

ATOPlex 16S rDNA文库试剂盒套装

—高效、易用的文库制备试剂盒,为微生物群落研究提供强大工具

■ 亮点

流程简单快捷

- 通过 2 步 PCR 即可在 6 小时内完成文库制备,简单快捷

覆盖主流可变区域

- 覆盖 V3 和 V4 两个主流的 16S rDNA 可变区,适用于环境样本中微生物群落结构和进化关系等研究

自动化友好

- 适配 MGISP-960 自动化样本制备系统,节省人工

支持超大规模样本混合

- 最大支持 4608 种文库标签,满足超大规模样本 Pooling 需求,提高测序数据利用率

■ 简介

本试剂盒套装是基于ATOPlex多重PCR技术开发的16S扩增子文库制备试剂盒,覆盖V3和V4区域,2步PCR即可完成PCR文库制备,兼容MGISEQ-2000基因测序仪,可应用于环境中对人体内的微生物组研究。

■ 产品性能

针对土壤、粪便等真实样本,用本试剂盒进行文库制备,用MGISEQ-2000RS平台进行测序,同时用A公司的试剂盒和平台进行文库制备和测序,将数据进行分析比较,从图1可知,MGI产品产出的数据Read利用率>98%,高于A公司。通过序列比对分析样本中的微生物群落结构,相比于A公司,MGI的产品能够获得更为丰富的物种信息,如图2和图3所示。

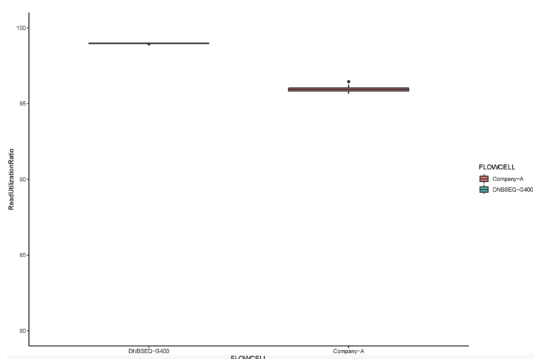


图1 Reads利用率

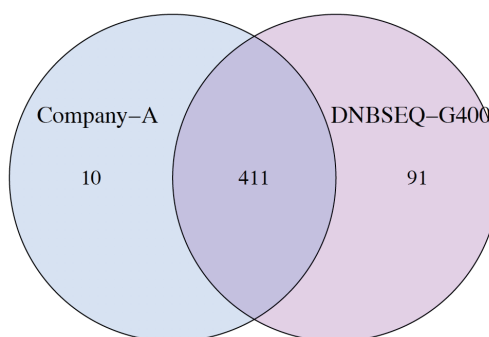


图2 物种鉴定数量Venn图

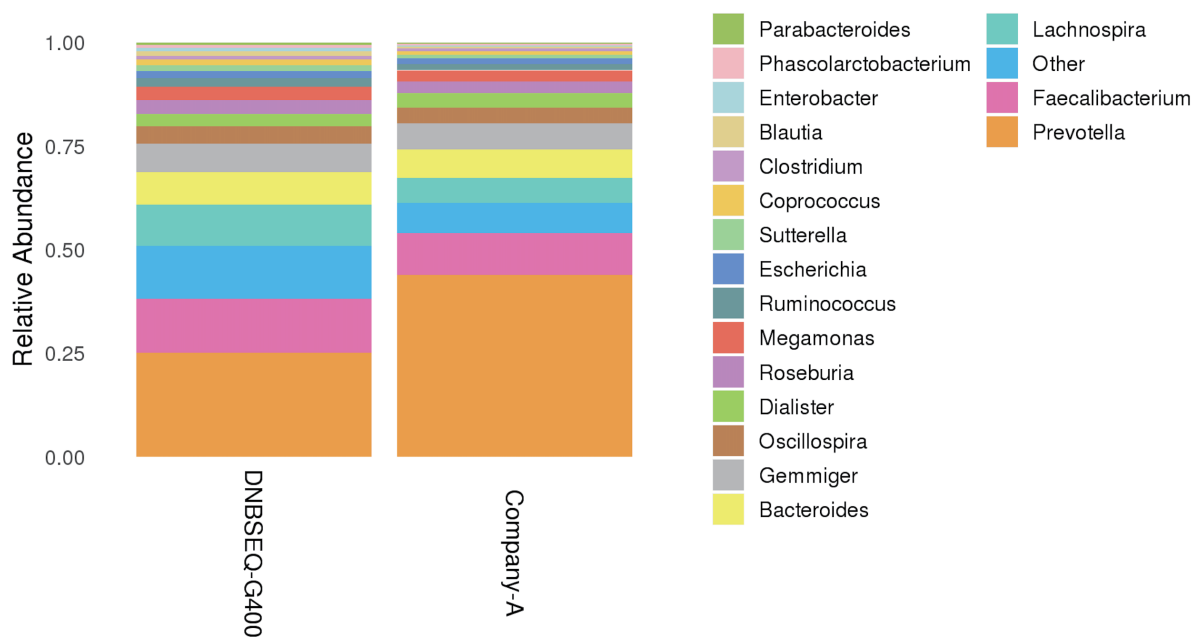


图3 OTU分析结果

以标准品为样本, 用本试剂盒进行文库制备, 用MGISEQ-2000RS平台进行测序, 表1为下机数据质量, 每个样本产出了0.3-0.4 M reads, Q30 > 90%, 去除冗余Reads后还有 > 70% Reads, 数据质量优异, 满足生信分析需求。

表1 下机数据质量

样本编号	Raw reads	Q30(%)	去冗余后的Reads
LIB1	313316	90.76	221173
LIB2	406967	90.54	297105
LIB3	340941	90.79	245316

对样本进行OTU分析, 计算并均一化属水平的丰度, 如图4所示, 属水平的丰度与预期丰度基本一致。还计算了每两个样品之间的属水平丰度相关系数, 分析表明, R2值高于0.99, 表明一致性非常高, 如图5所示。

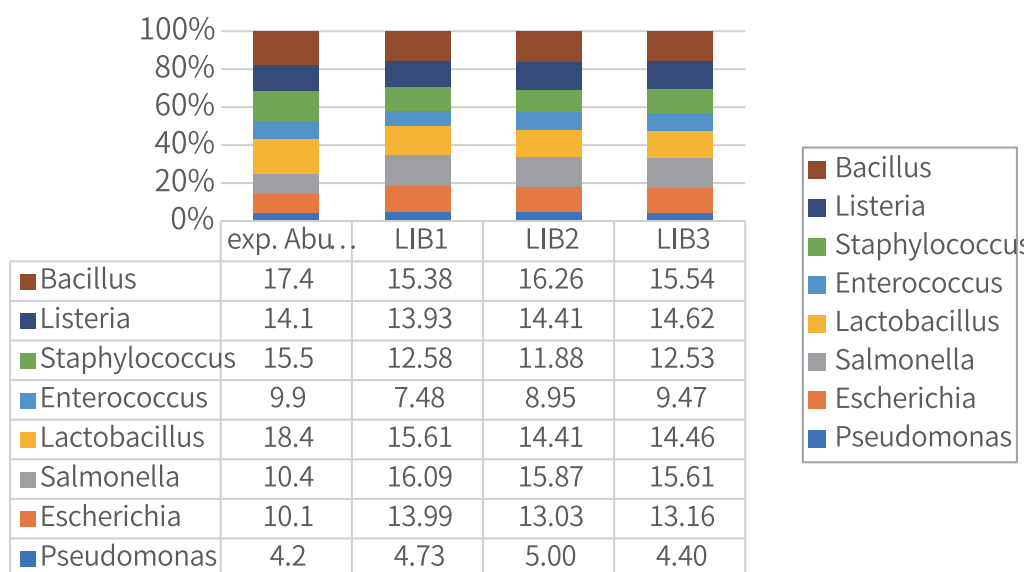


图4 实测菌种丰度与参考品的理论丰度比较

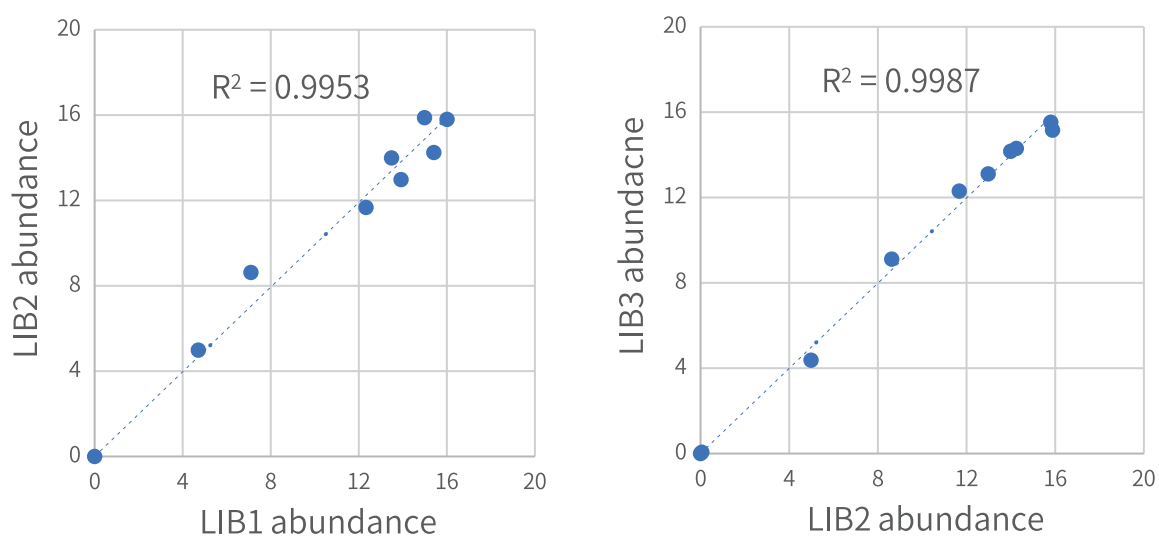


图5 每2个样本之间OTUs丰度相关性

■ 总结

ATOPlex 16S rDNA建库试剂盒套装操作简便, 性能优异, 搭配华大智造的测序仪, 助力于人体或环境样本中的微生物群落结构、进化关系等研究

订购信息

产品名称	规格	货号
仪器		
MGISEQ-2000RS 基因测序仪	标配	900-000035-00
试剂		
ATOPlex 16S V3V4 rDNA建库试剂盒套装	576 人份	940-000725-00
ATOPlex 16S V3V4 rDNA建库试剂盒套装	96人份	940-001261-00
ATOPlex E450 双标签平衡文库试剂	40ng/支	940-000637-00
MGISEQ-2000RS高通量快速测序试剂套装 (FCS PE300)	620 Cycles/Set	940-000039-00
CPAS 条形码引物 3 试剂盒V2.0	1支/盒	1000020834

深圳华大智造科技股份有限公司
深圳市盐田区北山工业区综合楼11栋

✉ MGI-service@mgi-tech.com

🌐 mgi-tech.com ☎ +86-4000-688-114



官方微信



官方中文网站

版权声明:

本手册版权属于深圳华大智造科技股份有限公司所有, 未经本公司书面许可, 任何其他个人或组织不得以任何形式将本手册中的各项内容进行复制、拷贝、编辑或翻译为其他语言。本手册中所有商标或标识均属于深圳华大智造科技股份有限公司及其提供者所有。