

# MultipSeq<sup>®</sup>

## 多重扩增子测序技术及产品定制





# 公司简介

## COMPANY PROFILE

艾吉泰康是一家专注于靶基因“读”和“写”技术解决方案开发与供应的中国高新技术企业，拥有具备自主核心知识产权的 NGS 探针杂交、多重 PCR、高通量 DNA 合成三大底层技术平台。艾吉泰康已通过 ISO 13485 和 ISO 9001 等多项合规化生产质量管理体系认证，配套约 2500 m<sup>2</sup> 的 GMP 生产车间和检验实验室，为医疗健康、农业、微生物、学术研究等领域提供基因捕获产品的定制开发、NGS IVD 产品的 CDMO 服务、靶向测序实验室解决方案供应、NGS 测序速检服务及大规模 DNA 合成服务。

艾吉泰康致力于成为基因检测企业、医院精准医学中心、科研机构、合成生物学企业及药物研发机构的优秀合作伙伴，打造领先的基因行业新引擎。艾吉泰康已为中国近千家客户提供了上百种预制化的基因捕获产品和高性能试剂组分、超过 1500 种高标准个性化定制的基因捕获产品，并为数十个 NGS IVD 在途或在报产品提供了核心原材料。

# 目 录

## CONTENTS

个性化定制捕获试剂盒	02
MultipSeq® 多重扩增子测序技术	03
MultipSeq® 多重扩增子定制开发流程	04
技术背景	04
引物设计和质控	04
文库构建与性能优化	04
Panel 交付	04
MultipSeq® 多重扩增子定制产品特点及优势	05
产品特点	05
文库构建成功率高	05
位点覆盖率高	05
数据均一性高	07
检测结果准确度高	07
MultipSeq® 多重扩增子定制产品应用方向	08
生产平台介绍	10
产品平台介绍	10
累计的项目经验	10
服务流程	11
定制服务流程	11
CDMO 服务	11
技术支持和售后服务	11
MultipSeq® 文章精选	12
附录 MultipSeq® 预定义检测试剂盒	13



## 个性化定制捕获试剂盒

### 产品介绍

艾吉泰康基于自主知识产权的 TargetSeq® 杂交捕获测序技术、MultipSeq® 多重扩增子测序技术、BisCap® 甲基化捕获测序技术和 AnchorSeq™ 锚定多重扩增子测序技术，可为生物医药公司、临检所、各级高校、医院、研究所等客户提供个性化定制捕获测序方案。艾吉泰康可提供 Panel 设计、探针 / 引物合成、定制试剂盒性能测试、完整的配套试剂盒、定制捕获产品测序服务等的一站式解决方案。

截止到 2022 年 8 月，艾吉泰康定制开发的杂交捕获测序 Panel 达到 1000+，定制开发的多重扩增子测序 Panel 达到 600+，定制开发的甲基化捕获测序 Panel 达到 50+。同时，艾吉泰康是国内首款全外显子测序试剂盒的开发者，并参与制定国家标准《目标基因区域捕获质量评价通则（GB/T 37872-2019）》。

未来，艾吉泰康将继续秉承诚信、高效、包容、担当的企业精神，精益求精，思行创新，为客户提供专业可靠，高性价比的基因捕获测序定制产品和服务。

### 产品应用



# MultipSeq® 多重扩增子测序技术

## 技术介绍

艾吉泰康 MultipSeq® 多重扩增子测序技术是一种将多重 PCR 反应与二代测序相结合的靶向捕获测序技术，基于热力学稳定性算法进行全基因组水平的特异性引物设计，结合艾吉泰康完善的 panel 优化流程，能快速高效实现目标区域的富集和测序，完成目标区域序列的检测。

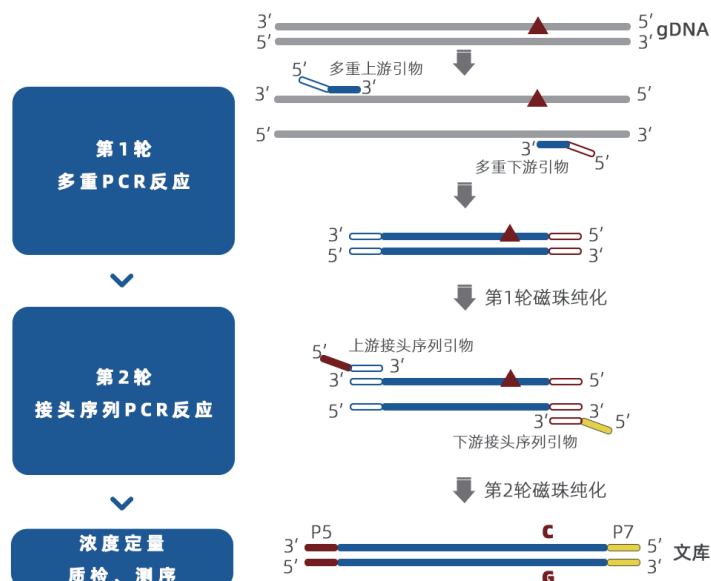
## 特点与优势

技术环节	技术细节	特点与优势
引物设计	目标物种	人、小鼠、大鼠、水稻、细菌和新冠病毒等已知基因组序列的物种
	目标区域	通常少于 1 Mb
	检测突变类型	SNV、SNP、InDel (低于 50 bp)，已知融合位点等
	引物设计软件	自主知识产权，行业专家认证，11 年引物设计沉淀，近千个多重 Panel 设计经验
	多重引物	单管可以达到 5000 重，覆盖率高、特异性高、均一性高、二聚体少
	多重 PCR 产物	产物长度范围通常为 160~260 bp，可根据 gDNA 或 cfDNA 质量和测序读长灵活设计
文库构建	模板量	gDNA 起始量低至 100 pg
	扩增体系	在产物 GC 含量 20%~80% 的范围内具备良好扩增，保证扩增的覆盖率和均一性
	实验操作	两轮 PCR 反应，两轮磁珠纯化，无需磁珠分选，操作简便高效
	通量与周期	手工 5 h 内完成 48 个文库构建；适配自动化工作站，每天实现 5000 个文库构建
测序与数据分析	测序平台	适配 Illumina 和 MGI 测序平台
	数据统计指标	比对率高于 90%，覆盖率高高于 99%，均一性高于 96%*
	检测效果	实现 1% 以上突变频率的准确检测，重复性好

\* 部分高 GC 区域或重复区域可能影响统计指标。

## 技术路线

艾吉泰康 MultipSeq® 多重扩增子测序技术采用多重 PCR 反应技术，同时对多个目标区域进行扩增，得到扩增子产物，经过第 1 轮磁珠纯化后，进行接头 PCR 反应，将二代测序的接头序列引入到扩增子产物两侧，得到扩增子文库，经过第 2 轮磁珠纯化，对文库进行定量，质检和上机测序，最后通过生信分析，确定目标区域的碱基序列是否发生突变。



## MultipSeq® 多重扩增子定制开发流程

试剂盒定制开发流程主要包括根据目标位点进行引物设计、文库构建与性能优化以及 panel 交付这三个环节。艾吉泰康在设计及合成引物之外，针对建库成功率、覆盖度、均一性及检出准确性等指标提供引物测试及优化服务，并且可以针对客户样本类型提供专属优化服务。

### 技术背景

艾吉泰康联合创始人屈武斌为国际知名引物和探针设计专家，长期致力于寡核苷酸分子杂交特性的理论建模，PCR 引物及探针特异性与敏感性的分析与预测。曾主持国家自然科学基金项目《多重 PCR 体系的计算机仿真》，发表了多篇该领域内的相关 SCI 论文，影响因子累计超过 50，领衔发表了高通量引物设计专著《PCR Primer Design》（第二版、第三版），公开发表的 PCR 引物设计与评估软件 MFEprimer 已在全球几百家机构中广泛使用。



### 引物设计和质控

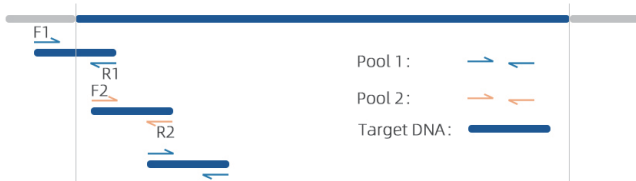
艾吉泰康采用自主知识产权的 AIdesign 引物 / 探针设计软件 (<https://design.igenetech.com/>) 和 MFEprimer 引物设计和质控软件 (<https://mfepimer3.igenetech.com/>)，对客户提供的目标区域进行引物设计。根据目标区域类型，分为分管和单管两种设计方式。

04

#### 单管设计策略

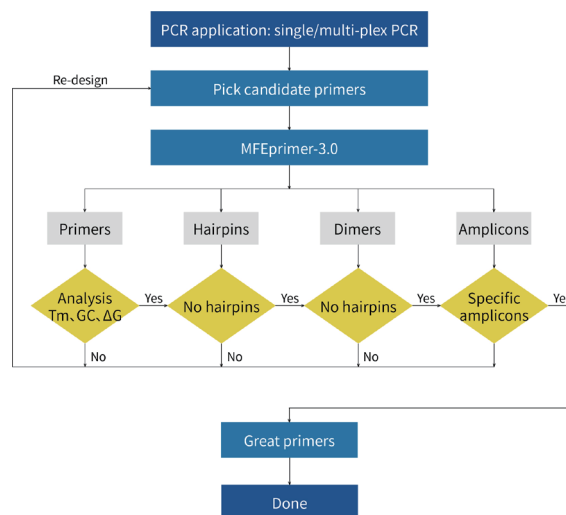


#### 分管设计策略



#### 专业软件引物质控

引物初步设计后，会通过 MFEprimer 引物质控软件对引物进行标准流程的质控，主要对引物的 Tm 值、GC 含量、发夹结构、引物二聚体以及非特异扩增等方面进行评分，在实验前即可对引物的扩增效果初步评估。



### 文库构建与性能优化

在完成多重引物合成和制备后，艾吉泰康使用 1 例标准品 DNA 和 3 例测试样本 gDNA 进行文库构建和测序分析，以实测数据为基础，对定制试剂盒的关键指标（文库浓度、质检峰图、覆盖率和均一性等）进行优化，达到要求后进行交付。

### Panel 交付

当定制产品构建文库的浓度、质检峰图、测序指标达到研发要求时，定制产品可以交付给客户使用，分为试剂盒交付与提供服务两种方式。

## MultipSeq® 多重扩增子定制产品特点及优势

### 产品特点

- 文库构建成功率高：降低客户重构样本的风险和成本；
- 位点覆盖率高：降低客户使用其他技术进行补点的风险和成本；
- 数据均一性高：减少测序数据量，降低单个样本的测序费用；
- 检出结果准确度高：降低假阳性或假阴性结果的概率。

### 文库构建成功率高

在 Panel 优化阶段，以内部标准 gDNA 为测试样本，以不同起始量构建文库，要求 40 ng 起始量所构文库浓度高于 10 ng/μL，并确保不同起始量所构文库的测序数据指标基本一致（表 1）。艾吉泰康也可以根据客户的应用需求，进行特定范围起始量的测试和评估，确保指定起始量所构文库满足后续上机需求。

客户使用上述性能的试剂盒进行大样本量文库构建时，无需对 gDNA 的浓度进行均一化处理，在投入相同体积，gDNA 起始量高于 5 ng 的情况下，文库浓度均满足上机要求，最大程度保证文库构建的成功率。

05

表 1. 10~200 ng 起始量所构文库的浓度和测序数据指标（180 重引物）

文库编号	gDNA 起始量 (ng)	文库浓度 (ng/μL)	原始数据 (Mb)	比对率 <sup>1</sup> (%)	捕获率 <sup>2</sup> (%)	平均测序深度	1X 覆盖率 (%)	均一性 <sup>3</sup> (%)
A01	10	5.30	19.70	99.35	81.50	682.25	100	99.82
A02	40	11.50	20.72	99.37	80.97	721.38	100	99.95
A03	100	25.80	20.61	99.42	82.37	729.26	100	99.79
A04	200	45.90	22.10	99.46	86.96	810.29	100	99.76

1 比对率：Clean data 比对到参考基因组上的数据占比；

2 捕获率：比对到目标区域的 Read 数与比对到参考基因组上 Read 数的比例；

3 均一性：目标区域内，测序深度达到平均测序深度的 20% 区域占目标区域的比例。

### 位点覆盖率高

多重扩增子测序技术在实际应用中，由于参考基因组本身的特殊性质，极个别位点会出现难覆盖的情况，主要原因分为以下 4 种，艾吉泰康凭借优秀的引物设计方案以及多年 panel 优化经验，总结出相应的策略进行解决，提高位点覆盖率。

#### 一、针对引物扩增失败的优化方案

分析实测数据中目标位点的测序深度可以快速判断该位点引物的扩增效率。当发现同一目标位点在多个样本中的测序深度均接近 0 时，表明该位点的引物扩增效果差。我们会免费设计新引物进行原有引物的替换和测试，解决位点未覆盖的问题。

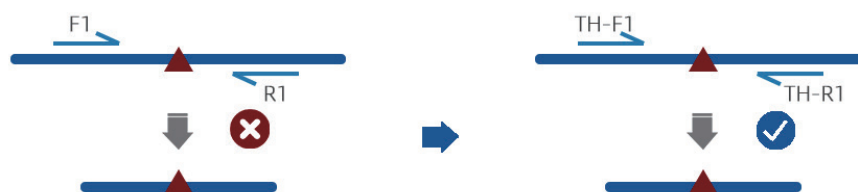


图 1. 目标位点引物不工作和引物更换的示意图

## 二、针对样本偏好性问题的优化方案

样本偏好性问题指同一个目标位点在不同样本中的测序深度存在差异。如图 2 所示，目标位点 chr19 17955043 在 4 号样本中的测序深度为 0，在其他 4 个样本中的测序深度正常。引发样本偏好性的原因可能是个别样本中引物退火结合的 DNA 序列存在多态性或者突变，导致引物结合效率降低，引发脱靶，最终导致目标位点的测序深度接近 0。针对该问题，艾吉泰康在优化阶段，采用 4 个样本进行文库构建和测序，筛选出偏好性的位点，免费设计引物进行更换和验证，解决样本偏好性问题。

Sample	优化前 Depth(x)	优化后 Depth(x)
样本 1	690.07	1480.12
样本 2	1377.26	1792.96
样本 3	1010.09	1287.92
样本 4	0	1223.60
样本 5	786.34	1572.68

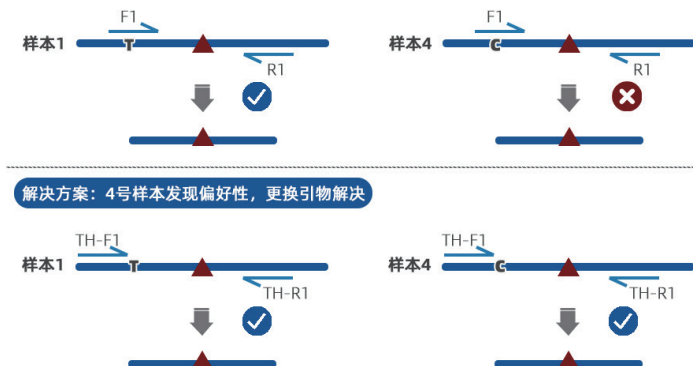


图 2. 样本偏好性和引物更换的示意图

## 三、针对难测序区域的优化方案

包含 poly 碱基序列等特殊序列结构的扩增产物在 Illumina 平台测序时，可能会在上述区域出现测序质量很差的情况。在后续的生信分析过程中，上述区域由于测序质量值很差被过滤和截掉，导致该区域的测序深度接近 0。针对该问题，艾吉泰康会免费设计特殊的引物来解决该问题，成功率为 80% 左右。

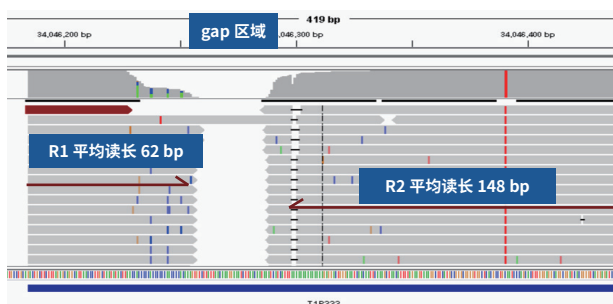


图 3. 测序 reads 截短的示意图

## 四、针对其他问题导致的未覆盖区域优化方案

由于多重 PCR 反应的复杂性，某些重要位点经过反复多次优化后可能仍然无法被覆盖。在这种情况下，可以考虑将未覆盖位点的引物挑选出来，组成 1 个新的反应管进行扩增，然后将扩增产物与原有扩增产物进行合并，进行文库构建和测序。采用这种策略，能有效解决位点未覆盖的问题，但是会增加客户后续实验操作的复杂性。因此，这种方法一般只应用于必须要检出的目标位点。

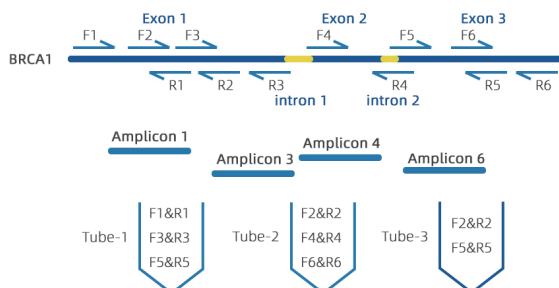


图 4. 难扩增位点组成 T3 管进行扩增



## 数据均一性高

文库数据均一性高的基础是所有扩增产物得到均衡扩增。在优化环节，艾吉泰康主要通过以下两种策略来达到均衡扩增的目标。

### 策略一 均衡的反应体系

艾吉泰康多重反应体系均衡扩增能力更强，比起竞品，对模板中 GC 含量在 20% ~ 80% 范围内都可以实现有效扩增。

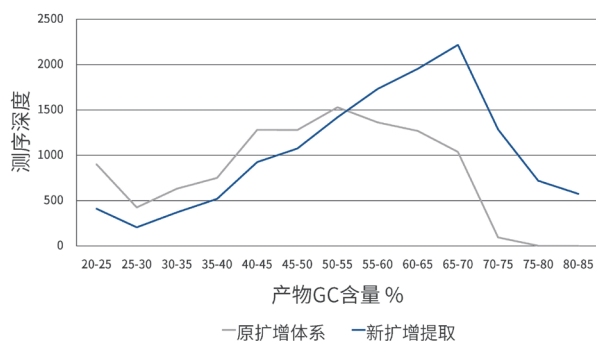


图 5. 1000 重 Panel 扩增产物 GC 含量与测序深度的关系图

### 策略二 深度学习算法，调整引物浓度

根据实测数据中每个扩增产物的测序深度，使用深度学习的算法，得到每对引物的调整量，然后重新制备引物，进行文库构建和测序，分析扩增产物测序深度的变化，评估引物用量优化的效果，直到文库均一性的指标达到交付要求。

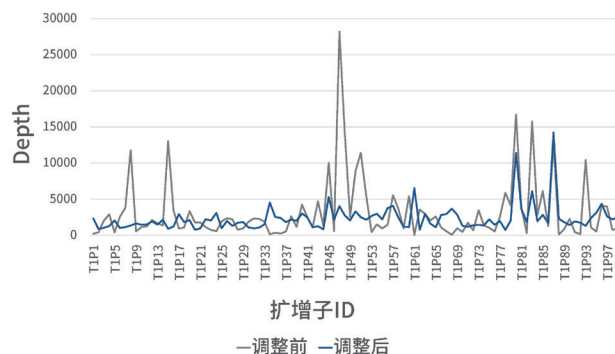


图 6. 目标位点测序深度均一性优化实测数据

## 检测结果准确度高

多重扩增子测序产品的最终目标是实现目标区域序列碱基的准确测序，判断是否发生突变，进而给出可靠的检测结果指导下游应用。因此，检测结果的准确性至关重要。

为了评估艾吉泰康多重扩增子产品检出结果的准确性和精确性，我们使用 MultipSeq® BRCA1/2 Research Assay (for Illumina) 对 Horizon 的标准品（货号 HD795，13 个已经突变位点，突变频率范围为 7.5-100%）进行文库构建和测序，数据结果显示，艾吉泰康的试剂盒检出率为 100%，并且每个位点检出的突变频率与理论突变频率高度一致（表 2），结果准确。

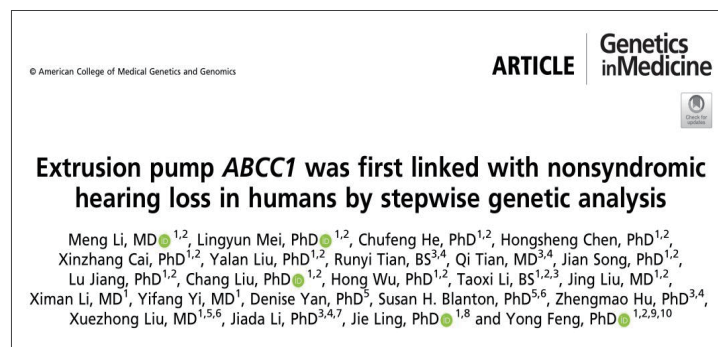
表 2. 艾吉泰康 MultipSeq® BRCA1/2 Research Assay (for Illumina) 对 Horizon 标准品（HD795）的突变检出率为 100%，且检出频率基本与实际频率一致。

Chromosome	Genomic Coordinates	Gene	Variant	Expected Allelic Frequency, %	Observed by ddPCR, %	Observed by BRCA1/2 Panel (iGeneTech), %
chr17	41223094	BRCA1	S1613G	7.5	7.6	7.6±0.9
chr17	41244000	BRCA1	K1183R	7.5	7.4	8.0±0.8
chr17	41245090	BRCA1	K820E	7.5	7.1	7.9±0.5
chr17	41234451	BRCA1	R1443STOP	32.5	32.5	35.6±2.4
chr17	41246245	BRCA1	D435Y	7.5	7.6	6.9±0.4
chr17	41244936	BRCA1	P871L	15.0	14.9	15.8±0.9
chr13	32906480	BRCA2	N289H	7.5	6.9	5.5±1.0
chr13	32929387	BRCA2	V2466A	100	100	99.5±0.1
chr13	32911463	BRCA2	N991D	7.5	7.4	7.2±0.3
chr13	32913558	BRCA2	K1691fs	32.5	32.7	32.8±0.9
chr13	32913836	BRCA2	N1784fs	40.0	39.3	40.8±0.6
chr13	32912750	BRCA2	D1420Y	32.5	32.7	35.1±1.8
chr13	32937354	BRCA2	I2675fs	10.0	10.4	9.9±0.7

## MultipSeq® 多重扩增子定制产品应用方向

### 精准医学

艾吉泰康 MultipSeq® 多重扩增子技术在精准医学领域耕耘多年，致力于多重扩增子产品在肿瘤研究、遗传筛查、健康监测、用药筛选、免疫等方面的转化与应用，结合全外显子测序产品，为科研助力。



2019年湖南大学湘雅医院的研究人员，发表在《Genetics in Medicine》杂志的一篇文章，报道了一个新的引发耳聋的基因突变 *ABCC1*:C.1769A>G (p.Asn590Ser)。作者利用全外显子测序，在一个家系中发现了这个突变，并利用艾吉泰康 MultipSeq® 多重扩增子测序在大样本人群中进行验证，然后利用生理和分子实验证实该基因的生理功能和机理。

08

Li M, Mei L, et al. Extrusion pump *ABCC1* was first linked with nonsyndromic hearing loss in humans by stepwise genetic analysis. *Genet Med.* 2019 Dec;21(12):2744-2754. doi: 10.1038/s41436-019-0594-y. Epub 2019 Jul 5. PMID: 31273342.

### 病原微生物鉴定

艾吉泰康® 新冠全长多重捕获试剂盒获得欧洲 CE 认证

随着二代测序技术的出现与成熟，病原微生物分型、耐药基因鉴定乃至全长捕获已经成为病原菌研究的重要分支，在病毒监测、溯源、进化分析、疫苗开发和抗病毒用药指导等方面发挥着重要作用。艾吉泰康 MultipSeq® 多重扩增子测序技术通过设计微生物耐药性基因特异性引物，针对目标区域进行高深度测序，与微生物全基因组/宏基因组测序相比，从根源上去除了非目标区域的数据，极大的提高了数据利用率，减小了生信分析的负担。与此同时，我们还可以将客户感兴趣的其他区域进行组合，如微生物鉴定、分型、溯源、进化分析、毒力因子检测等，一个 Panel 解决客户多样化的需求。



## 大众消费基因检测



大众消费基因检测主要围绕祖源分析及易感基因检测，其中与健康预防相关的易感基因检测在中国市场占据主导地位。艾吉泰康已经与国内外多个基因检测企业合作，累计开发数十个 panel，为大众消费基因检测保驾护航。

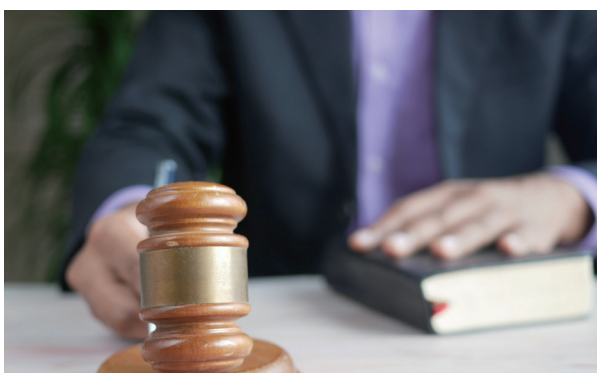
## 动植物分子育种

艾吉泰康 MultipSeq® 多重扩增子测序技术，基于热力学模型进行引物设计，对植物基因组中编码的外显子序列进行覆盖，通过靶向捕获测序的方法简化目标作物基因组序列，极大的减少了冗余序列，并且降低了复杂植物研究对测序数据量的需求，因而可以更加精准和快速的进行品系鉴定、优势性状筛选、群体遗传性分析、种质亲缘关系分析等。



09

## 法医个体识别与亲缘关系鉴定



生物样本在基因水平上均存在身份特征性的碱基序列信息，如 SNP 位点，STR 或者一段特异性序列。生物样本鉴定当前主要技术方法是：采用 PCR，质谱，分子杂交，基因芯片等手段获取待测样本中的目标序列，与样本身份特征性的碱基序列进行比对，实现样本的高准确度身份鉴定。多重扩增子测序技术将多重 PCR 覆盖位点多、操作方便、快速、经济、通量高、对 gDNA 起始量低的实验优势与二代测序定量分析目标序列基因型和频率的优点结合，逐渐成为样本身份鉴定的新方向，并在实际的应用中效果显著。

截至目前，艾吉泰康与国内多家法医研究单位、院校和公司合作，累计开发超 30 款应用于法医 DNA 分子标记检测的多重扩增子测序试剂盒，性能指标达到行业领先水平。



## 生产平台介绍

### 生产平台介绍

艾吉泰康于距离上海仅 50 公里的嘉兴市建立华东生产基地，总面积达 2500 平方米，共投资 4000 余万元。

生产基地严格遵循高要求的建设标准，并且通过了 ISO13485 和 ISO9001 质量管理体系认证。同时，基地设有基因检测试剂盒生产厂房、十万级洁净车间、局部万级洁净车间，按照 GMP 体外诊断试剂生产工艺建造。并参考医疗机构临床基因扩增检验实验室设置标准、结合最新的临床基因高通量测序检测实验室设置专家共识，建造了基因检测科技服务实验室。华东生产基地与北京总部充分利用南北经济中心优质资源，为全国客户提供更为专业优质的服务。



10

### 累计的项目经验

艾吉泰康产品及服务已覆盖我国的 33 个省、直辖市、自治区及特别行政区，并为海内外数百家测序企业、数千名医生和科研工作者提供优质、高效、集约的基因检测一站式解决方案。

依托核心知识产权的 TargetSeq® 杂交捕获测序技术和 MultipSeq® 多重扩增子测序技术，艾吉泰康团队及成员累计发文 100+，累计影响因子 300+。联合创始人屈武斌领衔发表引物设计专著《PCR Primer Design》（第二版、第三版），其公开发表的设计软件已在全球几百家机构中广泛使用。

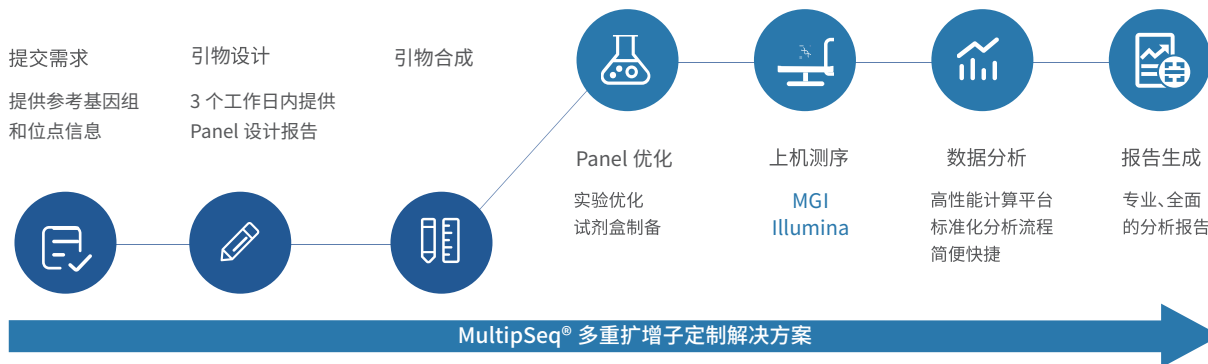
截止 2022 年 6 月，艾吉泰康定制试剂盒 1500 多种，其中杂交捕获测序定制试剂盒达 800+，多重扩增子测序定制试剂盒达 600+，总计生产 200w+ 例样本的检测试剂盒，拥有 15w+ 例提取和 25w+ 例样本杂交捕获测序经验，试剂盒与组分供应近千家检测中心和临床中心。



## 服务流程

### 定制流程

艾吉泰康 MultipSeq® 多重扩增子测序技术开展定制产品的业务已有 6 年，定制流程成熟，开发经验丰富，共开发定制产品 1000 余项，涉及遗传，肿瘤，免疫，微生物，法医，动植物育种等多个领域。客户定制产品的周期为 25-35 个工作日，开发流程如下图所示：



### CDMO 服务

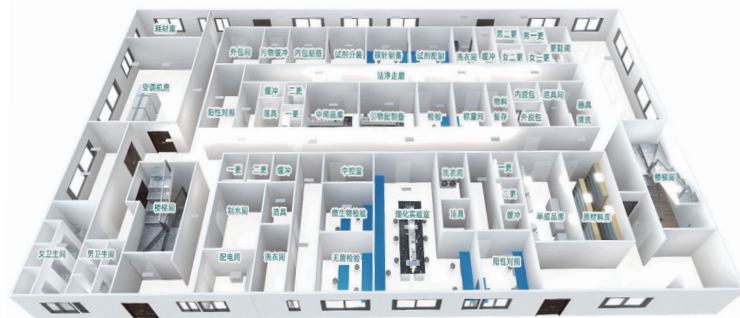


图 7. 艾吉泰康 GMP 体外诊断试剂生产车间鸟瞰图

艾吉泰康可为客户提供适用于临床诊断的 IVD 产品的核心原材料。艾吉泰康已为中国近千家客户提供了上百种预制化的基因捕获产品和高性能试剂组分、超过 1500 种高标准个性化定制的基因捕获产品，并为数十个 NGS IVD 在途或在报产品提供了核心原材料。

### 艾吉泰康 NGS IVD 产品 CDMO 服务的优势

**拿证时间**  
减少 1~2 年

**成本**  
降低 30%

**交付能力**  
增加 100%

### 技术支持和售后服务

- 系统技术培训：提供现场或在线的技术说明、全流程技术指导、实验室管理系统培训课程等。
- 专业驻场支持：资深技术工程师提供现场生产及管理指导，一方面提供现场操作指导，同时参与起始投产流程，以保障实验室顺利运行。
- 售后承诺：艾吉泰康® 承诺应用支持 24 h 内响应客户问题，提供专业指导。

**MultipSeq® 文章精选**

1. Li M, Mei L, et al. Extrusion pump ABCC1 was first linked with nonsyndromic hearing loss in humans by stepwise genetic analysis. *Genet Med*. 2019 Dec;21(12):2744-2754. doi: 10.1038/s41436-019-0594-y. Epub 2019 Jul 5. PMID: 31273342.
2. Du J, Yu S, et al. Germline and somatic mtDNA mutation spectrum of rheumatoid arthritis patients in the Taizhou area, China. *Rheumatology (Oxford)*. 2020 Oct 1;59(10):2982-2991. doi: 10.1093/rheumatology/keaa063. PMID: 32159782.
3. Ji L, Liao T, et al. Deep sequencing shows that accumulation of potentially pathogenic mtDNA mutations rather than mtDNA copy numbers may be associated with early embryonic loss. *J Assist Reprod Genet*. 2020 Sep;37(9):2181-2188. doi: 10.1007/s10815-020-01893-5. Epub 2020 Jul 23. PMID: 32700162; PMCID: PMC7492355.
4. Jia Y, Liu R, et al. Associations of the Glycaemic Control of Diabetes with Dementia and Physical Function in Rural-Dwelling Older Chinese Adults: A Population-Based Study. *Clin Interv Aging*. 2021 Aug 13;16:1503-1513. doi: 10.2147/CIA.S319633. PMID: 34413638; PMCID: PMC8370580.
5. Chen X, Qian W, et al. Authentication, characterization and contamination detection of cell lines, xenografts and organoids by barcode deep NGS sequencing. *NAR Genom Bioinform*. 2020 Aug 18;2(3):lqaa060. doi: 10.1093/nargab/lqaa060. PMID: 33575611; PMCID: PMC7671372.
6. Qu W., Li J., Cai H., Zhao D. (2022) PCR Primer Design for the Rapidly Evolving SARS-CoV-2 Genome. In: Basu C. (eds) PCR Primer Design. *Methods in Molecular Biology*, vol 2392. Humana, New York, NY. [https://doi.org/10.1007/978-1-0716-1799-1\\_14](https://doi.org/10.1007/978-1-0716-1799-1_14).
7. Wang, K. et al. MFEprimer-3.0: quality control for PCR primers. *Nucleic acids research* 47, W610–W613 (2019).
8. Zhao, C. et al. CRISPR-offinder: a CRISPR guide RNA design and off-target searching tool for user-defined protospacer adjacent motif. *International journal of biological sciences* 13, 1470 (2017).
9. Qu, W. & Zhang, C. Selecting specific PCR primers with MFEprimer. in *PCR Primer Design* 201–213 (Springer, 2015).
10. Qu, W. et al. MFEprimer-2.0: a fast thermodynamics-based program for checking PCR primer specificity. *Nucleic acids research* 40, W205–W208 (2012).
11. Zhou, Y. et al. VizPrimer: a web server for visualized PCR primer design based on known gene structure. *Bioinformatics* 27, 3432–3434 (2011).
12. Qu, W. et al. Reliability analysis of the Ahringer *Caenorhabditis elegans* RNAi feeding library: a guide for genome-wide screens. *BMC genomics* 12, 170 (2011).
13. Shen, Z. et al. MPprimer: a program for reliable multiplex PCR primer design. *BMC bioinformatics* 11, 143 (2010).
14. Qu, W., Shen, Z., Zhao, D., Yang, Y. & Zhang, C. MFEprimer: multiple factor evaluation of the specificity of PCR primers. *Bioinformatics* 25, 276–278 (2009).



## 附录 MultipSeq® 预定义检测试剂盒

## 肿瘤方向产品

产品名称	Panel 编号	规格	货号
MultipSeq® BRCA1/2 Research Assay (for Illumina)	A216V1	16 rxn	M62011
		96 rxn	M62012
		960 rxn	M62013

## 遗传方向产品

产品名称	Panel 编号	规格	货号
MultipSeq® Human Mitochondria Research Assay(for Illumina)	A102V1	16 rxn	M62101
		96 rxn	M62102
		960 rxn	M62103

## 微生物方向产品

产品名称	Panel 编号	规格	货号
MultipSeq® SARS-CoV-2 Research Assay (for Illumina)	A186XV6	16 rxn	M62111
		96 rxn	M62112
		960 rxn	M62113
MultipSeq® SARS-CoV-2 Research Assay (for MGI DI)	A186XV7	16 rxn	M62121
		96 rxn	M62122
		960 rxn	M62123

## 人类免疫组库产品

产品名称	Panel 编号	规格	货号
MultipSeq® Human TCR Research Assay (for Illumina)	A237V1TCR	16 rxn	M62021
		96 rxn	M62022
MultipSeq® Human TCR Research Assay (for MGI DI)	A237V2TCR	16 rxn	M62031
		96 rxn	M62032
MultipSeq® Human BCR Research Assay (for Illumina)	A237V1BCR	16 rxn	M62041
		96 rxn	M62042
MultipSeq® Human BCR Research Assay (for MGI DI)	A237V2BCR	16 rxn	M62051
		96 rxn	M62052
MultipSeq® Human TCR-β Research Assay (for Illumina)	A237V1TRB	16 rxn	M62061
		96 rxn	M62062
MultipSeq® Human TCR-β Research Assay (for MGI DI)	A237V2TRB	16 rxn	M62071
		96 rxn	M62072

## 非人类免疫组库产品

产品名称	Panel 编号	规格	货号
MultipSeq® Mouse TCR Research Assay (for Illumina)	A282V1TCR	16 rxn	M62131
		96 rxn	M62132
MultipSeq® Mouse TCR Research Assay (for MGI DI)	A282V2TCR	16 rxn	M62141
		96 rxn	M62142
MultipSeq® Mouse BCR Research Assay (for Illumina)	A282V1BCR	16 rxn	M62151
		96 rxn	M62152
MultipSeq® Mouse BCR Research Assay (for MGI DI)	A282V2BCR	16 rxn	M62161
		96 rxn	M62162
MultipSeq® Rat BCR Research Assay (for Illumina)	A281V1BCR	16 rxn	M62171
		96 rxn	M62172
MultipSeq® Rat BCR Research Assay (for MGI DI)	A281V2BCR	16 rxn	M62181
		96 rxn	M62182



## 创新型基因行业引擎

艾吉泰康生物科技（北京）有限公司

网址：[www.igenetech.com](http://www.igenetech.com)

邮箱：[sales@igenetech.com](mailto:sales@igenetech.com)

电话：010-89146623

公司总部：北京市昌平区中关村生命科学园生命园路8号院一区9号楼A座3层

嘉兴子公司：浙江省嘉兴市嘉善县大云镇宏业路371号2号楼

仅供研究使用，不可用于临床诊断。

版权声明：本手册版权属于艾吉泰康生物科技（北京）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、编辑或翻译成其他语言。本手册中所有商标或标识均属于艾吉泰康生物科技（北京）有限公司及其提供者所有。

文档号：PMM220801

官方微信

