

# GDSZyme DNA Library Prep Kit for Illumina

## 使用说明书

### 【产品名称】

GDSZyme DNA Library Prep Kit for Illumina

### 【货号/规格】

K016-A (24 rxns) ; K016-B (96 rxns)

### 【产品简述】

GDSZyme DNA Library Prep Kit for Illumina是一款专为Illumina高通量测序平台设计的超快速酶切法DNA文库制备试剂盒，操作流程简单，建库时间更短。它能够处理100pg至500ng的不同来源的DNA，适用于PCR或PCR-free的文库构建，具有很高的文库转化率。本品经过严格的质量检测，从而确保文库制备的质量和效率。

### 【储存条件】

-20℃。

### 【组成成分】

组分	K016-A (24 rxns)	K016-B (96 rxns)
FEA Enzyme Mix V3	240 $\mu$ l	960 $\mu$ l
Fast DNA Ligase V3	120 $\mu$ l	480 $\mu$ l
Fast Ligation Buffer V3	720 $\mu$ l	4 $\times$ 720 $\mu$ l
2X HIFI PCR Mix	600 $\mu$ l	4 $\times$ 600 $\mu$ l
Primer Mix 3	120 $\mu$ l	480 $\mu$ l
Enhancer Buffer	240 $\mu$ l	960 $\mu$ l

备注：分选磁珠推荐使用#NC1011 GDSPure DNA Selection Magbeads 或 AMPure XP beads。

### 【适用范围】

投入量为100 pg - 500 ng的泡灌洗液、血细胞、血清、血浆、脑脊液等不同样本类型的DNA制备Illumina高通量测序平台专用文库。

### 【注意事项】

1. 客户可以针对Illumina测序平台选择合适的接头，接头过量将会导致接头二聚体的形成，接头不足会导致文库产出低，因此，合适的接头浓度决定了文库的浓度和质量。不同的DNA投入量对应的推荐接头浓度见下表：

表1 Adapter 推荐的使用浓度

DNA 投入量	UDI Adapter 预稀释度	使用体积
500 ng	不稀释	5 $\mu$ l
100 ng	1:2	5 $\mu$ l
1 ng	1:100	5 $\mu$ l
100 pg	1:200	5 $\mu$ l

\*Adapter的质量和浓度很大程度上影响了文库的产出，尤其是低投入量的建库。应选用优质来源的Adapter，连接前用0.1X TE提前稀释成合适浓度，现配现用，保证每次加样量为固定的5 $\mu$ l，避免加样错误，并尽量避免反复冻融。

2. 严格控制扩增循环数对文库产出尤为重要，下表为不同的DNA投入量对应的推荐扩增循环数：

表2 不同样品投入量对应的推荐扩增循环数

Input DNA	推荐的扩增循环数	
	100 ng 文库	1 $\mu$ g 文库
500 ng	/	2-3
200 ng	/	3-5
100 ng	0-2	4-6
50 ng	2-3	5-7
10 ng	4-6	7-9
1 ng	9-11	13-15
100 pg	13-15	15-17

注：上表仅供参考。当DNA质量较差或者片段化时间不同时，需适当调整循环数以获取足量文库。

### 【标准建库流程】

#### A 片段化、末端修复、加dA尾/Fragmentation, End Preparation & dA-tailing

这一步骤将Input DNA末端补平，并在5'端进行磷酸化和3'端加dA尾。

1. 将FEA Enzyme Mix V3解冻并混匀、短暂离心收集至管底，置于冰上备用，以下所有操作步骤均在冰上操作。

2. 在灭菌200  $\mu$ l PCR管中配制如下反应：

试剂	体积
Input DNA	$X \mu\text{l}$
ddH <sub>2</sub> O	To 50 $\mu\text{l}$

3. 向每个样品中加入10  $\mu\text{l}$  FEA Enzyme Mix V3, 用移液枪小心吹打混匀, 短暂离心将所有液体移至管底。立即进行下一步。

当模板中含有盐离子或其他杂质抑制打断时, 推荐在打断反应体系中加入Enhancer Buffer来增强打断能力, 具体加入量, 可以以1  $\mu\text{l}$ 为幅度进行调整。

4. 在热循环仪中进行如下反应:

温度	时间
热盖105°C	ON
30°C	5 min
72°C	5 min
4°C	$\infty$

## B 接头连接/Adapter Ligation

这一步骤将在End Preparation产物末端连接Adapter。

1. 根据Input DNA量按表1稀释Adapter至合适浓度。
2. 将Fast Ligation Buffer V3、Fast DNA Ligase V3从-20°C取出, 解冻并充分混匀、短暂离心收集至管底, 置于冰上备用。
3. 在步骤A的PCR管中配制如下反应:

试剂	体积
上一步产物	60 $\mu\text{l}$
Fast Ligation Buffer V3	30 $\mu\text{l}$
Fast DNA Ligase V3	5 $\mu\text{l}$
Adapter X	5 $\mu\text{l}$

4. 用移液枪小心吹打混匀, 短暂离心将所有液体移至管底。
5. 在热循环仪中进行如下反应:

温度	时间
热盖105°C	ON
20°C	5 min
4°C	$\infty$

注: 适当延长反应时间至15 min, 可提高接头连接效率。

6. 使用GDSPure DNA Selection Magbeads纯化产物:

- 6.1. 取100  $\mu\text{l}$ 连接产物加入合适的PCR管中。
- 6.2. 涡旋磁珠使磁珠混匀, 加入80  $\mu\text{l}$ 磁珠悬液, 用移液器轻轻吹打10次混匀, 室温静置5 min。
- 6.3. 将PCR管置于磁力架上至溶液变得澄清, 用移液器吸去上清, 弃上清。
- 6.4. 保持PCR管在磁力架上, 加入 200  $\mu\text{l}$  80%新鲜配制的乙醇溶液, 请勿吹打磁珠。室温静置30 sec, 用移液器吸去上清, 弃上清。
- 6.5. 重复步骤 6.4 一次。最后一次洗涤完成时应尽量吸取干净洗涤液。
- 6.6. 保持PCR管在磁力架上, 自然风干至磁珠表面无明显光泽。

注意: 该步骤应避免磁珠干燥过度而影响洗脱效率, 磁珠表面有裂痕即代表干燥过度。

6.7. 将PCR管从磁力架上取下, 进行洗脱:

如纯化产物不进行双轮磁珠分选: 向管中加入22.5  $\mu\text{l}$ 洗脱缓冲液 (10mM Tris-HCl, pH8.0-8.5) 或ddH<sub>2</sub>O, 用移液器轻轻反复吹打, 使磁珠和溶液充分混合均匀, 室温静置 3-5 min。将PCR管置于磁力架上至溶液变得澄清, 将20  $\mu\text{l}$ 上清液转移到新的EP管中。  
 如纯化产物进行双轮磁珠分选: 向管中加入105  $\mu\text{l}$ 洗脱缓冲液 (10mM Tris-HCl, pH8.0-8.5) 或ddH<sub>2</sub>O, 用移液器轻轻反复吹打, 使磁珠和溶液充分混合均匀, 室温静置 3-5 min。将PCR管置于磁力架上至溶液变得澄清, 将100  $\mu\text{l}$ 上清液转移到新的EP管中, 根据表3双轮磁珠分选条件进行长度分选。

注: 此处样品长期保存置于-20°C, 避免不必要的反复冻融。

## C 文库扩增/Library Amplification

这一步骤将对纯化或长度分选后的Adapter Ligation产物进行PCR扩增。是否需要这一步骤取决于Input DNA量、Adapter是否为完整长度、应用需要等因素。如使用非完整长度Adapter, 必须进行这一步骤。如使用完整长度Adapter, 当Input DNA < 50 ng时, 推荐进行Library Amplification; 当Input DNA  $\geq$  50 ng或者不需要进行文库扩增富集时, 此步骤可不进行, 直接进入文库质控/Library Quality Control。

1. 将Primer Mix 3、2X HIFI PCR Mix 解冻后颠倒混匀, 于200  $\mu\text{l}$  PCR管中配制如下反应:

试剂	体积
纯化或分选后的连接产物	20 $\mu\text{l}$
2X HIFI PCR Mix	25 $\mu\text{l}$
Primer Mix 3	5 $\mu\text{l}$
Total	50 $\mu\text{l}$

2. 用移液枪小心吹打混匀, 短暂离心将所有液体移至管底。

### 3. 在热循环仪中进行如下反应：

温度	时间	循环数
95°C	3 min	-
98°C	20 sec	根据表 2 选择适当循环数
60°C	15 sec	
72°C	30 sec	
72°C	1 min	-
4°C	∞	-

4. 如需进行长度分选，参考附一：双轮磁珠分选进行；如不需要进行长度分选，使用 *GDSPure DNA Selection Magbeads* 对反应产物进行纯化：

4.1. 取 50  $\mu$ l 扩增产物加入合适的 PCR 管中。

4.2. 涡旋磁珠使磁珠混匀，加入 45  $\mu$ l 磁珠悬液，用移液器轻轻吹打 10 次混匀，室温静置 5 min。

4.3. 将 PCR 管置于磁力架上至溶液变得澄清，用移液器吸去上清，弃上清。

4.4. 保持 PCR 管在磁力架上，加入 200  $\mu$ l 80% 新鲜配制的乙醇溶液，请勿吹打磁珠。室温静置 30 sec，用移液器吸去上清，弃上清。

4.5. 重复步骤 4 一次。最后一次洗涤完成时应尽量吸取干净洗涤液。

4.6. 保持 PCR 管在磁力架上，自然风干至磁珠表面无明显光泽。

注意：该步骤应避免磁珠干燥过度而影响洗脱效率，磁珠表面有裂痕即代表干燥过度。

4.7. 将 PCR 管从磁力架上取下，进行洗脱：向管中加入 22.5  $\mu$ l 洗脱缓冲液 (10mM Tris-HCl, pH8.0-8.5) 或 ddH<sub>2</sub>O，用移液器轻轻反复吹打，使磁珠和溶液充分混合均匀，室温静置 3-5 min。将 PCR 管置于磁力架上至溶液变得澄清，将 20  $\mu$ l 上清液转移到新的 EP 管中。

注：此处样品长期保存置于 -20°C，避免不必要的反复冻融。

### D 文库质控/Library Quality Control

通常情况下，构建好的文库可通过长度分布检测和浓度检测来进行质量评价。

#### 附一：双轮磁珠分选

1. 为了满足不同应用的需要，建库过程中通常需要进行双轮磁珠分选以控制文库 *Insert Size* 的分布范围。分选方案执行位置的选择和优缺点参见表 3。应保证分选方案执行位置的唯一性，进行两次或者两次以上的分选会导致文库复杂度和产出严重下降。

表 3 分选方案执行位置选择

分选方案执行位置	适用情况	优点	缺点
<i>Adapter Ligation</i> 之后	<i>Input DNA</i> 分布范围合适且量充足 <sup>b</sup>	减少短片段 <i>DNA</i> 丢失	不能准确评价文库分布范围 <sup>a</sup>
<i>Library Amplification</i> 之后	<i>Input DNA</i> 量少 <sup>b</sup>	减少建库过程中 <i>Input DNA</i> 的损失，提高文库复杂度	文库分布范围略宽

a. 双轮磁珠分选效果受 *DNA* 末端情况影响，*Input DNA* 末端的单链部分以及“Y”型 *Adapter* 的单链非互补区域会导致分选产物长度分布范围变宽。

b. 推荐当 *Input DNA* 量  $\geq 100$  ng 时，选择在 *Adapter Ligation* 之后进行分选；当 *Input DNA* 量  $< 100$  ng 或样品拷贝数有限时，将分选置于 *Library Amplification* 之后。

2. 双轮磁珠分选是通过控制磁珠的使用量来进行 *DNA* 长度选择的。其基本原理为：第一轮磁珠结合分子量较大的 *DNA*，通过丢弃磁珠去除这部分产物；第二轮磁珠结合剩余产物中分子量较大的 *DNA*，通过丢弃上清去除分子量较小的 *DNA*。初始样品中的很多组分都会干扰双轮磁珠分选效果。因此，当分选方案执行位置不同时，双轮磁珠使用量也不尽相同。可根据预期文库 *Insert Size* 和分选方案执行位置在表 4 中选择最适分选参数。

表 4 文库长度分选

分选方案执行位置与条件	磁珠轮数	预期文库大小 (bp)				
		150	200	250	300	350
接头连接之后分选 (样品体积 100 $\mu$ l)	一轮 X $\mu$ l	78	68	65	59	56
	二轮 Y $\mu$ l	20	20	15	15	12
文库扩增之后分选 (样品体积补至 100 $\mu$ l)	一轮 X $\mu$ l	78	70	63	55	50
	二轮 Y $\mu$ l	20	20	20	20	20

3. 当使用非完整长度 *Adapter* 时，连接之后的分选方案执行条件与完整 *Adapter* 不同，此时可根据下表选择最适分选参数。

分选方案执行位置与条件	磁珠轮数	预期文库大小 (bp)				
		150	200	250	300	350
接头连接之后分选 (样品体积 100 $\mu$ l)	一轮 X $\mu$ l	100	90	75	65	60
	二轮 Y $\mu$ l	20	20	20	20	20

使用磁珠进行长度分选时，*Insert Size* 越大最终产物分布越宽。

样品和磁珠的体积比对于分选效果至关重要，应尽可能保持样本初始体积和移液体积的准确性。

#### 4. 样品预处理

如在 *Adapter Ligation* 产物纯化之后进行长度分选，样品体积应为 100  $\mu$ l，不足时使用 ddH<sub>2</sub>O 补齐；如在 *Library Amplification* 之后进行长度分选，样品体积应为 100  $\mu$ l，不足时使用

ddH<sub>2</sub>O补齐；如不对样品进行体积预处理，也可按样品实际体积等比例调整磁珠用量。但样品体积太小会导致移液误差增大，进而影响分选的准确性。因此，不推荐对体积<50 μl的样品直接进行分选。

#### 5. 分选方案[参考表4确定X和Y的值]

5.1. 磁珠平衡至室温后，涡旋振荡混匀GDSPure DNA Selection Magbeads。

5.2. 吸取X μl GDSPure DNA Selection Magbeads至上述100 μl产物中，使用移液器轻轻吹打10次充分混匀，室温静置5min。

5.3. 将PCR管短暂离心并置于磁力架中分离磁珠和液体。待溶液澄清后(约5 min)，小心转移上清至新PCR管中，丢弃磁珠。

5.4. 吸取Y μl GDSPure DNA Selection Magbeads至上清中，用移液器轻轻吹打10次充分混匀。室温孵育5 min。

5.5. 将PCR管短暂离心并置于磁力架中分离磁珠和液体。待溶液澄清后(约5 min)，小心移除上清。

5.6. 保持PCR管在磁力架上，加入 200 μl 80%新鲜配制的乙醇溶液，请勿吹打磁珠。室温静置30 sec，用移液器吸去上清，弃上清。

5.7. 重复步骤 5.6 一次。最后一次洗涤完成时应尽量吸取干净洗涤液。

5.8. 保持PCR管在磁力架上，自然风干至磁珠表面无明显光泽。

注意：该步骤应避免磁珠干燥过度而影响洗脱效率，磁珠表面有裂痕即代表干燥过度。

5.9. 将PCR管从磁力架上取下，进行洗脱：向管中加入22.5 μl洗脱缓冲液（10mM Tris-HCl, pH8.0-8.5）或ddH<sub>2</sub>O，用移液器轻轻反复吹打，使磁珠和溶液充分混合均匀，室温静置 3-5 min。将PCR管置于磁力架上至溶液变得澄清，将20 ul上清液转移到新的EP管中。

图1 K016建库流程图

