



Bionano Prep DLS-G2-Protokoll

DOKUMENT-NUMMER:

CG-30553-2

DOKUMENTEN-REVISION:

E

DATUM DES INKRAFTTRETENS:

20/10/2025

Inhaltsverzeichnis

Revisionsverlauf	3
Überblick über Bionano Prep DLS-G2	4
VERFAHREN	4
Inhalt des Bionano Prep DLS-G2-Markierungskits und vom Anwender bereitzustellende Materialien	5
Einführung und wichtige Hinweise	7
EINFÜHRUNG	7
WICHTIGE HINWEISE	8
HANDHABUNG VON GENOMISCHER DNA	9
Bionano Prep DLS-G2-Protokoll	11
EINRICHTUNG	11
DLE-1-MARKIERUNG	11
DL-GRÜN-REINIGUNG	13
gDNA-FÄRBUNG UND -HOMOGENISIERUNG	15
QUANTIFIZIERUNG DER MARKIERTEN UND GEFÄRBTEN gDNA	16
BELADUNG DES SAPHYR-CHIPS	18
Technische Unterstützung	19
Rechtsvermerk	20
PATENTE	20
MARKEN	20

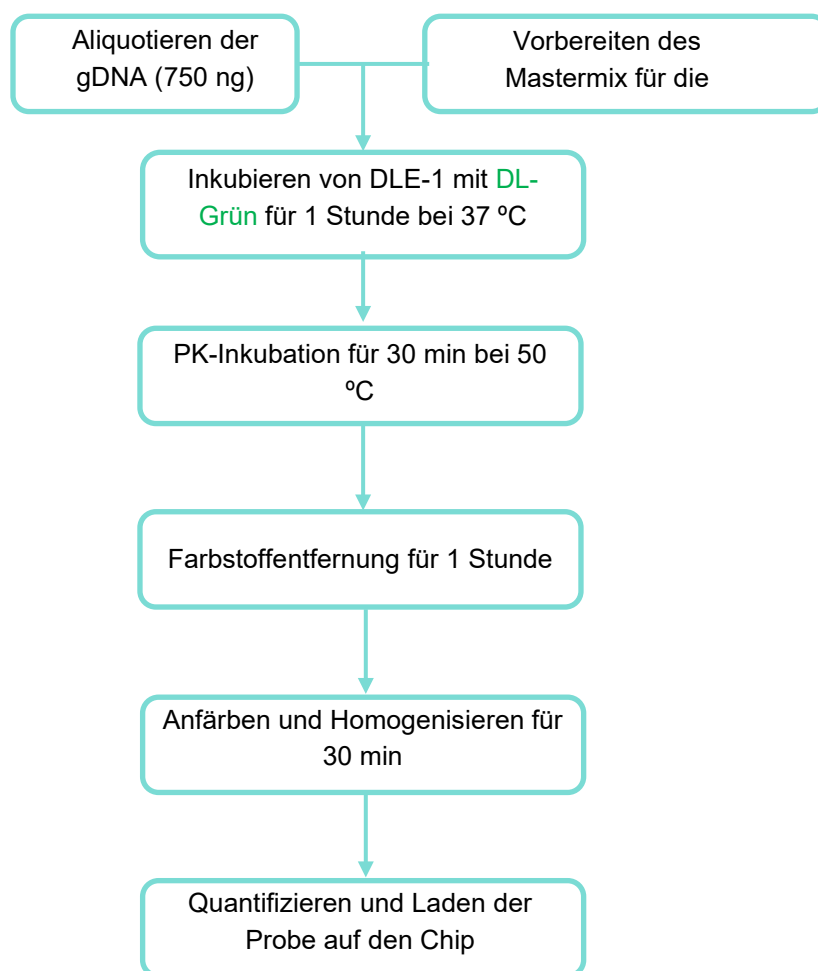
Revisionsverlauf

REVISION	ANMERKUNGEN
A	Erstveröffentlichung
B	Formulierungen in Schritt 9 und 10 zur Klarstellung aktualisiert
C	Abschnitte Leitfaden zur Fehlerbehebung/Häufig gestellte Fragen entfernt. Jetzt in einem eigenständigen Dokument enthalten: CG-30608. Zeiteinschätzungen in den Protokollschritten entfernt
D	Die Prot. K Verdauungsdauer wurde im gesamten Dokument von 5 Minuten auf 30 Minuten aktualisiert. In den vom Benutzer bereitgestellten Materialien wurden ungefilterte Standard-Pipettenspitzen entfernt und durch gefilterte Standard-Pipettenspitzen ersetzt. Zur Verbesserung der Klarheit wurden Änderungen am Wortlaut vorgenommen.

Überblick über Bionano Prep DLS-G2

Das Bionano Prep DLS-G2 (Direct Label und Stain-G2)-Markierungskit und -Protokoll ist ein sequenzspezifisches Markierungskit und Protokoll für die Markierung von ultrahochmolekularer (UHMW) genomischer DNA (gDNA) zur Verwendung auf der Bionano Optical Genome Mapping (OGM)-Plattform, das mit einem Direktmarkierungsenzym (z. B. DLE-1) arbeitet.

VERFAHREN



Inhalt des Bionano Prep DLS-G2-Markierungskits und vom Anwender bereitzustellende Materialien

Tabelle 1: Inhalt des Bionano Prep DLS-G2 Labeling Kits (P/N 80117, 24 Präparate)

<u>Komponente</u>	<u>Artikel Nr</u>	<u>Menge</u>	<u>Lagerung</u>	<u>Handhabungshinweise</u>
10x DLE-1	20536	88 µl	-25°C to -15°C	Das Röhrchen dreimal schütteln, um den Inhalt zu mischen, und kurz zentrifugieren. Bis zur Verwendung im Enzymkühlschrank bei -20 °C aufbewahren.
20x DL-Green	20537	44 µl	-25°C to -15°C	Bei Raumtemperatur auftauen. Vortexen und kurz zentrifugieren. Bis zur Verwendung auf einem vorgekühlten Aluminiumblock (4 °C) aufbewahren.
5x DLE-1 Buffer	20535	350 µl	-25°C to -15°C	Bei Raumtemperatur auftauen. Vortexen und kurz zentrifugieren. Bis zur Verwendung bei Raumtemperatur aufbewahren.
DNA Stain	20538	130 µl	-25°C to -15°C	Bei Raumtemperatur auftauen. Vortexen und kurz zentrifugieren. Bis zur Verwendung bei Raumtemperatur aufbewahren; DMSO in DNA Stain kristallisiert auf Eis.
10x DTT	20534	190 µl	-25°C to -15°C	Nicht erforderlich für die Verwendung auf dem Stratys-System oder -Chip.
Proteinase K	20533	120 µl	2°C to 8°C	
4x Flow Buffer	20531	480 µl	2°C to 8°C	Vortexen und kurz zentrifugieren. Bis zur Verwendung bei Raumtemperatur aufbewahren.
Ultra-Pure Water	20532	1800 µl	2°C to 30°C	Kann bei Raumtemperatur aufbewahrt werden.
DLS 24 Well Plate	20357	One plate	15°C to 30°C	Zur Vermeidung von Staub abgedeckt aufbewahren.
DLS Membranes	20358	25 ea.	15°C to 30°C	Übermäßige Feuchtigkeit vermeiden.
DLS Tape Sheets	20529	24 ea.	15°C to 30°C	
DLS Amber Tubes (2 ml)	20530	24 ea.	15°C to 30°C	

Tabelle 2: Vom Benutzer bereitzustellende Materialien

Artikel	Lieferant	Katalog-Nr.
HulaMixer-Probenmischer	Thermo Fisher	15920D
Thermocycler mit beheiztem Deckel	Allgemeiner Lieferant für Laborbedarf	
PCR-Röhrchen, 0,2 ml, dünnwandig, flache Kappe, nukleasefrei	Thermo Fisher oder gleichwertiger Lieferant	AM12225
Mikrozentrifugenröhrchen, 0,5 ml, gelb, nukleasefrei	USA Scientific oder gleichwertiger Lieferant	1605-0007
Pipettenspitzen, weite Öffnung, mit Filter, 200 µl	VWR oder Rainin oder gleichwertiger Lieferant	46620-642
Pipettenspitzen, Standard, mit Filter, 2, 10, 20 und 200 µl	Allgemeiner Lieferant für Laborbedarf	
Tisch-Enzymkühler, -20 °C	VWR oder gleichwertiger Lieferant	414004-286
Aluminium-Kühlblock für Röhrchen, 4 °C	Sigma Aldrich oder gleichwertiger Lieferant	Z740270
Pinzette, spitz und gebogen	Electron Microscopy Sciences oder gleichwertiger Lieferant	78141-01
Pipette (2, 10, 20 und 200 µl)	Allgemeiner Lieferant für Laborbedarf	
Eiskübel und Eis	Allgemeiner Lieferant für Laborbedarf	
Vortexer	VWR oder gleichwertiger Lieferant	10153-838
Mikrozentrifuge für Röhrchen mit 0,2 ml, 0,5 ml und 1,5 ml	Allgemeiner Lieferant für Laborbedarf	
Qubit-Fluorometer	Thermo Fisher	Q33238
Qubit® Assayröhrchen	Thermo Fisher	Q32856
Qubit® HS (High Sensitivity) dsDNA-Testkit	Thermo Fisher	Q32851
Ultraschallbad (optional)	Branson oder gleichwertiger Lieferant	CPX 952-119R
Direktverdrängungspipette MR-10 (empfohlen)**	Rainin oder gleichwertiger Lieferant	17008575
Pipettenspitzen, 10 µl, C-10 für Direktverdrängung (empfohlen)**	Rainin oder gleichwertiger Lieferant	17008604

*(Artikel in blau) Wir empfehlen unbedingt, diese Geräte nicht zu ersetzen und genau die empfohlenen Artikel zu verwenden, da diese das erfolgreichste Ergebnis des Arbeitsablaufs liefern.

+Thermocycler mit Temperaturregelung im Deckel oder mit der Möglichkeit, die Deckelheizung ein- und auszuschalten, sind für unseren Arbeitsablauf geeignet.

**Eine Direktverdrängerpipette ist eine Spezialpipette mit einem Kolben, der einen eingebauten Piston in den zur Pipette gehörenden Spezialsitzen betätigt. Eine solche Pipette und die dazugehörigen Pipettenspitzen eignen

sich hervorragend zum präzisen Pipettieren und Dispensieren kleiner Volumen viskoser Flüssigkeiten und werden daher für die Aliquotierung von gDNA mit ultrahohem Molekulargewicht, die mit den Bionano-Protokollen isoliert wurde, dringend empfohlen.

Einführung und wichtige Hinweise

EINFÜHRUNG

Dieses Protokoll beschreibt ein enzymatisches Markierungsverfahren für die direkte Fluoreszenzmarkierung von ultrahochmolekularer (UHMW) gDNA (mit einer Länge von hunderten Kilobasenpaare bis Megabasenpaaren) an einem bestimmten Sequenzmotiv durch das direkte Markierungsenzym (DLE-1). Diese direkte Markierung verursacht keine Nicks in der gDNA und ermöglicht die Erstellung von hochgradig zusammenhängenden Genomkarten mit N50-Längen zwischen 20 und 100 Mbp, je nach Genom und Probenqualität.

Das Bionano Prep DLS-G2-Kit enthält Reagenzien für die sequenzspezifische Markierung von UHMW-gDNA für die optische Genomkartierung (Bionano Optical Genome Mapping, OGM) auf dem Saphyr®-System. Nach der sequenzspezifischen Markierung mit DLE-1 wird die markierte gDNA zur Visualisierung des Backbones eingefärbt. Bei Visualisierung auf dem Saphyr®-System sind die DL-Grün-Fluoreszenzfarbstoffe als grüne Markierungen auf einem blauen Molekül zu erkennen.

DLE-1-REAKTIONSGRÖßE

Dieses Protokoll ergibt 60 µl markierte gDNA. Diese Menge reicht für die Beladung einer einzelnen Durchflusszelle eines Saphyr®-Einweg-Chips aus, wobei im Falle eines geringen Durchsatzes oder eines anderen Fehlers genügend Probenmaterial für eine weitere Durchflusszelle übrigbleibt. Das Ausgangsmaterial sollte mindestens eine Länge von mehreren hundert Kilobasen haben. Falls erforderlich, kann die Größe mittels Pulsfeld-Gelelektrophorese (PFGE, pulsed field gel electrophoresis) bestimmt werden. Die Markierungsmesswerte werden mit dem Saphyr-System bestimmt und in Markierungen/100 Kilobasenpaare (kbp) gemessen. Zusätzliche Markierungsmesswerte können durch Angabe einer Referenz- und Überwachungskartierungsrate, der positiven Markierungsvarianz (positive label variance, PLV) und der negativen Markierungsvarianz (negative label variance, NLV) bestimmt werden. Weitere Informationen finden Sie im Abschnitt „Wichtige Hinweise“ weiter unten.

Einzelheiten zu den erwarteten Messwerten finden Sie im Dokument *Saphyr Molecule Quality Report Guidelines* (Artikel-Nr. CG-30223).

WICHTIGE HINWEISE

Allgemeine Hinweise

- Zur Beladung mit den aufgetauten Reaktionskomponenten und zur Zusammenstellung der Markierungsreaktionen wird die Verwendung eines auf Eis vorgekühlten Aluminium-Kühlblocks empfohlen.
- Enzyme und Puffer sollten präzise herauspipettiert werden, wobei darauf zu achten ist, dass es an der Außenseite der Pipettenspitze nicht zu einer Tröpfchenbildung kommt. Um reproduzierbare Reaktionen zu gewährleisten, sollte das Enzym vollständig in das Reaktionsgefäß abgegeben und eine Blasenbildung sorgfältig vermieden werden. Dies wird am besten erreicht, wenn die Reagenzröhrchen beim Ansaugen oder Abgeben auf Augenhöhe gehalten werden, um den Prozess optisch zu verfolgen.
- Das langsame und gründliche Mischen vom DLE-1-Markierungs-Mastermix mit gDNA durch Pipettieren ist ein entscheidender Schritt, der die Homogenität und Enzympermeabilität der gDNA fördert und eine effiziente Markierung der hochviskosen gDNA gewährleistet.
- Dieses Protokoll beinhaltet die Handhabung von lichtempfindlichen fluoreszierenden Molekülen. Es ist wichtig, die Lichteinwirkung während der Arbeit zu minimieren. Sowohl die Reaktionen als auch lichtempfindliche Reagenzien sind vor Licht geschützt aufzubewahren.
- Die Konzentration der markierten gDNA wird an Tag 1 oder 2 nach der Markierung, Reinigung, Homogenisierung und Färbung und vor dem Beladen gemessen. Die gDNA-Homogenität wird durch doppelte Quantifizierung (Variationskoeffizient (CV) < 0,30) bestimmt. Je homogener die markierte DNA ist, desto genauer kann die Konzentration geschätzt und desto gleichmäßiger kann die gDNA auf den Chip geladen werden. Die Konzentration der markierten gDNA sollte zwischen 4 und 16 ng/µl liegen.

CHARGENGRÖßE

- Es können bis zu 12 Proben gleichzeitig verarbeitet werden.
 - Jedes Bionano Prep DLS-G2-Kit enthält genügend Reagenzien für 12 Proben.

ANFORDERUNGEN AN DIE AUSGANGS-gDNA

- Die Probe sollte gDNA in Megabasenlänge enthalten, was in der Regel anhand der Viskosität (hoch) und/oder mittels PFGE der Probe bestimmt wird.
- Die gDNA-Konzentration sollte zwischen 39 und 150 ng/µl liegen.
 - gDNA-Proben > 150 ng/µl mit TE-Puffer (pH 8,0) auf 50–150 ng/µl verdünnen und 5-mal mit einer Spitze mit breiter Öffnung mischen. Danach die Probe über Nacht bei Raumtemperatur ruhen lassen. Die endgültige gDNA-Konzentration und -Homogenität vor der Markierung überprüfen.
 - Bei gDNA-Proben < 39 ng/µl den technischen Kundendienst unter support@bionano.com kontaktieren.

BESTIMMUNG DES ENZYMS

- Bei nicht-humanen Proben vor dem Start des DLS-G2-Protokolls die Sequenzdaten für die gewünschte Probe entweder in die Silico-Digestion-Funktion der Bionano Access®-Software oder in die eigenständige Label Density Calculator-Software importieren, um zu prüfen, ob die DLS-G2-Markierung für die Probe angemessen

ist. Die tatsächliche Markierungsdichte sollte nicht mehr als ± 2 Markierungen von der vorhergesagten Markierungsdichte abweichen. Im Zweifelsfall steht der technische Kundendienst unter support@bionano.com für weitere Hilfestellung zur Verfügung.

- Bei nicht-humanen Proben sind aktuelle Downstream-Analysetools am erfolgreichsten bei Genomen mit DLS-G2-Markierungsdichten zwischen 9 und 25 Markierungen pro 100 kbp.

HANDHABUNG VON GENOMISCHER DNA

ALLGEMEINES

- Dieses Protokoll beinhaltet die Handhabung von viskoser gDNA, die sich nur schwer präzise pipettieren lässt. Es ist wichtig, alle Protokollschritte zu befolgen, um eine genaue gDNA-Probenahme sicherzustellen, damit das richtige Enzym-zu-gDNA- und gDNA-zu-Farbstoff-Verhältnis erreicht wird und eine unnötige Handhabung der gDNA minimiert wird, die dazu führen kann, dass die Molekülgröße nicht für die Analyse ausreicht.

HINZUFÜGEN VON gDNA ZUR MARKIERUNGSSREAKTION

- Um eine genaue Probenahme aus dem viskosen gDNA-Ausgangsmaterial zu gewährleisten, zunächst die Homogenität des gDNA-Ausgangsmaterials maximieren, indem die auf Raumtemperatur gebrachte gDNA-Lösung vorsichtig mit einer Pipette mit weiter Öffnung durch Pipettieren gemischt wird (5-mal). Befolgen Sie die folgenden Richtlinien für das richtige Pipettieren in und aus einer gefilterten Standardpipettenspitze oder einer Verdrängungspipettenspitze, um eine vollständige Abgabe zu gewährleisten.
- Vor dem Aufziehen der viskosen gDNA in eine Pipette mit einer Standardspitze eine identische Wassermenge pipettieren und den Füllstand der Lösung mit einem feinen Marker an der Spitze markieren. Diese Markierung dient später als Orientierungshilfe beim Pipettieren der gDNA. Die markierte Spitze als Orientierungshilfe aufbewahren und für die gDNA-Gewinnung eine neue Spitze verwenden. Alternativ kann die Verwendung einer Direktverdrängungspipette die Genauigkeit beim Pipettieren von viskoser gDNA verbessern.
- Um viskose gDNA in eine Standardspitze aufzuziehen, das Röhrchen mit dem gDNA-Ausgangsmaterial gut sichtbar in die Hand nehmen, den Pipettenkolben bis zum ersten Anschlag hinunterdrücken, die Pipettenspitze bis in die Mitte der viskosen Lösung eintauchen und den Kolben vorsichtig und so **langsam** wie möglich zurückziehen. Dabei die Spitze kreisförmig bewegen, um die viskose gDNA in die Spitze aufzuziehen. Währenddessen die Aufnahme der gDNA sorgfältig überwachen. Die Spitze noch untergetaucht lassen, auch wenn keine Aufwärtsbewegung der viskosen gDNA-Lösung mehr stattfindet und sich die Füllhöhe neu einpendelt (die markierte Spitze als grobe Orientierungshilfe verwenden, um zu überprüfen, ob sich die viskose Lösung auf dem richtigen Niveau eingependelt hat). Es kann bis zu 30 Sekunden dauern, bis die viskose gDNA den richtigen Füllstand in der Spitze erreicht hat. Ein zu schnelles Loslassen des Kolbens kann zur Bildung einer Blase in der Spitze und zum Aufziehen eines zu geringen Probenvolumens führen (**HINWEIS:** Der Benutzer muss in diesem Fall von vorn beginnen). Nachdem sich die Lösung in der Pipettenspitze eingependelt hat und während die Spitze noch in die gDNA-Lösung eingetaucht ist, mit der Spitze 5-mal mit kreisenden Bewegungen gegen den Boden des Röhrchens kratzen. Die Spitze aus der gDNA-Lösung herausziehen und mittels Sichtprüfung bestätigen, dass der richtige Füllstand erreicht ist (mittels Vergleich mit der markierten Spitze). Wenn die Pipettenspitze zu früh aus der gDNA-Lösung herausgezogen wird oder die Spitze nicht richtig am Boden des Röhrchens abgekratzt wird, kann sich am Ende der Pipettenspitze eine Blase bilden, was darauf hindeutet, dass ein zu geringes Probenvolumen

aufgezogen wurde (**HINWEIS:** Der Benutzer muss in diesem Fall von vorn beginnen). **Mit Übung und Geduld ist ein genaues Pipettieren von viskoser gDNA möglich.**

- Um das gesamte Volumen der viskosen gDNA in ein Röhrchen oder Mastermix zu geben, das Reaktionsröhrchen so halten, dass es gut zu erkennen ist, und die gDNA durch Eintauchen der Pipettenspitze in die Lösung und vorsichtiges Drücken des Kolbens bis zum ersten Anschlag in das Röhrchen abgeben. Dann den Kolben bis zum zweiten Anschlag herunterdrücken und die Abgabe der gDNA so lange überwachen, bis sich keine gDNA mehr in der Spitze befindet. Sobald die gesamte gDNA die Pipettenspitze verlassen hat, die Spitze sofort herausziehen und dabei einen konstanten Druck aufrechterhalten, um das Aufziehen von Flüssigkeit oder das Eindringen von Luftblasen zu vermeiden. Die Spitze nach dem Entfernen aus der Lösung einer Sichtprüfung unterziehen, um sicherzustellen, dass sie leer ist.

Bionano Prep DLS-G2-Protokoll

EINRICHTUNG

1. 20x DL-Grün auftauen. Gut durch Vortexen vermischen und pulscentrifugieren und in einem Aluminiumblock bei 4°C auf Eis legen.
2. 5x DLE-1-Puffer auftauen. Gut durch Vortexen vermischen und pulscentrifugieren. Zur späteren Verwendung bei Raumtemperatur aufbewahren.
3. 10x DLE-1-Enzyme dreimal schwenken und pulscentrifugieren. Auf dem Labortisch in einem Enzymblock bei -20 °C aufbewahren.
4. Das Röhrchen mit ultrareinem Wasser von der Aufbewahrung bei 4 °C (falls erforderlich) auf Raumtemperatur überführen.

DLE-1-MARKIERUNG

gDNA VERDÜNNEN UND ZUM MARKIERUNGSMIX GEBEN

1. Wenn die gDNA-Quantifizierung gemäß den Anweisungen des Bionano Prep SP-Protokolls unmittelbar vor der Markierung durchgeführt wurde, mit Schritt 6 fortfahren. Wenn nicht, die gDNA 2 Sekunden pulscentrifugieren und die Quantifizierung wiederholen. Dann mit Schritt 6 fortfahren.
2. In einem dünnwandigen PCR-Röhrchen 750 ng gDNA (a) mit ultrareinem Wasser (b) auf ein Gesamtvolumen von 19,5 µl auffüllen. Das Volumen an gDNA und Wasser für jede Probe in Tabelle 3 aufzeichnen.
 - a. $750 \text{ ng} / [\text{gDNA-Konzentration}] (\text{ng}/\mu\text{l}) = \mu\text{l gDNA}$
 - b. $19,5 \mu\text{l} - (\mu\text{l gDNA}) = \mu\text{l ultrareines Wasser}$

Tabelle 3: Berechnung des gDNA-Volumens

gDNA-Proben-ID	gDNA-Konzentration (ng/µl)	Volumen ultrareines Wasser (µl)	gDNA-Proben-ID (µl)

3. Einen Markierungs-Mastermix in einem gelben 0,5-ml-Röhrchen vorbereiten. Die Komponenten in der in **Tabelle 4** angegebenen Reihenfolge hinzufügen. Mischen durch Auf- und Abpipettieren des gesamten Volumens mit einer Standard-Pipettenspitze (5-mal); darauf achten, dass keine Blasen entstehen. 2 Sekunden lang pulscentrifugieren und bis zum Gebrauch in einem Aluminiumblock auf Eis aufbewahren. Die Komponenten nach dem Mischen schnellstmöglich verwenden.

Tabelle 4: Berechnungstabelle für den Markierungs-Mastermix

Markierungsreaktion	Volumen für eine Probe	Anzahl Proben	Zusatzvolumen für Mastermix	Mastermix Gesamtmenge
5x DLE-1-Buffer	6,0 µl		× 1,2	µl
20x DL-Green	1,5 µl		× 1,2	µl
10x DLE-1	3,0 µl		× 1,2	µl
Gesamtvolumen Mastermix	10,5 µl			µl

4. Mit einer Standard-Pipettenspitze 10,5 µl Mastermix oben auf die 19,5 µl (gDNA + ultrareines Wasser) pipettieren. Die Pipette auf 28 µl einstellen, die Probe langsam durch Auf- und Abwärtsbewegungen vermischen (7 x) (eine Aufwärts- und eine Abwärtsbewegung ergeben zusammen einen Mischvorgang). Das Röhrchen 2 Sekunden lang pulscentrifugieren. **WARNUNG: Die Proben lichtgeschützt aufbewahren.** ⚠

HINWEIS: Weitere Hinweise sind dem [Video](https://bionanogenomics.com/support-page/dna-labeling-kit-dls/) DLS Master Mix Mixing unter <https://bionanogenomics.com/support-page/dna-labeling-kit-dls/> zu entnehmen.

HINWEIS: Um alle Moleküle effizient zu markieren muss die Probe sorgfältig und gründlich gemischt werden. Die Probe vom Boden aufziehen und in den oberen Bereich abgeben (ohne mit der Pipettenspitze das Röhrchen zu berühren), um eine gute Mischung zu erzielen.

MARKIERUNGSREAKTION

5. In einem auf 47 °C eingestellten Thermocycler mit beheiztem Deckel inkubieren, oder das Gerät auf „On“ stellen, wenn keine Temperaturwahl möglich ist:
 - a. 1 Stunde bei 37°C (Thermocyclertemperatur)
 - b. Die Temperatur bis zum nächsten Schritt auf 4 °C halten. **WARNUNG: Die Proben lichtgeschützt aufbewahren.** ⚠

HINWEIS: Nachdem die Proben in den Thermocycler gegeben wurden, während der Inkubation der Markierungsreaktion die Mikroplatte für die DL-Grün-Reinigung (Schritt 8) vorbereiten.

PROTEINASE K-VERDAUUNG

6. 5 µl Proteinase K direkt in den Mittelteil der Probe im Polymerase-Kettenreaktion (PCR)-Röhrchen pipettieren. Nicht mischen, um zu vermeiden, dass an der Spitze haftende gDNA versehentlich entfernt werden könnte.
7. In einem auf 60 °C eingestellten Thermocycler mit beheiztem Deckel inkubieren, oder das Gerät auf „On“ stellen, wenn keine Temperaturwahl möglich ist:
 - a. 30 Minuten bei 50 °C (Thermocyclertemperatur)
 - b. Die Temperatur bis zum nächsten Schritt auf 4 °C halten. Nach Entnahme aus dem Thermocycler schnell mit dem nächsten Schritt fortfahren. Kurz pulszentrifugieren. **WARNUNG: Die Proben lichtgeschützt aufbewahren.** ⚠

DL-GRÜN-REINIGUNG

DLS-24-WELL-PLATTE FÜR DIE DL-GREEN-REINIGUNG VORBEREITEN

HINWEIS: Die Membranen können unmittelbar nach dem Einrichten der Markierungsreaktion benetzt werden. Die Platte bis zum Gebrauch mit Klebefolie verschließen.

HINWEIS: Weitere Informationen zu Schritt 12–13 sind dem Video [DLS Membrane Demo](#) auf der Kundendienst-Website für das [DLS-Markierungskit](#) zu entnehmen.

8. Bei jeder Probe die Unterseite von 1 DLS-Membran mit 1x DLE-1-Puffer in der von Bionano bereitgestellten Mikrotiterplatte benetzen:
 - a. Für jede Probe 30 µl 1x DLE-1-Puffer (6 µl 5x DLE-1-Puffer + 24 µl ultrareines Wasser) vorbereiten. Durch Vortexen vermischen. Für 2 Sekunden pulszentrifugieren.

- b. 25 µl 1x DLE-1-Puffer in die Mitte einer Vertiefung der DLS-Mikroplatte pipettieren.
- c. Eine Pinzette mit stumpfem Ende verwenden, um eine DLS-Membran auf den Puffer zu legen.
- d. Die Vertiefungen sofort mit DLS-Klebefolie verschließen, um ein Verdunsten bis zu den nächsten Verfahrensschritten zu verhindern.

HINWEIS: Nach 3 Minuten prüfen, ob die Membranen nach vollständig benetzt sind. Benetzte Membranen haben über die gesamte Fläche ein gleichmäßiges, durchscheinend blaues Aussehen. Wenn eine Membran nach 3 Minuten nicht benetzt ist, die Membran entsorgen und eine neue Membran aus der Packung benetzen. Bei Fragen wenden Sie sich an support@bionano.com.

9. Führen Sie DL-Green-Reinigung durch, indem Sie markierte gDNA-Probe auf die Mitte der benetzten Membran geben:
 - a. Halten Sie die DLS 24-Well-Platte fest und entfernen Sie vorsichtig die DLS-Klebefolie.
 - b. Mit einer gefilterten 200-µl-Standardpipettenspitze und einer Pipetteneinstellung von 37 µl das gesamte Volumen (~35 µl) der markierten gDNA aufsaugen.
 - c. Geben Sie die markierte gDNA vorsichtig auf die Mitte der befeuchteten DLS-Membran.
 - d. Wiederholen Sie die Schritte b und c für alle Proben.
 - e. Verschließen Sie alle Probenvertiefungen mit DLS-Klebeband, um Verdunstung zu verhindern. Halten Sie die DLS 24-Well-Platte auf dem Tisch fest und üben Sie Druck aus, um das DLS-Klebeband am oberen Rand der Vertiefungen zu befestigen.
 - f. **WARNUNG:** Schützen Sie die DLS 24-Well-Platte vor Licht. 1 Stunde lang bei RT inkubieren. Achten Sie darauf, dass die Platte während der Inkubation nicht bewegt wird und keine unbeabsichtigten Bewegungen auftreten.
10. Während der einstündigen Inkubationszeit 10x DTT, 4x Flusspuffer und DNA-Färbemittel Raumtemperatur annehmen lassen. Nach dem Auftauen alle Röhrchen gut durch Vortexen vermischen und kurz pulszentrifugieren, um den Inhalt zu sammeln. Alle Röhrchen bis zur Verwendung bei Raumtemperatur aufbewahren.
11. Nach einer Stunde die Platte festhalten und die DLS-Klebefolie vorsichtig abziehen.
12. Mit einer auf 35 µl eingestellten gefilterten 200-µl-Standardpipettenspitze die gesamte markierte Probe langsam ansaugen. Dabei die Membran senkrecht berühren und die Spitze beim Ansaugen über den gDNA-Bereich bewegen, um die gDNA zu sammeln. In ein neues PCR-Röhrchen oder ein gelbes 0,5-ml-Mikrofugeröhrchen überführen. Für 2 Sekunden pulszentrifugieren. **WARNUNG: Die Röhrchen vor Licht schützen (abdecken).**
- 
13. Mit einer gefilterten 200-µl-Standardpipettenspitze, 20 µl der markierten Probe aus dem PCR-Röhrchen oder dem 0,5-ml-Bernsteinröhrchen aufziehen und in den Boden eines DLS-Bernsteinröhrchens (2 ml) geben.

Fahren Sie mit dem nächsten Schritt fort (gDNA-Färbung und Homogenisierung).

- a. Wenn < 20 µl Probenvolumen angesaugt wurde, das Volumen mit 1x DLE-1-Puffer auf insgesamt 20 µl auffüllen.

gDNA-FÄRBUNG UND -HOMOGENISIERUNG

14. Bei der Beschriftung von 6 oder weniger Proben ein gelbes 0,5-ml-Röhrchen verwenden. Bei der Beschriftung von 7 oder mehr Proben ein gelbes 2-ml-Röhrchen verwenden. Bereiten Sie den Färbe-Master-Mix gemäß **Tabelle 5** vor. Vortexen, um zu mischen, dann pulsieren, um den Inhalt zu sammeln.

Tabelle 5: Berechnungstabelle für Staining-Mastermix

Färbereaktion	1 Probe	Anzahl Proben	Zusatzvolumen für Mastermix	Mastermix Gesamtmenge
4x Flowbuffer	15 µl		× 1.25	µl
10x DTT	6 µl		× 1.25	µl
DNA-Stain	3.5 µl		× 1.25	µl
Ultrapures Wasser	15.5 µl		× 1.25	µl
Gesamtvolumen der Färbereaktionsmischung	40 µl			µl

HINWEIS: Lösungen, die Flusspuffer enthalten, aufgrund der Viskosität des Flusspuffers langsam pipettieren, um die Genauigkeit zu erhöhen.

15. Für jede markierte gDNA 40 µl Staining-Mastermix oben auf die markierte Probe (20 µl) im gelben DLS-Rundboden-Röhrchen (2 ml) geben. Nicht mischen.

HINWEIS: Der Mastermix wird oben auf die Lösung pipettiert, um zu vermeiden, dass versehentlich gDNA angesaugt wird, die an der Pipettenspitze hängen geblieben sein könnte.

16. Die gelben DLS-Rundboden-Röhrchen mit den Proben in einen HulaMixer (Thermo Fisher) geben, der auf eine Geschwindigkeit von 5 Umdrehungen pro Minute (rpm) eingestellt ist. Die Oberfläche des Röhrchenhalters sollte flach und parallel zur Arbeitsfläche ausgerichtet sein. Dreißig Minuten bei Raumtemperatur mischen. Dabei alle anderen Optionen außer der Rotation ausschalten.

17. Die Proben nach 30 Minuten vom HulaMixer nehmen. Für 2 Sekunden pulscentrifugieren.

HINWEIS: Die Rotation darf nicht länger als dreißig Minuten dauern, da sonst der N50-Wert des Moleküls abnehmen kann.

18. Wenn die Datenerfassung noch an demselben Tag erfolgen soll, die Quantifizierung unmittelbar vor dem Laden

der Proben auf den Saphyr-Chip durchführen. Andernfalls die Proben **lichtgeschützt** bei 4 C aufbewahren. ⚠

(Das Protokoll wird unten fortgesetzt; potenzielles Ende von Tag 2, bei Bedarf.)

QUANTIFIZIERUNG DER MARKIERTEN UND GEFÄRBTEN gDNA

HINWEIS: Anhand der Liste der vom Anwender bereitzustellenden Verbrauchsmaterialien und Geräte prüfen, ob alle benötigten Materialien verfügbar sind.

Vor dem Beladen des Saphyr-Chips die Endkonzentration der markierten und gefärbten gDNA bestimmen. Die besten Ergebnisse werden erzielt, wenn die gDNA-Konzentration (Durchschnitt von zwei Messungen) zwischen 4 und 16 ng/µl liegt. Die Schwankungen in der Endkonzentration sind auf die Schwierigkeiten bei der genauen Entnahme der viskosen Ausgangs-gDNA und die Schwankungen bei der Wiedergewinnung der markierten gDNA aus dem DL-Green Cleanup-Schritt zurückzuführen. Wenn die Probenkonzentration nicht in diesen Bereich liegt, sind im Leitfaden zur Fehlerbehebung (CG-30608) Empfehlungen zu Abhilfemaßnahmen zu finden.

QUBIT dsDNA HS (High Sensitivity)-Testkit und QUBIT-Fluorometer:

HINWEIS: Das Standard-Qubit dsDNA HS-Testprotokoll liefert aufgrund der extremen Länge der markierten gDNA keine genauen Konzentrationsmessungen. Das Qubit-Protokoll wurde dahingehend geändert, dass es einen Ultraschallschritt zur Fragmentierung eines Aliquots der markierten gDNA enthält, um genaue Konzentrationsmessungen zu gewährleisten. Weitere Informationen sind dem Benutzerhandbuch des Qubit dsDNA HS Testkits zu entnehmen.

1. Die markierte und gefärbte gDNA mit einer auf 50 µl eingestellten 200-µl-Pipette mit weiter Öffnung fünf Mal mischen. Pulszentrifugieren.
2. Die Qubit HS-Standards und die markierte gDNA mindestens dreißig Minuten lang Raumtemperatur annehmen lassen.
3. 0,5-ml-Qubit Assayröhrchen vorbereiten:
 - a. 2 separate Assayröhrchen für die HS-Standardmessung mit jeweils 10 µl Qubit HS-Puffer
 - b. Zwei separate Assayröhrchen pro markierte Probe mit jeweils 18 µl Qubit HS-Puffer
4. Mit einer Standardpipettenspitze oder einer Direktverdrängungspipette zwei getrennte 2-µl-Aliquots von jeder Probe entnehmen und in 18 µl HS-Qubit-Puffer in einem Qubit-Assayröhrchen geben. Dabei die Spitze in die Lösung tauchen und spülen. Die Qubit-Röhrchen in ein schwimmendes Gestell stellen und zehn Minuten lang in einem Ultraschallbad beschallen. Während der Ultraschallanwendung die Arbeitslösung gemäß Anweisungen in Schritt 5 vorbereiten.

HINWEIS: Wenn beim Entfernen der Spitze aus dem Röhrchen ein langer gDNA-Strang an der Spitze anhaftet, die Probe zurück in das Röhrchen geben und die Aliquotentnahme mit einer neuen Spitze wiederholen.

- a. Wenn kein Ultraschallbad zur Verfügung steht, mindestens 30 Sekunden lang mit maximaler Geschwindigkeit vortexen und dann 2 Sekunden lang herunterzentrifugieren.
5. Die Arbeitslösung vorbereiten. Dazu das Farbstoff-Testreagenz in HS-Verdünnungspuffer (1:200) verdünnen:
 - a. 200 µl Arbeitslösung für jeden der beiden Standards vorbereiten (insgesamt 400 µl).
 - b. 200 µl Arbeitslösung für jedes Proben-Aliquot vorbereiten (400 µl für jede Probe).
6. Für die Qubit DNA-Standards 10 µl von Standard 1 und 2 in separate, beschriftete Qubit-Assayröhrchen geben, die 10 µl Qubit HS-Puffer aus Schritt 3a enthalten.
7. Am Ende des Ultraschallbads die Assayröhrchen entnehmen und kurz zentrifugieren, um die Lösung am Boden der Röhrchen zu sammeln. Die Röhrchen 5 Sekunden bei maximaler Geschwindigkeit durch Vortexen vermischen und sie dann für 2 Sekunden herunterzentrifugieren.
8. 180 µl der in Schritt 5 vorbereiteten Arbeitslösung in die Röhrchen mit Ultraschall-behandelter markierter gDNA und Qubit-DNA-Standard plus HS-Puffer geben. 5 Sekunden durch Vortexen vermischen und kurz zentrifugieren, um die Lösung am Boden der Röhrchen zu sammeln.
9. Die Proben vor der Quantifizierung mit dem Qubit-Fluorometer 2 Minuten lang im Dunkeln inkubieren.
10. Die Qubit-Messungen in **Tabelle 6** eintragen.

HINWEIS: Die Konzentration der markierten gDNA sollte idealerweise zwischen 4 und 16 ng/µl mit einem VK (Standardabweichung ÷ Mittelwert) von < 0,30 zwischen den Messungen betragen. Wenn beide Messungen außerhalb des Bereichs von 4–16 ng/µl liegen, den Leitfaden zur Fehlerbehebung (CG-30608) lesen. Folgendes gilt, wenn eine Messung zwischen 4 und 16 ng/µl liegt und die andere außerhalb dieses Bereichs:

- ❖ Wenn eine Messung zwischen 4 und 16 ng/µl und die andere > 16 ng/µl liegt, mit dem Beladen des Chips fortfahren.
- ❖ Wenn eine Messung zwischen 4 und 16 ng/µl und die andere < 4 ng/µl liegt, den Mischvorgang der markierten und gefärbten DNA mit dem HulaMixer erneut für 30 Minuten ausführen und die Quantifizierung wiederholen.

11. Wenn die Probe nicht sofort weiterverarbeitet wird, diese bis zur Verwendung dunkel bei 4 °C aufbewahren.

Tabelle 6: Qubit-Messungen der gDNA

[illegible]

BELADUNG DES SAPHYR-CHIPS

Eine vollständige Anleitung zum Beladen des Chips und Betrieb des Instruments ist dem *Saphyr System User Guide* (für Saphyr-Produktnummer [60325](#) oder [60239](#)) zu entnehmen.

HINWEIS: Die DLS-markierten Proben für die Beladung des Chips aus der Mitte des Röhrchens ansaugen.

Technische Unterstützung

Für technische Unterstützung wenden Sie sich bitte an den technischen Kundendienst von Bionano Genomics.

Materialien zu Bionano-Produkten, Sicherheitsdatenblätter, Analysezertifikate, häufig gestellte Fragen und andere Unterlagen können Sie auf der Kundendienst-Website einsehen oder auf Anfrage per E-Mail und Telefon anfordern.

ART	KONTAKT
E-Mail	support@bionano.com
Telefon	Öffnungszeiten: Montag bis Freitag, 9:00 bis 17:00 Uhr, PST USA: +1 (858) 888-7663
Website	www.bionano.com/support
Adresse	Bionano, Inc. 9540 Towne Centre Drive, Suite 100 San Diego, CA 92121

Rechtsvermerk

Nur zu Forschungszwecken. Nicht zur Verwendung in Diagnoseverfahren.

Dieses Dokument ist durch das US-amerikanische Urheberrecht und internationale Verträge geschützt. Die unbefugte Verwendung dieses Dokuments ist untersagt. Kein Teil dieser Publikation darf ohne die ausdrückliche vorherige schriftliche Genehmigung von Bionano Genomics kopiert, vervielfältigt, verteilt, übersetzt, zurückentwickelt oder in irgendeiner Form oder durch irgendein Medium oder mit irgendwelchen Mitteln übertragen werden, unabhängig davon, ob sie derzeit bereits bekannt sind oder nicht. Zum Kopieren gehört nach dem Gesetz auch das Übersetzen in eine andere Sprache oder in ein anderes Format. Die in diesem Dokument enthaltenen technischen Daten sind für den nach US-Gesetz zulässigen Endverbleib vorgesehen. Das Inumlaufbringen unter Verletzung der US-amerikanischen Gesetze ist untersagt. Diese Publikation enthält die neuesten, zum Zeitpunkt der Veröffentlichung verfügbaren Informationen. Aufgrund ständiger Bemühungen zur Verbesserung des Produkts können technische Änderungen auftreten, die in diesem Dokument nicht berücksichtigt wurden. Bionano Genomics behält sich das Recht vor, jederzeit und ohne vorherige Ankündigung Änderungen an den technischen Daten und anderen Informationen in dieser Publikation vorzunehmen. Bitte wenden Sie sich an den Kundendienst von Bionano Genomics, um die neuesten Informationen zu erhalten.

BIONANO GENOMICS LEHNT JEDWEDE AUSDRÜCKLICHE ODER STILLSCHWEIGENDE GEWÄHRLEISTUNG IM ZUSAMMENHANG MIT DIESEM DOKUMENT AB, EINSCHLIESSLICH, ABER NICHT BESCHRÄNKT AUF DIE GEWÄHRLEISTUNG DER MARKTGÄNGIGKEIT ODER EIGNUNG FÜR EINEN BESTIMMTEN ZWECK. SOWEIT GESETZLICH ZULÄSSIG, HAFTET BIONANO GENOMICS IN KEINEM FALL, WEDER VERTRAGLICH, NOCH AUFGRUND UNERLAUBTER HANDLUNGEN, EINER GEWÄHRLEISTUNG, AUF GESETZLICHER ODER ANDERER GRUNDLAGE FÜR BESONDERE, BEILÄUFIGE ODER INDIREKTE SCHÄDEN, STRAFSCHADENERSATZ, MEHRFACHE ODER FOLGESCHÄDEN IN VERBINDUNG MIT ODER AUFGRUND DIESES DOKUMENTS, INSBESONDERE DURCH DESSEN VERWENDUNG, UNABHÄNGIG DAVON, OB DIESE VORHERSEHBAR WAREN ODER NICHT UND UNABHÄNGIG DAVON, OB BIONANO GENOMICS DIE MÖGLICHKEIT SOLCHER SCHÄDEN BEKANNT WAR ODER NICHT.

PATENTE

Die Produkte von Bionano Genomics® können durch ein oder mehrere US-amerikanische oder ausländische Patente geschützt sein.

MARKEN

Das Logo von Bionano Genomics und die Namen von Produkten oder Dienstleistungen von Bionano Genomics sind eingetragene Handelsmarken oder Marken im Besitz von Bionano Genomics in den Vereinigten Staaten und in bestimmten anderen Ländern.

Bionano Genomics®, Irys®, IrysView®, IrysChip®, IrysPrep®, IrysSolve®, Saphyr®, Saphyr Chip®, Bionano Access® und Bionano EnFocus™ sind Marken von Bionano Genomics, Inc. Alle anderen Marken sind das alleinige Eigentum ihrer jeweiligen Rechteinhaber.

Bionano Genomics erteilt weder stillschweigend noch ausdrücklich eine Lizenz zur Nutzung von Marken. Nutzer dürfen diese Marken nicht ohne die vorherige schriftliche Zustimmung von Bionano Genomics nutzen. Die Nutzung dieser Marken oder anderer Materialien, außer wie hierin gestattet, ist ausdrücklich untersagt und kann einen Verstoß gegen Bundesgesetze oder andere geltende Gesetze darstellen.

© Copyright 2025 Bionano Genomics, Inc. Alle Rechte vorbehalten.