

## MGIEasy酶切PCR-Free DNA文库制备试剂套装

### 产品亮点

- 酶切打断兼容性好

配有高质量、低偏差的打断酶，不同物种或者不同的投入量，使用相同打断条件，均能获得条带集中的片段产物，其打断效果与物理打断法效果相似。

- 文库产量稳定

优化的反应体系，能够获得高质量的文库，且产量稳定。

- 操作步骤简单，可实现全自动化建库流程

操作步骤简单，仅需 4.5 小时即可完成文库制备流程。与自动化样本处理系统适配，提供自动化的文库制备产品组合。

- 无扩增错误累积

结合MGI DNBSEQ™ 技术，WGS PCR-free建库和测序全流程无PCR错误累积，最大程度保证了基因组序列的真实性。

- 更好的基因组覆盖均一性

酶切法PCR-free的基因组覆盖度，达到和物理法PCR-free相似水平，可以覆盖到GC富集区域、启动子、重复区域等，明显优于传统的WGS方法。

- 优异的变异检测性能

酶切法PCR-free的变异检测性能达到和物理法PCR-free相似的水平，尤其是InDel表现优异，高于竞品。

### 概述

MGIEasy 酶切 PCR-Free DNA 文库制备试剂套装是针对华大智造 (MGI) 高通量测序平台量身打造的一款无需 PCR 扩增即可完成全基因组文库制备的试剂套装。本试剂套装含有高质量、低偏差的打断酶，无需额外的打断设备，可以快速将 200-1000 ng 基因组 DNA 打断成片段化 DNA，其打断效果与物理打断法效果相似。该试剂套装与自动化样本处理系统 MGISP 系列兼容，提供自动化的文库制备产品组合。MGI WGS PCR-free 文库制备方法，结合基于 MGI DNBSEQ™ 1 测序，全检测流程无需 PCR 扩增步骤，实现了真正的 error-free。

## 产品参数

建库时间	~4.5小时
手工操作时间	~30 分钟
样本量	200–1000 ng gDNA
插入片段	350–475 bp
样本类型	gDNA
物种来源	人，动植物，真菌，细菌，宏基因组等
应用方向	全基因组测序
适用的测序平台*	MGISEQ-200, MGISEQ-2000, BGISEQ-500, DNBSEQ-G400, DNBSEQ-G50
测序策略*	PE100和PE150

\*其它适配机型和读长正在测试中，之后会陆续更新到官网中

## 产品性能

### 酶切打断兼容性好

选择不同物种，小鼠、水稻、细菌、宏基因组样本各 1000 ng gDNA 为起始量；人标准品 NA12878 分别 1000 ng、500 ng、200 ng 为起始量，采用 MGIEasy 酶切 PCR-Free DNA 文库制备套装，在相同的酶切打断条件下打断，可以得到主带分布较一致且集中的 DNA 片段产物。

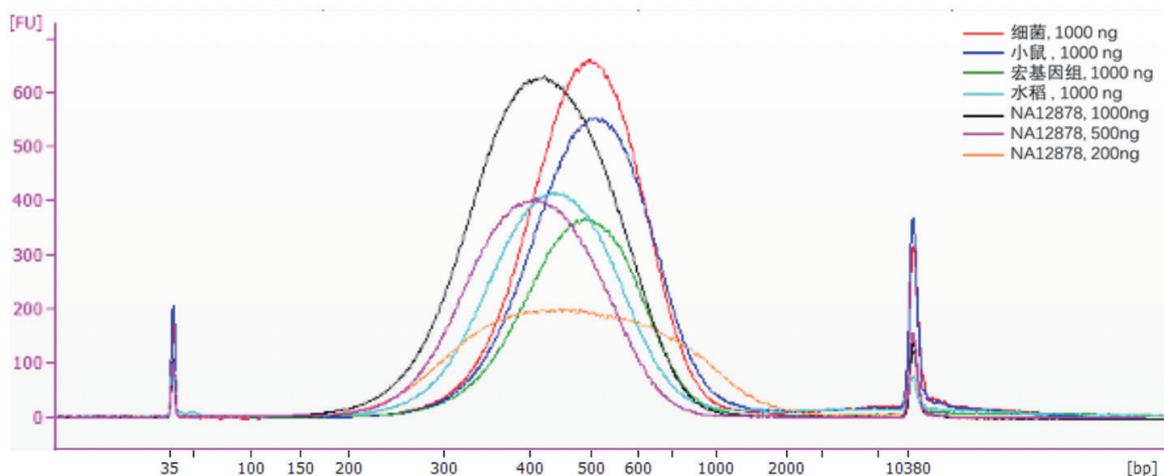


图1 不同物种和不同投入量样本的酶切打断及片选或纯化后，片段产物的2100示意图。

## 文库产量稳定

选择人标准品 NA12878, 各以 200 ng, 500 ng 和 1000 ng gDNA 为起始量; 小鼠, 水稻, 细菌和宏基因组等 4 个不同物种的样本, 各以 1000 ng gDNA 为起始量, MGIEasy 酶切 PCR-Free DNA 文库制备试剂套装进行酶切打断和建库, 每个物种分别进行 3-6 个重复, qubit 定量, ssCir (单链环化 DNA, single-stranded circle DNA) 文库产量均在 12 ng 以上。表明, MGIEasy 酶切 PCR-Free DNA 文库制备试剂套装对于不同的物种, 不同的投入量的样本, 均能获得足够的 ssCir 文库产量进行后续的 MGI 高通量测序平台测序, 建库稳定性好。

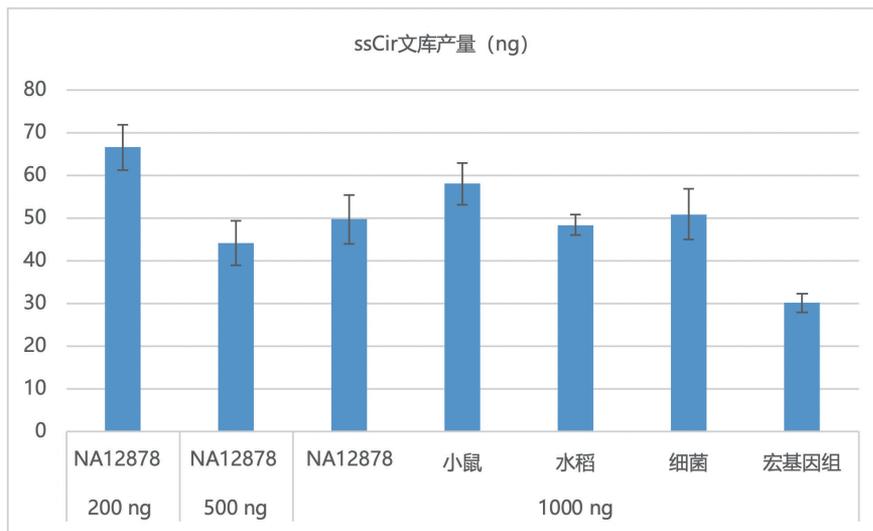


图2 不同物种建库的ssCir文库产量 (每个样本3-6个重复)

\*200 ng 为起始量的时候, 其片段选择条件与 500-1000 ng 的条件不同, 具体条件请参考产品官网的 FAQ 说明。

## 操作步骤简单, 可实现全自动化建库流程

MGIEasy 酶切 PCR-Free 文库制备试剂套装的操作步骤简单, 除了适用于手工操作, 还适用于自动化的建库流程, 可大幅缩短手工操作时间, 实现更高通量的样本处理。

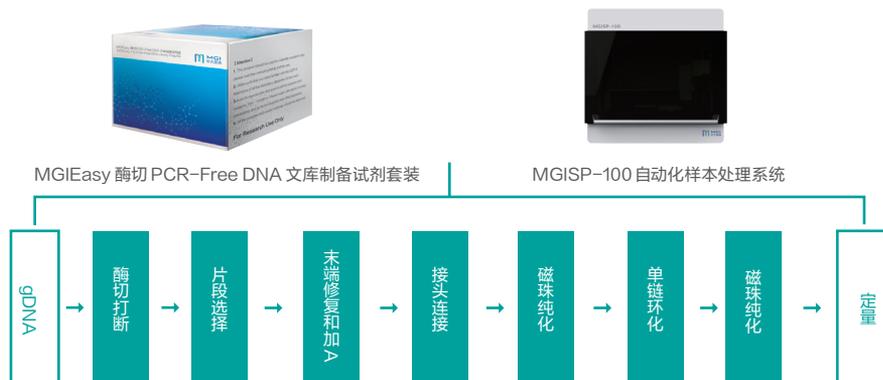


图3 基于酶切PCR-free自动化建库流程示意图

## 无扩增错误累积

由于建库过程中去除了 PCR 扩增步骤, WGS PCR-free 文库无 PCR 引入的错误或者 bias。MGI DNBSEQ<sup>Q</sup> 测序技术利用滚环复制进行 DNA 纳米球(测序模板)的制备,由于是线性扩增,可以避免基于 PCR 指数扩增引入的测序错误累积。MGI WGS PCR-free, 结合 DNBSEQ<sup>M</sup> 技术, 是真正的 PCR-free NGS 流程, 可以更好的保证基因组的真实性。

## 更好的基因组覆盖均一性

酶切法 PCR-free, 由于没有 PCR 扩增步骤, 可以避免扩增引入的 bias, 提高基因组覆盖均一性。从图 4 中可以看到, 高 GC 菌(62%) 和低 GC 菌(38%) 的基因组覆盖均一性和中 GC 菌(50%) 类似, 接近理想的基因组覆盖度, 说明酶切法 PCR-free 在不同 GC 含量的样本中, 表现出了优秀的基因组覆盖均一性。

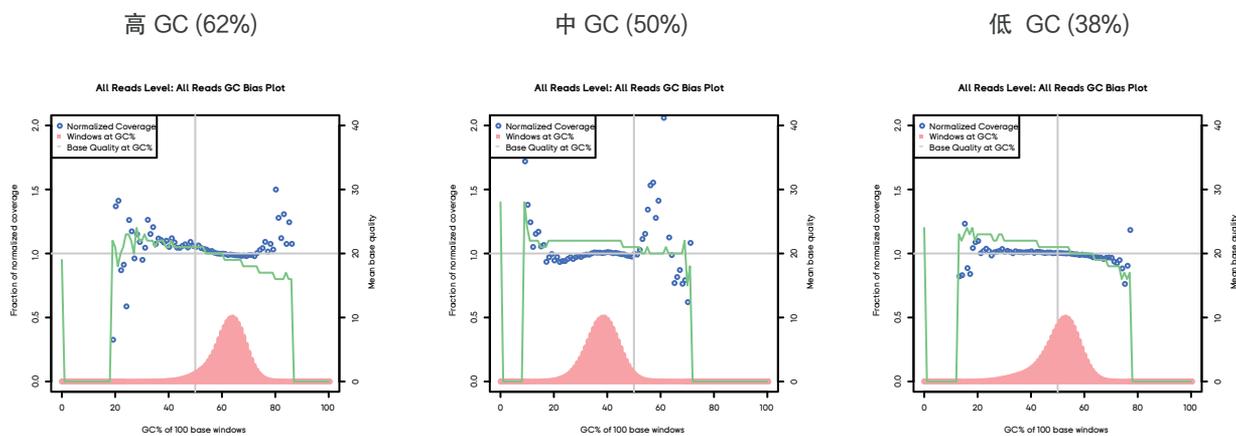


图 4 不同 GC 含量的细菌的 GC bias 示意图。选择 3 种不同 GC 含量的细菌, 分别是 *Olsenella Profusa*, 62%; *E.coli*, 50%; *Bacillus megaterium*, 38%, 均采用 1000 ng gDNA 为起始量, MGIEasy 酶切 PCR-Free DNA 文库制备试剂套装建库, MGIESEQ-2000, PE150 测序和分析。以 100 个碱基的大小为窗口, 绘制 GC 含量分布图。灰色水平线表示理想的归一化覆盖度, 表示为 1.0, 蓝色点线表示样本的实际归一化的覆盖度。蓝色点线约接近 1.0, 说明样本的基因组覆盖均一性越好。

酶切法 PCR-free 的测序深度频率分布接近物理法的 PCR-free 的水平, 明显优于酶切 PCR, 说明酶切法 PCR-Free 也具有非常好的基因组覆盖均一性。

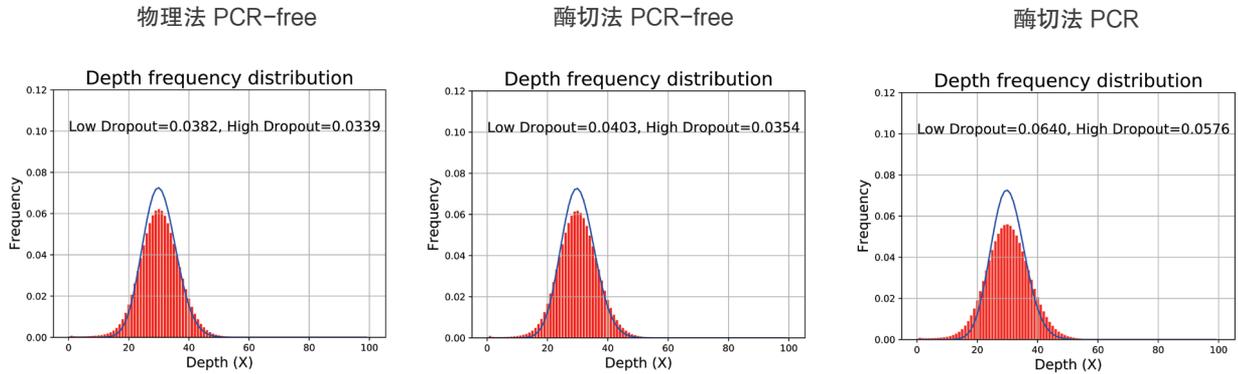


图 5 物理法 PCR-free, 酶切法 PCR-free 和传统酶切法 PCR 的测序深度频率分布图。1000 ng NA12878 起始, 分别采用 MGIEasy PCR-Free DNA 文库制备试剂套装 (物理法 PCR-free), MGIEasy 酶切 PCR-Free DNA 文库制备试剂套装 (酶切法 PCR-free) 和 MGIEasy 酶切 DNA 文库制备试剂套装 酶切法 PCR 建库, MGISEQ-2000, PE150 测序, 截取 30X 数据进行分析。X 轴, 表示测序深度; Y 轴, 表示测序深度频率分布, 代表某一深度占有所有深度的百分比。红色柱状图表示实际情况下的占比; 蓝色线状图表示理想情况下的占比。

## 优异的变异检测性能

酶切法 PCR-free 变异检测性能和物理法 PCR-free 性能接近, 尤其是 InDel, 明显优于竞品物理法 PCR-free 和酶切法 PCR 的性能。从图 6 中可以看到, 酶切法 PCR-free 的检出准确性和灵敏度分别达到 99.10% 和 98.73%, 说明酶切法 PCR-free 具有优异的变异检测性能。

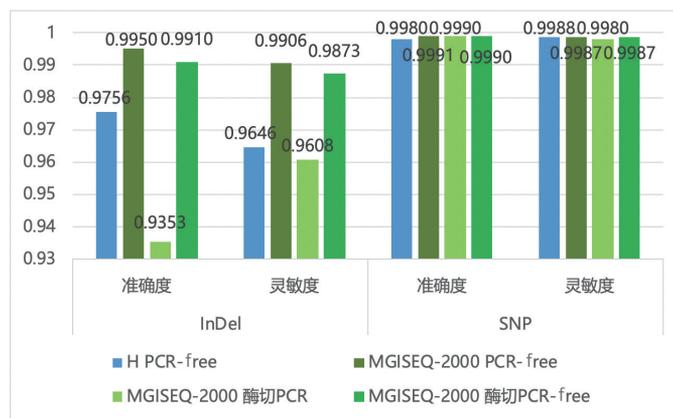


图 6 比较酶切法 PCR-free 和其他 WGS 建库方法的变异检测性能。样本均为 NA12878, H PCR-free 是竞品物理法 PCR-free 在 H 平台 PE150 测序 (官方公布数据) 截取 30X 的数据; MGISEQ-2000 PCR-free、MGISEQ-2000 酶切 PCR、MGISEQ-2000 酶切 PCR-free 分别是用 MGIEasy PCR-Free DNA 文库制备试剂套装、MGIEasy 酶切 DNA 文库制备试剂套装、MGIEasy 酶切 PCR-Free DNA 文库制备试剂套制备的文库在 MGISEQ-2000 PE150 测序截取 30X 的数据。

## 总结

MGI Easy 酶切 PCR-free DNA 文库制备试剂套装，性能表现与物理法 PCR-free 类似，结合自动化样本处理系统，可以实现从 gDNA 到文库的自动化全流程建库，满足高通量的文库制备需求。MGI PCR-free 建库技术和 DNBS<sup>®</sup>Q 技术相结合，可以获得高质量的测序数据，为科研工作者提供更精准、全面的全基因组数据，助力科研和临床组学研究。

## 订购信息

产品	规格	货号
MGI Easy 酶切 PCR-free DNA 文库制备试剂套装	16RXN	1000013454
	96RXN	1000013455

## 联系我们

深圳华大智造科技股份有限公司  
地址：深圳市盐田区北山工业区综合楼，518083  
邮箱：MGI-service@mgi-tech.com  
网址：www.mgi-tech.com  
电话：4000-688-114  
版本：2022 年 11 月版 | MGPD111810100-12



[https://twitter.com/MGI\\_BGI](https://twitter.com/MGI_BGI)

