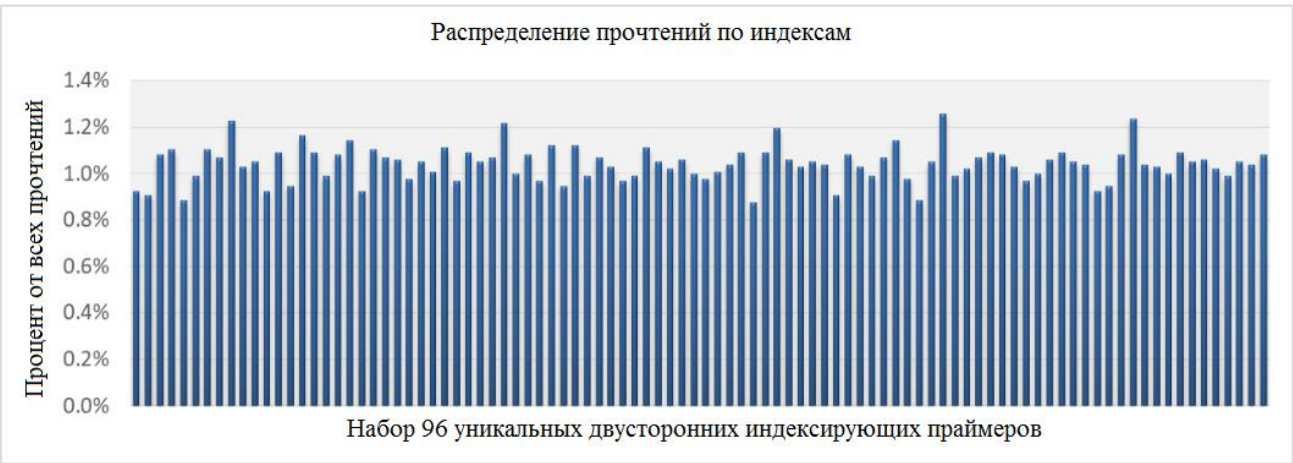
Набор **Multiplexing Unique Dual Index Primers** содержит смесь праймеров для мультиплексирования библиотек для секвенирования на платформе Illumina. Мультиплексирование NGS-библиотек позволяет загружать множество образцов на проточную ячейку, что снижает стоимость секвенирования.

Разработана эффективная система, позволяющая создавать индексы, последовательности которых отличаются минимум в 4 точках при длине в 8 нуклеотидов. Уникальные двусторонние индексирующие праймеры позволяют избежать такие часто встречающиеся проблемы при секвенировании как: «прыжки» индексов, кросс-контаминация индексов, неправильное распознавание индекса при прочтении, ошибки амплификации и ошибки демультиплексирования. Набор праймеров состоит из премиксов 96 уникальных пар индексирующих праймеров i5 и i7 в 96-ти луночном планшете.

Информация по индексам для загрузки

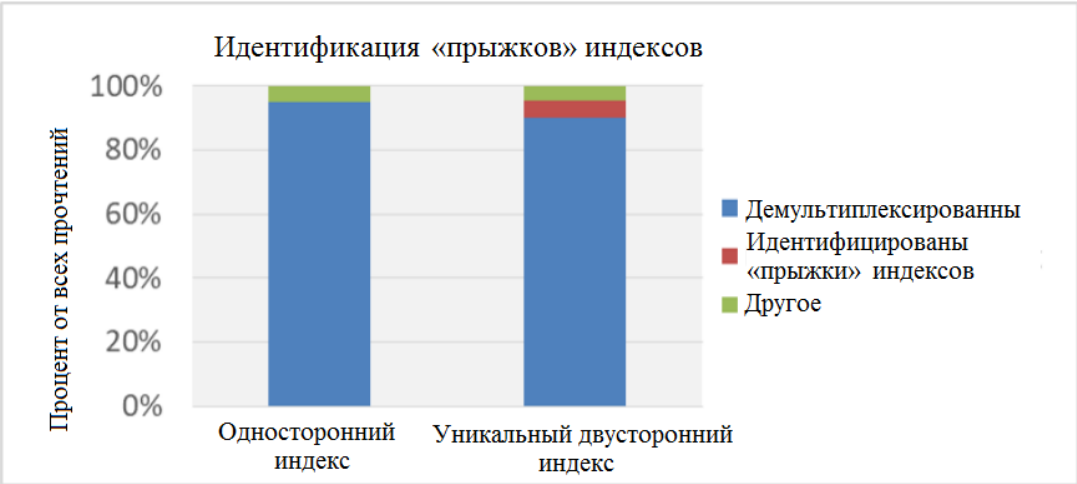
Характеристики:

- Улучшенная идентификация образцов с системой различий индексов в 4 точках
- Последовательность каждого индекса отличается от другой как минимум по 4 точкам
- Различие в 4 точках повышает специфичность по сравнению с другими производителями, для которых различия составляют только в 3 точках
- Повышенная производительность мультиплексирования
- Премиксы 96 уникальных пар индексов i5 и i7
- Минимальное количество ошибок секвенирования таких как:
- «Прыжки» индексов
- Кросс-контаминация индексов
- Неправильное распознавание индексов при прочтении
- Ошибки амплификации
- Ошибки демультиплексирования



Выравнивание распределения 96 образцов с помощью двусторонних индексирующих праймеров.

96 библиотек были приготовлены с использованием наборов BioDynami **NGS DNA Library Prep** (Cat. # 30009) и BioDynami **Multiplexing Unique Dual Index Primers** (Cat. # 30075). Библиотеки были объединены в общий пул в равных концентрациях и просеквенированы на Illumina HiSeq 4000. Были проанализированы прочтения с 96 библиотек.



Идентификация «прыжков» индексов с помощью уникальных двусторонних индексов.

96 библиотек были приготовлены с использованием наборов BioDynami **NGS DNA Library Prep** (Cat. # 30009) и **BioDynami Multiplexing Unique Dual Index Primers** (Cat. # 30075). Библиотеки были объединены в общий пул в равных концентрациях и просеквенированы на Illumina HiSeq 4000. Прочтения всех библиотек были демультиплексированны и проанализированы.

- Демультиплексированны: правильно распознаны комбинации пар i5 и i7
- Идентифицированы «прыжки» индексов: правильное распознавание баркодов, но неверные комбинации i5 и i7
- Другое: не соответствует предыдущим категориям

Последовательность готовой проиндексированной библиотеки с указанием позиции индекса:

```
5′AATGATACGGCGACCACCGAGATCTACACNNNNNNNNACACTCTTTCCCTACACGACGCTCTTCCGATCT-insert-
3′TTACTATGCCGCTGGTGGCTCTAGATGTGNNNNNNNNTGTGAGAAAGGGATGTGCTGCGAGAAGGCTAGA-insert-

-insert-AGATCGGAAGAGCACACGTCTGAACTCCAGTCACNNNNNNNNNATCTCGTATGCCGTCTTCTGCTTG 3′
-insert-TCTAGCCTTCTCGTGTGCAGACTTGAGGTCAGTGNNNNNNNNNTAGAGCATACGGCAGAAGACGAAC 5′
```

где NNNNNNN – это последовательность индекса i5 в направлении от 5’конца к 3’ концу; NNNNNNN – это последовательность индекса i7 в направлении от 5’конца к 3’ концу.

Более подробная информация на сайте производителя