

Erasmus+ Protokol CRISPR + Nanopore Sekvensering

1. gRNA-Syntese



1.1 Pipettér følgende reagenter i dit tomme rør S til gRNA-syntese.

Rør	Indhold	Vol.
H ₂ O	Nukluase fri H ₂ O	16 µL
NTP	NTP-buffer mix	10 µL
D	DNA Duplex	2 µL
T7	T7 RNA Polymerase	2 µL
Total	30 µL	

 Som den negative kontrol for gRNAsyntese pipettér 5 μL ud af dit rør S over i et nyt rør mærket med S_{t0} og dit gruppenummer og læg det på is.



1.3 Inkubér dit rør S ved 37 °C i en time.



- 2. Kontrol af produceret gRNA ved gelelektroforese
- 2.1 Åben gel-kassette og fugt brøndene med H₂O_{dest}.
- 2.2 Fjern overskydende vand ved brug af køkkenrulle.
- 2.3 Indsæt flash gel-kassette i flash gelholderen.





- 2.4 Pipettér 5 µL ud af dit gRNA-syntese rør (S) over i et nyt rør mærket med St1 og dit gruppenummer.
- 2.5 Tilføj til begge rør Sto og St1 1 μL af loadingbuffer.
- 2.6 Pipettér ud fra følgende skema 6 μL gRNA-synteserørene St1/1 – St1/8 og 2 grupper Sto i gelens brønde:



2.7 Forbind flash gelholderen til en strømforsyning og start elektroforesen ved 180 V.



2.8 Se forløbet af elektroforesen ved at tænde UV-lampen på holderen.

Spørgsmål: Evaluér din gel med henblik på RNA-syntese.



Protokol CRISPR + Nanopore sekvensering

3. Klipning af plasmid pBR322 med nuclease Cas9.

Erasmus+



3.1 Pipettér prøve 1 – 3 som i følgende tabel:

Prøver	1	2	3		
	pBR322 oversnoet	pBR322+ oversnoet Cas9 (- gRNA)	pBR322 _{oversnoet} + Cas9 + gRNA		
H₂O (nucleas e fri)	25 µL	24 µL	23 µL		
CP (Buffer)	3 µL	3 µL	3 µL		
S (syntetis eret gRNA)	ΟµL	Ο μL	1 µL		
Cas9 nuclease	ΟµL	1 µL	1 µL		
Bland ved at knipse på røret og inkubér l 10 minutter ved stuetemperatur.					
P (pBR322 oversnoe t	2 µL	2 µL	2 µL		
Bland ved at knipse på røret og inkubér i 15 minutter ved 37 °C.					

- 4. Påvisning af Cas9-klippning af plasmid(pBR322_{lin}) ved hjælp af gelelektroforese.
- 4.1 Pipettér 8,5 µL ud af prøve 1 − 3, i 3 nye rør og markér dem med 1, 2 og 3.
- 4.2 Tilføj i hvert af de 3 nye rør 1.5 μL af loadingbuffer (LB) og bland ved at knipse på røret.
- 4.4 Opsug det resterende vand med køkkenrulle.
- 4.5 Indsæt flashgel-kassetten i flashgel-holderen.
- 4.6 Pipettér I henhold til følgende

pipetteringsskema i hver brønd på din gelkassette. - 4 µL farve (M),

- 10 µL af prøverne 1 - 3

M 1/1 1/2 1/3 2/1 2/2 2/3 3/1 3/2 3/3 4/1 4/2 4/3



M 5/1 5/2 5/3 6/1 6/2 6/3 7/1 7/2 7/3 8/1 8/2 8/3



- 4.7 Forbind flashgel-holderen til strømforsyningen og start gelelektroforese ved 180 V.
- 4.8 Se forløbet af elektroforese ved at tænde UVlampen på maskinen

Opgave: Evaluér din gel vedrørende nukleaseCas9-spaltning

5. Forberedelse af DNA-biblioteket Reaktanterne i "Flash-Barcode"-sættet RBK004:

Navn	Forkor-	Farve	Rø	Vol
	telse	på	r	
		låget		(uL
		- J)
Fragmen-	RB01-	farve-	12	20
terings-	RB12	løs		
Blanding				
Rapid	RAP	grøn	1	10
Adapter		-		
Loading	LB	pink	1	36
Beads		-		0
Sek-	SQB	rød	1	30
venserings-				0
Buffer				

- 5.1 Pipettér 7,5 µL af CRISPR/Cas9-klippet plasmid-DNA fra test 3 i et 1,5 mL rør markeret med B (B står for Barcode).
- 5.2 Tilføj i rør B 2,5 µL af én af de 12 fragmenteringsblandinger (RB01-12) og bland det sammen ved at pipettere op og ned.
- 5.3 For at "Barcode", inkubér dit rør B i 1 minut ved 30 °C, som er den optimale tempera-



30 °C tur for enzymet transposase.

- 5.4 For at denaturere transposasen, inkubér rør B ved 80 °C i 1 minut.
- 5.5 Afkøl rør B i 3 minutter på is.
- 5.6 Saml de 10 µL volumen fra alle arbejdsgrupper i et 1,5 mL rør markeret med P (P står for "Pool" (samling)).

Kun 1 gruppe skal fortsætte med arbejdet:

- 5.7 Pipettér 10 µL af rør (P) i et nyt 1,5 mL rør L (L står for "Library", (bibliotek)).
- 5.8 Tilføj 1 µL "Rapid Adapter" (RAP) til 10 μL "Barcode" DNA i rør L og bland det ved at pipettere op og ned (Vol. = 11 μ L).
- 5.9 Inkubér rør L i 5 minutter ved 20 °C og mål DNA-koncentrationen med et flourometer.

- Måling af koncentrationen af DNA-6. bibliotek (L)
- 6.1 Pipettér i et 0,5 mL rør 200 µL QuantiFluor®ONE dsDNA-farve og 1 µL af DNA-bibliotek (L).
- 6.2 Efter inkubering i 5 minutter i mørke skal DNA-koncentrationen i 0,5 mL-røret måles med fluorometeret.

Vælg følgende indstilling i fluorometeret:

- Prøvevolumen: 200 µL
- Units: ng/µL

Den målte DNAkoncentration skal være mellem $10 - 400 \text{ ng/}\mu\text{L}.$



modern biotechnology at school

7. Færdiggørelse af DNAbiblioteket (L) for

at indlæse i "Flongle Flow Cell"

7.1 Bland "Loading Buffer" (LB) med "Rapid Barcode Kit" RBK004 og ryst let indtil blandingen er homogen.

7.2 Pipettér de følgende reaktanter i et 1,5 mL rør, igen markeret med L (for DNA-Library) og bland ved at pipettere op og ned:

Reaktanter	Røret	Volu-	
	s låg	men	
Sekvenserings-	rød	15 µL	
buffer			
Loading Beads	pink	10 µL	
DNA-	L	5 µL	
bibliotek		-	
Samlet Vol.	L	30 µL	
		•	

"MinKNOW" skal allerede være klar, og "Flongle Flow Cell"-kontrol og "priming" skal være klargjort.

7.3 Fjern klistermærket på "Flongle Flow Cell". For at undgå luftbobler i det klargjorte sæt pipetteres kun 25 µL af de 30 µL "Library" L i loading-rummet i "Flongle Flow Cellen".

7.4 Forbered set-uppet i "MinKNOW" og begynd herefter at sekvensere.





Forberedelse af 'Flongle Flow Cell' maskinen og 'Flow Cell Check'

1. Indsæt 'Flongle adapteren' i MinION (Bær handsker for at undgå forurening) Åben MinION og udtag konfirgurationtestscellen (CTC)



Tag CTC-beskyttelse ud af 'Flongle adapteren'.

Skub 'Flongle adapteren' under den rustfri stålclips, indtil den klikker på plads.

Klik på billedet for at se en film om proceduren \rightarrow

Alternativ: Åben det følgende link I browseren: <u>https://www.youtube.com/embed/Wnx59Dhr</u> <u>Ue8?feature=oembed</u>



2. Forbind MinION med en computer



Forbind computeren med MinION med et USB stik.

- → MinION får adgang til elektricitet, og LED lyser rødt.
- 3. Insæt 'Flongle Flow Cell' i 'Flow Cell Adapteren'



Skub 'Flongle Flow Cell' I pilens retning under de rustfri stålclips af MinION'en, og tryk den ned på den anden side → med et klik klikker 'Flongle Flow Cell' i.



Protokol CRISPR + Sekvensering



4. Med et dobbeltklik startes 'MinKNOW' programmet. Log ind med din Nanopore-konto (E-mail og adgangskode).



5. Vælg I 'Connection Manager' den sekvenseringsenhed, som er forbundet med din computer.



6. Naviger til start og vælg "Flow Cell Check"





Protokol CRISPR + Sekvensering



7. Tilføj 'Flongle Flow Cell ID' og vælg 'Flow Cell' Typen: FLO-FLG001.



'Flow Cell Check' tager nogle minutter.

Klik på '**Experiments'** og den aktuelle '**Flow Cell Check'** for at se parametrene under kontrollen:



I slutningen af 'Flow Cell Check' vil et af de 3 følgende resultater blive vist:



Den grønne pil viser "Klar til sekvensering" Et resultat af 'Flongle Flow Cell' kontrol, med mer end 50 fundne porer, er fint.



Protokol CRISPR + Sekvensering







"Flongle Flow Cell" Priming (forberedelse)

Efter "Flongle Flow Cell" kontrol skal lagerbufferen inde i Flonglen erstattes af sekventeringensbufferen. Dette skal gøres umiddelbart før start af sekventering

1. Klargøring af "Flongle Flow Cell" Priming Buffer (FLB) Pipettér fra "Flow Cell Priming Kit (EXT-FLP002)" i et 1,5 mL rør:

Pipetter fra "Flow Cell Priming Kit (EXT-FLP002)" Tet 1,5 mL rør: 117 μ l Flush Buffer (FB) + 3 μ l Flush Tether (FLT) = 120 μ l FLB

Video om "Flongle Flow Cell Priming"

Tryk på billedet \rightarrow

For alternativ klik på følgende link:

https://www.youtube.com/watch? v=ExTMvDuOGK4

2. Priming af "Flongle Flow Cell"

2.1 Træk mærkaten af "Flongle Flow Cell"







Træk mærkaten af "Flongle Flow Cell" i retningen markeret med pile og fastgør mærkaten inde i låget på "MinION".

2.2 Udskiftning af lager buffer i "Flongle Flow Cell" med Priming Buffer (FLB)

Udtag 120 µl priming buffer (FLB) med din pipette. Pipetten skal være fri for luftbobler. Placer pipettespidsen i indlæsningsporten på "Flongle Flow Cell." Kontrollér, at pipettespidsen passer ind i indlæsningsporten.

Pipettér uden luftbobler i "Flongle Flow Cell" indlæsningsporten 10 µl FLB ud af 120 µl.



"Flongle Flow Cell" er nu klar til brug til loading af et DNA-bibliotek (se side 3; 7.3) og start sekvenstering.



Start sekvensering

Programmet "MinKNOW" kører stadig og "Flow Cell Priming" var vellykket Programmet "MinKNOW" styrer "MinION Flow Cell", rådataen, "basecalling" og stregkodedemultipleksing

Vælg "Run options"

1. Vælg "Flongle Flow cell" der er forbundet med computeren og klik på start-knappen for at gå ind i sekvensopsætningen.



Vælg position.
Vælg "1. Positions"
Navngiv dit eksperiment og vælg et tilførselstal



 Vælg knappen "Continue to kit selection" I "kit selection table" tryk på SQK-RBK004.

Kit selection						
Integrate Topics DNA RNA PCR PCR From	Notiginality The No Control					
\$QK-\$56109	5QK-888004	SQK-RADOON	SQK-RNA002			
SQK-PBR004	80	SQK-CA5109	SQ6-C59109			
SQK-DCS10F	100	SQK-L58(309-NL	\$QC13K150			
SQC(SK110-M.	1 40110-24	SQK-NED110-98	SQCPCB109			
5Q6-PC8110	56.PC\$109	SQK-PC8110	SQK-PRC109			
5QK-P5K204	\$220-RI0(110-96	SQK-RNA000	SQC-RPB004			
scic-orienti	VSK-PTC001	V3K-VM8002	VSICVMIC003			
VSK-VSK002	VSK-VSK003	SQK-DCS108	SQCLSK108			
sQi-PC5208	5QK-RA8204					
C Back to position selection			Continue to run options > Skip to end 3			

- Klik på knappen "Continue to run options" kørselsmuligheder er fastsatte → ændres ikke!
 - "run length" (Kørselsvarighed): 24 timer
 - "Active channel selection": "on"



modern biotechnology at school



⇒≡						🔔 Guest
•	1. Positions		3. Run options	4. Basecalling	5. Output	6. Review
		Basecall	ing 🧿	off		
~	5.	Config: Fast b	asecalling		Options	
_		Barcodir	v e 🕐			
		Enabled			Options	
Ť		Alignme	nt 🕜			
۵						
*	K Back to run opt	tions		Continue to out	tput > Return t	o final review ≫

Under "Continue to Basecalling" skal "basecalling" være slået fra (den skal være grå).

Hvis den ikke er grå er datavolumen under "basecalling" for høj for computeren.

 Tryk på knappen "Continue to output" Vælg på computeren hvor dataen skal gemmes

Kan gemmes sådan (e.g.: C/data/+name)

	Alatal,		
	🕑 FASTS 💿 🕑 FASTQ 💿 🗌 IIMM		
	Correr 71Readingth Untiliand		
	Show Advanced User Options		
C Back to basecalling		Continue to run setup >	Skip to end 2

7. Gennemgå din sekvensopsætning I henhold til den viste tabel

→ Tryk på knappen: Start Efter 15 min. vil den første rådata-pakke med 1000 aflæsninger blive gemt i c/data/+navn som en Fast5-fill