU	3
PŘEHLED PRACOVNÍCH POSTUPŮ.....	3
OBSAH SADY	4
SOUVISEJÍCÍ DOKUMENTY	4
PŘÍPRAVA KOMPONENT	5
POŽADOVANÉ, ALE NEPOSKYTOVANÉ MATERIÁLY	5
POŽADAVKY NA VSTUPNÍ VZOREK	5
NORMALIZACE VZORKŮ A SDRUŽOVÁNÍ KNIHOVEN	6
PROTOKOL O PURIFIKACI KULIČEK.....	7
KVANTIFIKACE SDRUŽENÉ KNIHOVNY	8
NASTAVENÍ reakce qPCR	8
ŘEDĚNÍ KNIHOVNY	8
POZITIVNÍ KONTROLA	9
NASTAVENÍ STANDARDNÍ KŘIVKY	9
PROTOKOL AMPLIFIKACE qPCR	10
INTERPRETACE DAT	10
KVANTIFIKACE KNIHOVEN.....	11
PŘÍPRAVA KNIHOVEN PRO SEKVENOVÁNÍ	11
ANALÝZA SEKVENAČNÍCH DAT	11
DOPLŇUJÍCÍ INFORMACE.....	12

ZAMÝŠLENÉ POUŽITÍ

Sada pro přípravu knihovny ONE 16S NGS umožňuje uživateli vytvořit indexovanou knihovnu oblastí V3 a V4 bakteriálního genu 16S pomocí jediné PCR. Po přečištění a kvantifikaci pomocí přiložené sady YouSeq Library Quantification Kit jsou vytvořené amplikony připraveny k sekvenování na přístrojích Illumina. Po sekvenování lze k automatické analýze sekvence použít online bioinformatický nástroj YouSeq.

POPIS PRODUKTU

Společnost YouSeq věří, že obrovský potenciál NGS by měl být dostupný každému výzkumníkovi bez ohledu na jeho specializaci a zkušenosti.

Sada ONE 16S NGS Library Preparation Kit poskytuje jednoduchý a komplexní pracovní postup NGS, který je navržen tak, abyste se dostali od vzorku k analytické zprávě s minimem času.

Tento protokol kombinuje krok amplifikace fragmentů 16S V3-V4 s krokem indexování v reakci v jedné zkumavce, což snižuje čas, úsilí a možnost chyby uživatele ve srovnání s "tradičnějším" protokolem přípravy knihovny. Doprovodná aplikace YouSeq umožňuje snadno určit složení bakteriální komunity vašich vzorků, aniž by bylo nutné odborné bioinformatické školení.

Aplikaci najdete na [adrese](https://youseq.basepairtech.com) <https://youseq.basepairtech.com>. Kontaktujte nás na [adrese support@youseq.com](mailto:adrese_support@youseq.com) a získáte kód kupónu, který vám umožní začít nahrávat sekvenční data k analýze.



Součástí této sady je také samostatná sada pro kvantifikaci knihovny qPCR, kterou lze podle vašeho výběru použít k přesné kvantifikaci vaší konečné knihovny před sekvenováním,

PŘEHLED PRACOVNÍCH POSTUPŮ




Krok	Akce	Čas na ruce	Čas bez rukou
Příprava knihovny 16S	Vytvořte indexovanou knihovnu v jediné reakci PCR, která je připravena ke sdružování.	30 minut ¹	,5 hodiny
Kvantifikace vzorků a sdružování knihoven	Použití koncového bodu fluorescence měření z qPCR přístroje, vypočítejte objem každého vzorku, který přidáte do konečného souboru knihoven.	5 minut	-
Purifikace kuliček magnetických	Purifikujte sdružené knihovny pomocí korálků	30 minut	-
Kvantifikace	Kvantifikace sdružené, přečištěné	knihovny 15 minut ¹	,5 hodiny
Příprava knihovny pro sekvenování Illumina	Příprava knihovny pro načtení do zařízení sekvenačního přístroje	15 minut	-

OBSAH SADY

Pouzdro 1: Reagencie ONE 16S

	Barva víčka	Svazek
16S Oligo Mix Primery, indexy 1-96 (PCR destička)		96 x 15 μ l
ONE MasterMix		1 x 1 ml

Pouzdro 2: Reagencie na čištění kuliček

	Barva víčka	Svazek
Magnetické korálky		0,5 ml
Promývací pufr		0,4 ml *
Eluční pufr		10 ml

*Dodává se koncentrovaný a před použitím je nutné jej zředit. Pokyny naleznete v kroku Příprava složky níže.

Pouzdro 3: Reagencie pro kvantovou knihovnu

	Barva víčka	Svazek
Kvantifikační sada primerů pro knihovny NGS		110 μ l
YouSeq qPCR SYBR green MasterMix Standardy 1-4		1 ml
Ředící pufr YouSeq***		4 x 100 μ l**
		40 ml
Voda bez DNázy/RNázy		1,5 ml

** Dodává se lyofilizovaný a před použitím vyžaduje resuspenzi. Pokyny naleznete v kroku Příprava složky níže

*** Po rozmrazení lze skladovat při teplotě 2-8 °C pro další použití.

SOUVISEJÍCÍ DOKUMENTY

Tyto užitečné dokumenty naleznete na stránce souvisejícího produktu sady na adrese www.youseq.com.

	Dokument
Indexové sekvence ONE16S	Tabulka aplikace Excel, která ukazuje, který Primer indexy jsou v jamkách destiček, které umožňují spojení se vzorky.
Šablona pro výpočty sdružování	Tabulka aplikace Excel pro výpočet objemu vzorku, který se přidá do konečného fondu knihovny.
Vzorový list - 96	Soubor CSV s indexovými sekvencemi pro nahrání do místního správce běhu.

PŘÍPRAVA KOMPONENTY

Připravte určené součásti soupravy podle níže uvedené tabulky. Před otevřením lahvičky roztočte nebo jemně poklepejte, aby byl veškerý obsah na dně.

Po přidání činidla zkumavku pulzně promíchejte, aby se dobře promíchala.

	Reagencie	Přidání objemu
Promývací pufr	100% etanol	1,6 ml
Standardní šablony 1-4	Ředící pufr YouSeq	100 µl

POŽADOVANÉ MATERIÁLY, ALE NE

- 100% etanol
- PhiX
- Magnetický stojan na 1,5 ml zkumavky
- qPCR přístroj - Tato sada YouSeq bude fungovat s jakýmkoli qPCR přístrojem s kanálem SYBR/FAM.
- Pipety, mikrocetrifugační zkumavky a obecné laboratorní vybavení

POŽADAVKY NA VSTUPNÍ VZOREK

Tato sada byla optimalizována pro použití se vzorky obsahujícími 5-25 ng bakteriální DNA na reakci. Doporučuje se počáteční kvantifikace bakteriální DNA ve vzorku. Všechny vzorky by měly být použity v podobné koncentraci, aby byla zajištěna stejná účinnost reakce PCR. Vzorky s vysokou koncentrací DNA (>5 ng/µl) by měly být zředěny na 1-5 ng/µl vodou bez RNázy/DNázy nebo elučním pufrům (dodává se).

PROTOKOL PŘÍPRAVY KNIHOVNY 16S

Upozornění:

Identifikace vzorku - Každá jamka dodané destičky s 16S Oligo Mix Primer má jedinečné ID indexu primeru. Doporučuje se přidělit všem vzorkům ID vzorku 1-96 a přiřadit ID vzorku k ID indexu, aby bylo možné identifikovat každý vzorek po demultiplexování. Na listu ONE16S Indexes je uveden každý index s přiřazenou pozicí jamky. K dávkování primerů by se měla používat vícekanálová pipeta, aby se zajistilo, že zůstanou ve správné konfiguraci.

Zamezení kontaminace - Abyste zabránili kontaminaci vzorku a primeru Oligo Mix mezi jamkami, zajistěte, abyste při dávkování použili čerstvou pipetovací špičku pro každou jamku.

1. Rozmrzte směs One MasterMix a 16S Oligo Mix Primers. Po úplném rozmrazení je uchovávejte na ledu a před použitím je důkladně promíchejte.
2. Příprava knihovny se provádí na nové qPCR destičce nebo v PCR zkumavkách a 16S Oligo mix primery je třeba přesunout z dodané destičky s primery na destičku pro přípravu knihovny podle níže uvedených pokynů.

Komponenta	Objem
ONE MasterMix	10 µl
16S oligo směs primerů	5 µl
Vzorek DNA (1-5ng/µl)	5 µl
Závěrečný svazek	20 µl

3. Destičku pečlivě uzavřete a krátce ji roztočte v destičkové odstředivce, aby se všechna činidla dostala na dno jamky.
4. Provedte PCR za následujících podmínek cyklování:

	Teplota	Čas	
	95°C	3 minuty	
*Fáze 1 10 cyklů	95°C	30 sekundy	
	56°C	45 sekundy	
	72°C	30 sekundy	
**Fáze 2 10 cyklů	95°C	30 sekundy	
	56°C	45 sekundy	
	72°C	30 sekundy	Získávání prostřednictvím kanálu SYBR/FAM
	72°C	5 minut	
	4°C	HOLD	

*Fáze 1: Během cyklů ve fázi 1 není vyžadováno získávání fluorescence.

**Fáze 2: S doporučeným množstvím DNA vzorku umožní 10 cyklů ve fázi 2 přechod amplifikace do exponenciální fáze. Pokud do 7. cyklu nedojde k amplifikaci, přečtěte si pokyny pro přidání cyklů v části s doplňujícími informacemi.

5. Zkontrolujte výstup qPCR a potvrďte amplifikaci. Pokud není amplifikace na výstupu qPCR patrná, podívejte se do části s doplňujícími informacemi v této příručce.
6. Pokud přecházíte přímo k dalšímu kroku protokolu, uložte produkty qPCR na led.
7. Vraťte všechny součásti na doporučenou skladovací teplotu.



Bezpečný bod zastavení: qPCR produkty lze skladovat až 1 týden při -20 °C.

NORMALIZACE VZORKŮ A SDRUŽOVÁNÍ KNIHOVEN

Do knihovního fondu by mělo být přidáno stejné množství každého z produktů qPCR. Tím se zabrání tomu, aby jeden vzorek při sekvenování "vytlačil" ostatní.

1. Zkontrolujte výstup qPCR, abyste vyloučili anomální výsledky. Pokud máte podezření na anomální výsledky, přečtěte si část Odstraňování problémů v této příručce.
2. Exportujte hodnoty fluorescence koncového bodu z přístroje qPCR do tabulky.
3. Vložte hodnoty fluorescence koncového bodu do správných buněk dostupného souboru Pooling Calculations Template, který je k dispozici na stránce produktu na adrese www.youseq.com. Automaticky se vypočítá objem každého vzorku, který se má použít v knihovním souboru.
4. Přidejte požadovaný objem každého vzorku do jedné 1,5ml mikrocentrifugační zkumavky s nízkou vazbou.

Upozornění: Při otevírání destičky po qPCR je třeba dbát zvýšené opatrnosti. Nyní obsahuje miliony kopií knihovny a představuje značné riziko kontaminace. Vždy používejte správné laboratorní postupy.

PROTOKOL PRO PURIFIKACI KULIČEK

1. Magnetické kuličky uveďte do pokojové teploty a vyjměte je z lednice 30 minut před použitím.
2. Objem směsi kuliček, který se přidá do sdružené knihovny, získáte z tabulky šablony výpočtu sdružování. Tento objem je 0,8 x objem vaší sdružené knihovny.
3. Roztok magnetických kuliček důkladně promíchejte, až se zdá být homogenní.
4. Přidejte požadovaný objem magnetických kuliček do zkumavky obsahující shromážděnou knihovnu a dobře promíchejte pipetováním nahoru a dolů.
5. Inkubujte při pokojové teplotě po dobu 3 minut.
6. Vložte zkumavku na magnetický stojan a nechte ji stát, dokud roztok nezprůhlední a kuličky nevytvoří na magnetu těsnou peletu. Vaše knihovna DNA je nyní navázána na kuličky.
7. Ponechte zkumavku na magnetickém stojanu a opatrně odeberte a zlikvidujte supernatant pomocí vhodně velké pipetovací špičky.
8. Ponechte zkumavku na magnetickém stojanu, přidejte ke kuličkám 200 µl promývacího pufru a promíchejte pipetováním. Nevadí, pokud se peleta během tohoto procesu uvolní.
9. Počkejte, dokud supernatant nezprůhlední, a poté promývací pufr opatrně odeberte a zlikvidujte pomocí vhodně velké pipetovací špičky.
10. Vyjměte zkumavku z magnetu, krátce s ní zatočte a vraťte ji zpět na magnet. Odstraňte zbytky promývacího pufru pomocí 10 µL pipetovací špička.
11. Víčko zkumavky nechte otevřené a nechte kuličky zaschnout při pokojové teplotě, dokud neztratí lesk a nezmatní (přibližně 2 minuty).
12. Přidejte 100 µl elučního pufru přímo k peletě kuliček.
13. Zkumavku vyjměte z magnetu a pelety znovu rozpustíte pipetováním.
14. Inkubujte 5 minut při pokojové teplotě. Knihovna DNA je nyní v roztoku.
15. Vraťte zkumavku do magnetu a počkejte, dokud nebude supernatant čirý.
16. Opatrně odeberte supernatant pomocí vhodně velké pipetovací špičky a umístěte jej do čerstvé zkumavky s nízkým obsahem DNázy/RNázy. Tato zkumavka obsahuje přečištěnou, sdruženou knihovnu DNA.
17. Pokud v tomto okamžiku pozastavíte protokol, vraťte všechny součásti na doporučenou skladovací teplotu.



Bezpečná z a s t á v k a : Purifikovanou DNA knihovnu lze skladovat 24 hodin při teplotě 2-8 °C nebo 1 rok při -20 °C.

Kvantifikaci opakujte před každým novým sekvenováním.



KVANTIFIKACE SDRUŽENÉ KNIHOVNY

Vyčištěný pool knihoven lze před vložením do sekvenovacího systému kvantifikovat, aby se zajistila přesnější koncentrace při vkládání. Tento krok je nepovinný, ale doporučuje se.

NASTAVENÍ reakce qPCR UP

Reakci nastavte na led. Při vytváření reakční směsi postupujte podle níže uvedené tabulky.

- i. N = 1x ředění vzorku PLUS 4x standardy PLUS 1x kontrola bez šablony (NTC) = 6
- ii. Při výpočtu se použije překročení (N + 1) = 7

Každá reakce vyžaduje, aby se do každé jamky vložily níže uvedené objemy komponent. Doporučuje se připravit hromadnou směs a dávkovat ji do všech příslušných jamek. Níže je uveden výpočet potřebného množství směsi včetně přebytku.

Komponenta	Požadovaný objem	
	Na studnu	7 x rxn vol
YouSeq qPCR MasterMix	10 µl	70 µl
Knihovnický specifické primery	1 µL	7 µL
Voda bez DNázy/RNázy	4 µL	28 µL
Celkový objem	15 µl	105 µl

KNIHOVNA ŘEDĚNÍ

Provedte sériové ředění sružené knihovny, abyste vytvořili knihovní produkt o optimální koncentraci.

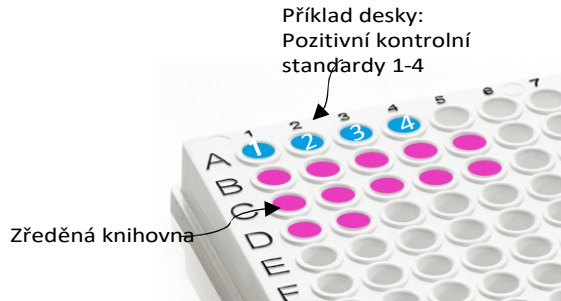
1. Přidejte 99 µl ředícího pufru do 2 zkumavek a označte je "zkumavka 2" a "zkumavka 3".
2. Do zkumavky přidejte 90 µl ředícího pufru a označte ji "zkumavka 4".
3. Do zkumavky 2 odpipetujte 1 µl přečištěné knihovny.
4. Promíchejte pipetováním 5krát nahoru a dolů.
5. Vyměňte špičku pipety a napipetujte 1 µl ze zkumavky 2 do zkumavky 3.
6. Promíchejte pipetováním 5krát nahoru a dolů.
7. Vyměňte pipetovací špičku a napipetujte 10 µl ze zkumavky 3 do zkumavky 4.
8. Promíchejte pipetováním 5krát nahoru a dolů.

Trubka č.	Faktor ředění
4	1 : 100,000

9. Pipetujte 5 µl zkumavky 4 do určených jamek na desce qPCR.

POZITIVNÍ KONTROLA

Do určených jamek napipetujte 5 μ l každého pozitivního kontrolního standardu, abyste vytvořili pozitivní kontrolní standardní křivku.

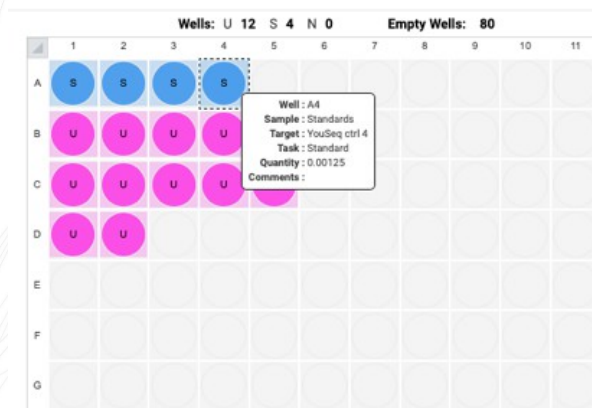


Destičku pečlivě uzavřete a krátce ji roztočte v destičkové odstředivce, aby se všechna činidla dostala na dno jamky. Vložte destičku do přístroje qPCR.

NASTAVENÍ STANDARDNÍ KŘIVKY UP

Naprogramujte standardní křivku do softwaru přístroje qPCR se vstupními koncentracemi podle níže uvedené tabulky:

Standardní č.	Koncentrace
1	110 pM
2	0,5 pM
3	0,025 pM
4	0,00125 pM



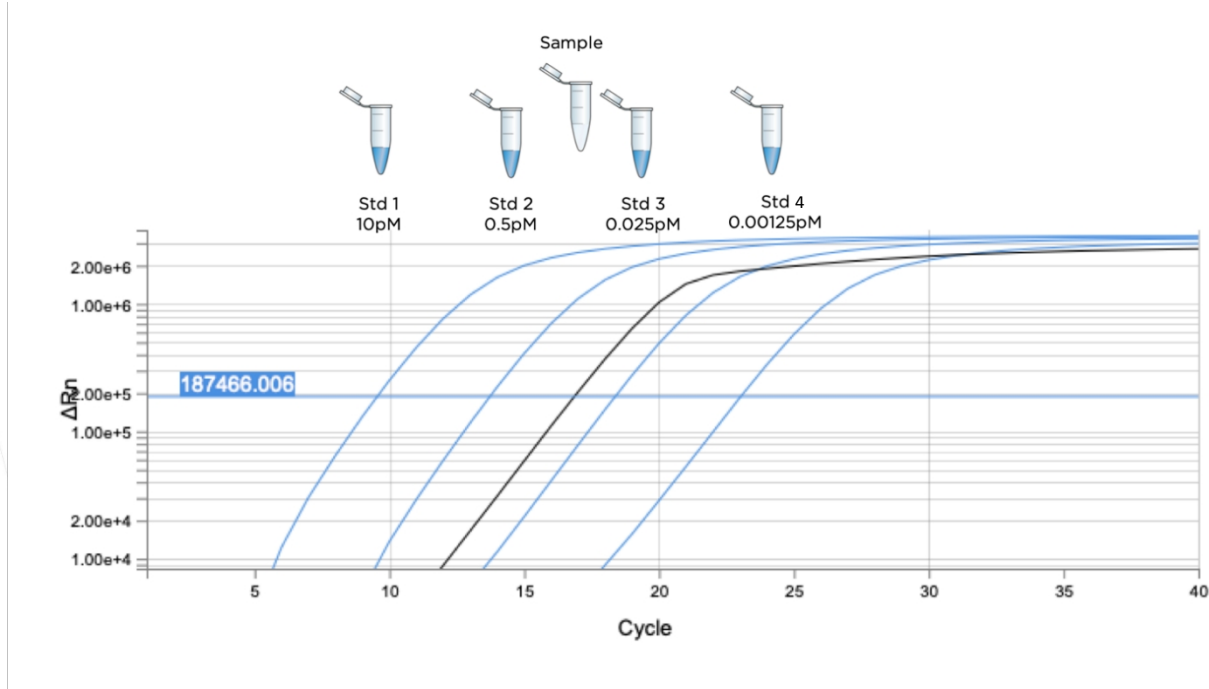
qPCR AMPLIFIKACE PROTOKOL

Proveďte PCR za následujících podmínek cyklování:

	Teplota	Čas
Horký start	95°C	3 minuty
40 cyklů	95°C	10 sekund
	60°C*	60 sekund
Křivka tání	55-95°C*	

*Ujistěte se, že během těchto kroků sbíráte fluorogenní data prostřednictvím kanálu FAM/SYBR (zelený).

INTERPRETACE DAT



Software vašeho qPCR přístroje přesně vypočítá koncentraci vaší knihovny porovnáním hodnoty Cq z vaší knihovny s hodnotami Cq standardní křivky. Tuto koncentraci pečlivě zdokumentujte ve svých záznamech.

KVANTIFIKACE KNIHOVEN

Software přístroje qPCR automaticky porovná hodnoty C_q získané ze vzorků s hodnotami ze standardů pozitivní kontroly v soupravě. Tento výpočet poskytne "vypočtenou koncentraci" v pM pro každou z nařaděných knihoven NGS.

Chcete-li určit koncentraci knihovny pro neřaděnou knihovnu, proveďte výpočet pro každou knihovnu podle níže uvedeného vzorce:

Pracovní příklad:

Knihovna byla před qPCR nařaděna v poměru 1:100 000 a její vypočtená koncentrace byla 0,6

pM. Upravená koncentrace = $0,6 \times 100\,000$

Upravená koncentrace = 60000 pM nebo 60 nM

PŘÍPRAVA KNIHOVEN PRO SEKVENOVÁNÍ

Kontrola kvality - volitelná

Spusťte vzorek sdružené knihovny na automatickém analyzátoru, jako je Bioanalyser nebo TapeStation. Výrazný pík v rozmezí 580-600 bp naznačuje dobrou kvalitu knihovny. Píky o jiných velikostech naznačují potenciální problém, viz část Doplňkové informace v této příručce.

Ředění

Určete správnou koncentraci náplně sdružené knihovny, kterou přidáte do sekvenovačích přístroje. V protokolech společnosti Illumina s e dozvíte, jakou optimální koncentraci knihovny načíst na používaný čip/kazetu. Použijte výsledky z kvantifikace knihovny qPCR k naředění poolu knihoven na správnou koncentraci načítání pomocí dodaného elution bufferu.

Řízení PhiX

PhiX musí být přidán ke knihovnám s nízkou složitostí (jako jsou knihovny 16S) pro optimální výkon sekvenování. YouSeq doporučuje přidávat PhiX do knihovny v koncentraci 20 % v konečném souboru.

Všechny požadované pracovní listy a metadata čárových kódů jsou k dispozici na [adrese www.youseq.com](https://www.youseq.com) a/nebo v týmu zákaznických služeb YouSeq.

SEKVENAČNÍ DATA ANALÝZA

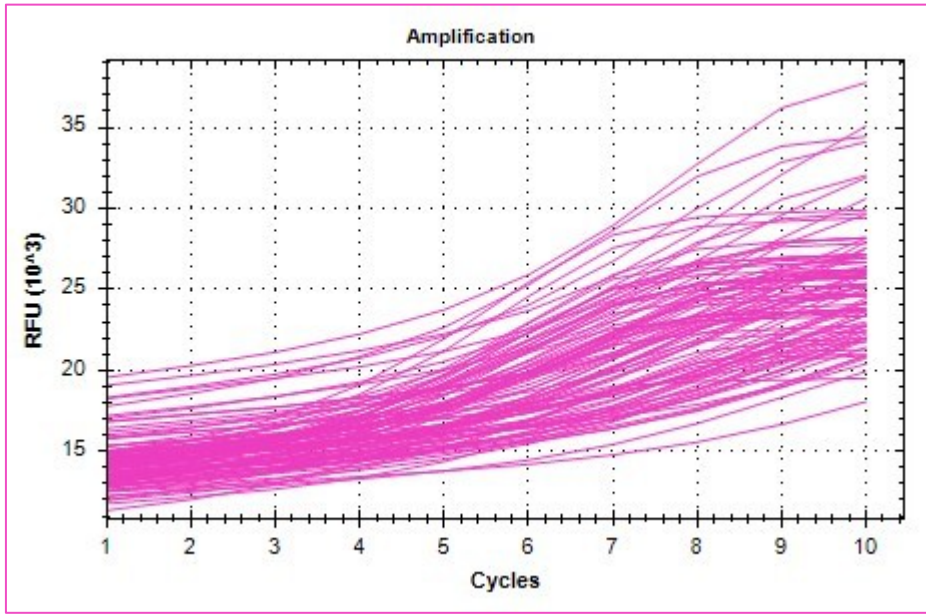
Nahrajte soubory FASTQ vytvořené sekvenátorem do doprovodné aplikace na [adrese https://youseq.basepairtech.com](https://youseq.basepairtech.com) a proveďte analýzu. Jedná se o plně automatizovaný nástroj pro analýzu dat, který poskytuje snadno použitelný výběr výstupu ve formátu PDF, csv nebo html.

DOPLŇUJÍCÍ INFORMACE

Příprava knihovny qPCR výstup

Pokud je v reakci qPCR použito doporučené množství vstupní bakteriální DNA, měla by se amplifikace projevit během 10 cyklů fáze 2. Amplifikace by měla vypadat podobně jako na obrázku níže:

SI Obrázek 1: Typický amplifikační graf qPCR (vytvořený během 2. fáze qPCR s použitím 10 cyklů) z 24 indexových párů s použitím DNA templátu s počátečním množstvím 5 ng.



Pokud se po 10 cyklech PCR ve fázi 2 protokolu qPCR pro přípravu knihovny neobjeví žádné amplifikační křivky:

- Zvyšte počet cyklů ve fázi 2 na 15. Nedoporučuje se provádět qPCR více než 15 cyklů ve fázi 2, protože by mohlo dojít k chybám.
- Pokud se amplifikace neprojeví ani po 15 cyklech, může být přítomna vysoká hladina inhibitorů, nekvalitní DNA nebo nedostatečné množství DNA ve vzorku. Může být nezbytné zařadit před qPCR purifikační a/nebo koncentrační krok. Ujistěte se, že použitá extrakční souprava je vhodná pro daný typ vzorku.

Pokud amplifikace vykazuje shlukování ploch, podivné hodnoty fluorescence nebo nevhodnou automatickou korekci základní linie:

- To může být způsobeno tím, že qPCR cyklér má problémy s definováním základní linie. Nastavte základní linii ručně v softwaru a zkontrolujte hodnoty fluorescence. Pokud je nyní problém odstraněn, exportujte hodnoty fluorescence a pokračujte v kvantifikační analýze podle části Kvantifikace vzorků v této uživatelské příručce. Pokud se problém nepodaří odstranit, zkuste provést krok b níže.
- Destičku qPCR nevyhazujte. Místo toho proveďte níže uvedený protokol na stejném přístroji qPCR, který byl použit k vytvoření křivek. Tím se vygenerují nové hodnoty fluorescence koncového bodu, které lze následně prozkoumat. Pokud byl problém nyní odstraněn, exportujte hodnoty fluorescence a pokračujte v kvantifikační analýze podle části Kvantifikace vzorků v této uživatelské příručce.

Teplota

72°C

Čas

2 minuty

Získání SYBR

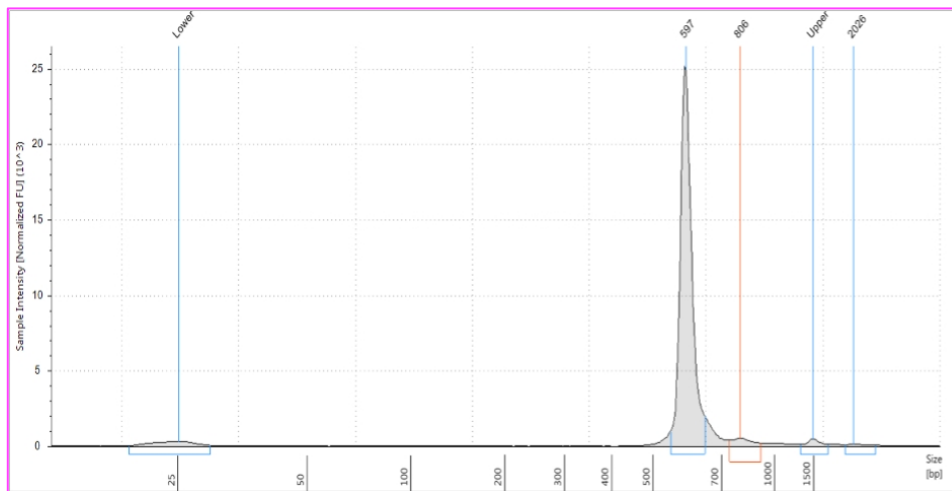
Normalizace vzorku

Potřebný objem produktu qPCR pro přidání do fondu knihoven se vypočítá automaticky v souboru Pooling Calculations Template, který je k dispozici na stránce produktu na adrese www.youseq.com. Metoda používá následující výpočet:

$$\text{Objem k přidání} = (\text{nejvyšší hodnota koncového bodu vzorku} / \text{hodnota koncového bodu vzorku}) \times 2$$

Kontrola kvality knihovny

Příklad elektroferogramu získaného z TapeStation (Agilent) pro shromážděnou a vyčištěnou knihovnu 16S. Silný pík při 580-600bp ukazuje na dobrou kvalitu knihovny.



SPECIFIKACE PRODUKTU

Uložení soupravy

Skladování při -20 °C

Všechny komponenty ONE 16S Reagents Pack a všechny komponenty z Library Quant Reagents Pack, kromě YouSeq Dilution Buffer, by měly být skladovány při -20 °C a během používání uchovávány na ledu. Destička s 16S Oligo Mix Primer by měla být po celou dobu skladování udržována ve vodorovné poloze a ve svislé poloze.

Skladování při 4 °C

Všechny komponenty z balení reagentů pro čištění kuliček a pufr pro ředění YouSeq z balení reagentů pro kvantování knihoven by měly být uchovávány v chladničce při teplotě 4 °C, pokud se nepoužívají.

Použijte kvalitní DNA

Tato souprava byla optimalizována pro širokou škálu různých typů vzorků, včetně tradičně "obtížných" vstupů, jako jsou výkaly a půda. Vysoký přenos inhibitorů z původního vzorku do směsi qPCR může zabránit optimálnímu průběhu reakce. Proto se důrazně doporučuje použít soupravu pro extrakci DNA, která je kompatibilní s daným typem vzorku.

Regulační status

Tento produkt byl vyvinut pouze pro výzkumné účely a není určen pro diagnostické použití. Neměl by být používán k diagnostice onemocnění, pokud není výslovně schválen regulačními orgány v zemi použití.

Laboratorní postupy

Abyste se zabránili kontaminaci reakcí a pracovního prostoru, je třeba vždy dodržovat správnou molekulární praxi. Před zahájením protokolu vyčistěte pracovní prostory a vybavení pomocí přípravku DNA Away nebo 7% bělicího roztoku.

Ačkoli žádná ze složek soupravy není klasifikována jako nebezpečná, je třeba při provádění protokolu dodržovat správnou laboratorní praxi. Při manipulaci s chemikáliemi je třeba nosit vhodný laboratorní plášť a rukavice.

Kontrola kvality

V souladu se systémem řízení kvality společnosti YouSeq Ltd certifikovaným podle normy ISO EN 13485 je každá šarže soupravy The ONE 16S NGS Library Preparation testována podle předem stanovených specifikací, aby byla zajištěna stálá kvalita produktu.

Technická pomoc

Pro zákaznickou podporu nás prosím kontaktujte:

e-mail: support@youseq.com
Telefon: +44 (0)333 577 6697

Ochranné známky a prohlášení o vyloučení odpovědnosti

YouSeq®, Illumina

Registrované názvy, ochranné známky apod. použité v tomto dokumentu, i když nejsou výslovně takto označeny, nelze považovat za nechráněné zákonem.

Není k dispozici ve všech zemích

© 2023 YouSeq Ltd, všechna práva vyhrazena.