

2019 年 8 月

# Investigator<sup>®</sup> 26plex QS 手册

用于 CODIS 核心基因座、欧洲标准基  
因座组外加 Penta D、Penta E、  
D6S1043、DYS391 和 Amelogenin  
的多重扩增

# 目录

- 试剂盒内容物..... 3
- 存放条件 ..... 4
- 预期用途 ..... 4
- 安全信息 ..... 4
- 质量控制 ..... 4
- 简介 ..... 5
- 由使用者提供的设备和试剂 ..... 7
- 方案：PCR 扩增 ..... 9
- 方案：使用 Applied Biosystems 3500/3500xl Genetic Analyzer 进行电泳 ..... 11
- 方案：分析 ..... 24
  - 分析软件 ..... 25
  - 对照品 ..... 25
  - 质量传感器..... 26
- 相关问题解决向导 ..... 31
- 参考 ..... 33
- 附录 A：结果解读 ..... 34
- 附录 B：使用 Investigator 26plex QS Kit 时的不同 PCR 体积 ..... 36
- 订购信息 ..... 37
- 文档修订历史..... 39

# 试剂盒内容物

Investigator 26plex QS Kit	(100)	(400)
目录编号	382615	382617
25 µl 反应次数	100	400
Fast reaction mix 3.0*（快速反应混合物 3.0*）	750 µl	4 x 750 µl
Nuclease-free water（无核酸酶水）	1.9 ml	4 x 1.9 ml
Primer mix 26plex QS（混合引物 26plex QS）	250 µl	4 x 250 µl
Control DNA 9948 (0.5 ng/µl) （对照品 DNA 9948 [0.5 ng/µl]）	40 µl	40 µl
Allelic ladder 26plex（等位基因阶梯 26plex）	25 µl	3 x 25 µl

\* 包含 DNA Polymerase、dNTPs、MgCl<sub>2</sub> 和牛血清蛋白 (Bovine Serum Albumin, BSA)。

# 存放条件

Investigator 26plex QS Kit 用干冰运输。收货后，应立即将其保存在 -30 至 -15° C 的恒温冷冻装置中。避免反复融化和冷冻。引物混合液和等位基因阶梯必须遮光保存。DNA 样本和后期 PCR 试剂（等位基因阶梯和 DNA Size Standard）应与 PCR 试剂分开保存。上述条件下，在试剂盒标明的试剂过期日之前，各试剂的成分可保持稳定。

打开后，Investigator 26plex QS Kit 应在 2 - 8° C 下存放最长 4 周。

# 预期用途

Investigator 26plex QS Kit 应用于法医鉴定、人类身份确定、亲子鉴定的分子生物学领域。产品不能用于疾病诊断、预防和治疗。

使用本产品时须小心谨慎。我们建议 QIAGEN® 的所有用户遵守 NIH 准则或其他相关应用准则。其中，NIH 准则是针对 DNA 重组实验制定的。

# 安全信息

工作中如接触化学品，则必须穿着合适的实验工作服，并戴好一次性手套和护目镜。如需更多信息，请参阅相关安全数据表 (Safety Data Sheet, SDS)。它们可在 [www.qiagen.com/safety](http://www.qiagen.com/safety) 网页上找到，格式为 PDF 压缩文件。您还能在该网页上查找、浏览、打印每一种 QIAGEN 试剂盒及其成分的 SDS。

# 质量控制

QIAGEN 根据 ISO 认证的质量管理体系，针对预先确定的规范，测试每批 Investigator 26plex QS Kit 以确保产品品质始终如一。Investigator 26plex QS Kit 符合 ISO 18385 要求。

# 简介

Investigator 26plex QS Kit 用于法医鉴定、人类身份确定和亲子鉴定领域的多重 PCR。该 PCR 同时扩增下面列出的 24 个多态 STR 标记，以及性别特异性标记 Amelogenin。

Investigator 26plex QS Kit Primer Mix 包含 2 种创新的内部 PCR 对照品（质量传感器 QS1 和 QS2），以提供有关 PCR 效率和 PCR 抑制因子存在情况的有用信息。质量传感器与多态 STR 标记同时扩增。

Investigator 26plex QS Kit 专为快速、可靠地绘制血液、口腔拭子和法医学痕迹的 DNA 基因图而设计。该试剂盒采用 QIAGEN 的快速循环 PCR 技术，能够在大约 65 分钟内完成扩增。可通过抗抑制化学性质提供十分稳定的结果。引物采用以下染色剂作为荧光标签：

- 6-FAM™: Amelogenin、TH01、D3S1358、Penta D、D6S1043、D21S11
- BTG: TPOX、DYS391、D1S1656、D12S391、Penta E
- BTY: D10S1248、D22S1045、D19S433、D8S1179、D2S1338
- BTR2: D2S441、D18S51、vWA、FGA
- BTP: QS1、D16S539、CSF1PO、D13S317、D5S818、D7S820、QS2

标准条件下 DNA 的推荐量为 0.5 ng。

表 1 显示了含染色体定位和重复基序的 STR 基因座，符合微卫星标记 (1) 使用国际法医遗传学会 (International Society for Forensic Genetics, ISFG) 指南。

有关 Investigator 26plex 等位基因阶梯中未包含的已知微变体的信息，请参见国家标准与技术研究院 (National Institute of Standards and Technology, NIST) 网站 ([strbase.nist.gov/](http://strbase.nist.gov/))。

表 1. Investigator 26plex QS Kit 的特定基因座信息

基因座	GenBank® 登录号	参考等位基因的重复序列	染色体定位
Amelogenin X	M55418	-	Xp22.1-22.3
Amelogenin Y	M55419	-	Yp11.2
DYS391	AC011302	[TCTA] <sub>11</sub>	Yq11.21
D1S1656	NC_000001.9	[TAGA] <sub>16</sub> [TGA][TAGA][TAGG] <sub>1</sub> [TG] <sub>5</sub>	1q42
D2S441	AL079112	[TCTA] <sub>12</sub>	2p14
D2S1338	G08202	[TGCC] <sub>6</sub> [TTCC] <sub>11</sub>	2q35
D3S1358	11449919	TCTA [TCTG] <sub>2</sub> [TCTA] <sub>15</sub>	3p25.3
D5S818	G08446	[AGAT] <sub>11</sub>	5q23.2
D6S1043	G08539	[AGAT] <sub>11</sub>	6q15
D7S820	G08616	[GATA] <sub>12</sub>	7q21.11
D8S1179	G08710	[TCTA] <sub>12</sub>	8q23.1-23.2
D10S1248	AL391869	[GGAA] <sub>13</sub>	10q26.3
D12S391	G08921	[AGAT] <sub>5</sub> GAT [AGAT] <sub>7</sub> [AGAC] <sub>6</sub> AGAT	12p13.2
D13S317	G09017	[TATC] <sub>13</sub>	13q31.1
D16S539	G07925	[GATA] <sub>11</sub>	16q24.1
D18S51	L18333	[AGAA] <sub>13</sub>	18q21.3
D19S433	G08036	AAGG [AAAG] AAGG TAGG [AAGG] <sub>11</sub>	19q12
D21S11	AP000433	[TCTA] <sub>4</sub> [TCTG] <sub>6</sub> [TCTA] <sub>3</sub> TA [TCTA] <sub>3</sub> TCA [TCTA] <sub>2</sub> TCCATA [TCTA] <sub>11</sub>	21q21.1
D22S1045	AL022314	[ATT] <sub>14</sub> ACT [ATT] <sub>2</sub>	22q12.3
CSF1PO	X14720	[AGAT] <sub>12</sub>	5q33.1
FGA (FIBRA)	M64982	[TTTC] <sub>3</sub> TTTTCT [CTTT] <sub>13</sub> CTCC [TTCC] <sub>2</sub>	4q28.2
Penta D	AP001752	[AAAGA] <sub>13</sub>	21q22.3
Penta E	AC027004	[AAAGA] <sub>5</sub>	15q26.2
TH01 (TC11)	D00269	[TCAT] <sub>9</sub>	11p15.5
TPOX	M68651	[AATG] <sub>11</sub>	2p25.3
vWA	M25858	TCTA [TCTG] <sub>4</sub> [TCTA] <sub>13</sub>	12p13.31

# 由使用者提供的设备和试剂

工作中如接触化学品，则必须穿着合适的实验工作服，并戴好一次性手套和护目镜。如需更多信息，请参考相关的安全数据表 (Safety Data Sheet, SDS)，该表可从产品供应商处获得。

## 所有方案

- Hi-Di™ Formamide, 25 ml (Applied Biosystems, 目录编号 4311320)
- 用于 3500 Genetic Analyzer 等多毛细管仪器的 Matrix Standard BT6 (请参见“订购信息”)
- 移液管和移液吸头
- 以下 DNA 分析仪之一：\*
- Applied Biosystems® 3500 Genetic Analyzer
- Applied Biosystems 3500xL Genetic Analyzer
- 以下 PCR 热循环仪之一：\*
- QIAGEN 的 Rotor-Gene® Q
- GeneAmp® PCR System 9700
- Bio-Rad® PTC-200
- Biometra® UNO-Thermoblock
- Eppendorf® Mastercycler® ep
- PCR 管或板
- PCR 管或板微量离心机
- DNA Size Standard (BTO)

\* 这不是供应商的完整列表，也不包括许多重要的生物供应商。

---

## 人类身份确定产品分析有效性软件

Investigator Human Identification PCR Kit 需要采用等位基因阶梯校准。因此，所用软件必须与法医鉴定应用中的人类身份确定产品兼容。我们建议使用 GeneMapper® ID-X 软件。Investigator 模板文件可方便进行数据分析，与该软件配合使用时方才有效。



# 方案：PCR 扩增

本方案适用于采用 Investigator 26plex QS Kit 的法医样本 STR 基因座 PCR 扩增。

## 前期重要工作

- 将所有反应混合物放置于独立区域，与进行 DNA 分离和 PCR 产品分析（后期 PCR 分析）的区域隔离。
- 使用含有疏水滤膜过滤器的一次性吸头减少交叉污染风险。
- 标准条件下 DNA 的推荐量为 0.5 ng。

## 开始之前的准备事项

- 打开含有 PCR 成分的管之前，只需进行涡旋和离心操作，以便收集管底部的内容物。

## 程序

1. 溶解 PCR 成分和模板核酸。

彻底混合。短暂离心处理后再使用。

2. 根据表 2 制备主混合液。

主混合液需包含除模板（样本）DNA 和无核酸酶水以外所有 PCR 反应所需成分。

由于在转移过程中可能会发生一些试剂损失，因此制备的混合液应包括可进行更多次反应所需的量。还要包括阳性对照品和阴性对照品反应所需的量。

3. 将主混合液彻底混合，进行短暂离心处理，然后适量倒入 PCR 管或 PCR 板的孔槽中。
4. 将模板 DNA 和无核酸酶水添加到主混合液中，以提供 25  $\mu$ l 的最终样本容量。
5. 制备阳性对照品和阴性对照品。

**阳性对照品：**使用 1  $\mu$ l 的对照品 DNA（即 0.5 ng）。

**阴性对照品：**使用无核酸酶水，而不是反应中的模板 DNA。

表 2 反应设置

成分	每次反应的容量
快速反应混合物 3.0	7.5 µl
引物混合液	2.5 µl
无核酸酶水（分 4 步添加）	可变
模板 DNA（分 4 步添加）	可变
总体积	25 µl

6. 如果用移液管将模板 DNA 移到 PCR 管的边缘或盖上，则进行短暂离心处理，以收集管底部的内容物。
7. 依据制造商说明，利用表 3 中所述的条件对热循环仪进行编程。
- 提示：**如果使用带铝块的 GeneAmp PCR System 9700，请使用“Std Mode”（标准模式）。如果带 96 孔银块或 96 孔镀金银块，请使用“Max Mode”（最大模式）。不得使用“9600 Emulation Mode”（9600 仿真模式）。
8. 完成循环方案后，将样本保存在 -30 至 -15° C 遮光处，或直接运行电泳。

表 3 标准循环方案，建议所有 DNA 样本使用

温度	时间	循环次数
98° C	8 分钟	-
98° C	10 s	30 次反应循环*
60° C	55 s	
72° C	5 s	
68° C	2 分钟	-
60° C	2 分钟	-
10° C	∞	-

\* 与以上 PCR 循环数不同，总 PCR 循环数可能随样本类型和 CE 敏感性而变化。

# 方案：使用 Applied Biosystems 3500/3500xL Genetic Analyzer 进行电泳

Investigator 26plex QS Kit 适用于 3500/3500xL Genetic Analyzer，后者需要以下软件：

- 3500 Data Collection 软件

提示：用户必须以本地管理员或具有同等访问权限的人员身份登录 PC，以便将数据写入相应的文件。

有关仪器安装、光谱校准或者 Applied Biosystems 3500 Series Data Collection 软件和 GeneMapper ID-X 软件应用的详细说明，请参见 *Applied Biosystems 3500/3500xL Genetic Analyzer 用户指南* ([tools.thermofisher.com/content/sfs/manuals/4401661.pdf](https://tools.thermofisher.com/content/sfs/manuals/4401661.pdf))。

具有 8 个毛细管的系统为 Applied Biosystems 3500 Genetic Analyzer。具有 24 个毛细管的系统为 Applied Biosystems 3500xL Genetic Analyzer。

虚拟过滤器套件 AnyDye 用于 6-FAM、BTG、BTY、BTR2、BTP 和 BTO 这 6 个荧光标签的组合应用。此基质标准是 BT6。

表 4 中给出了电泳所需的材料。

表 4 电泳所需材料

材料	规格
毛细管	用于 Applied Biosystems 3500/3500xL Genetic Analyzer 的 36 cm 阵列
聚合物	用于 Applied Biosystems 3500/3500xL Genetic Analyzer 的 POP-4®
缓冲液	阳极缓冲液容器 (ABC) 3500 系列 阴极缓冲液容器 (CBC) 3500 系列

光谱校准/基质生成

在进行 DNA 片段尺寸分析之前，利用 6 个荧光标签 6-FAM、BTG、BTY、BTR2 和 BTO 对各个分析仪进行光谱校准（表 5）。校准程序生成用于校正染色剂荧光发射光谱重叠的基质。

重要提示：必须对每个新的毛细管阵列进行光谱校准。它包括以下步骤：

- 仪器准备工作
- 准备标准校准板
- 板安装和加载到仪器中
- 染色设置 BT6 的软件设置
- 进行光谱校准运行
- 检查基质

仪器准备工作

在光谱校准过程之前，确保已执行局部校准。此过程在 *Applied Biosystems 3500/3500xl Genetic Analyzer 用户指南*中有详细描述。

表 5.BT6 的 6 个荧光标签

颜色	基质标准
蓝色 (B)	6-FAM
绿色 (G)	BTG
黄色 (Y)	BTY
红色 (R)	BTR2
紫色 (P)	BTP
橙色 (O)	BTO

8 个毛细管标准校准板的制备 (Applied Biosystems 3500 Genetic Analyzer)

- 1. 打开管之前，只需进行涡旋和离心操作，以便收集管底部的内容物。
- 2. 依据表 6 设置甲酰胺和 Matrix Standard BT6 的混合物。

表 6 为 8 个毛细管设置甲酰胺和 Matrix Standard BT6 混合物

成分	体积
Hi-Di Formamide	90 µl
Matrix Standard BT6 多毛细管	10 µl

- 3. 进行涡旋操作，然后对混合物进行短暂离心处理。
- 4. 将 10 µl 混合物逐一加载到 96 孔板上位置 A1 - H1 的 8 个孔内。
- 5. 95° C 时变性 3 分钟。
- 6. 将板置于冰上 3 分钟进行急冻。

设置为 4° C 的热循环仪可改用于冷却板。

24 个毛细管标准校准板的制备 (Applied Biosystems 3500xl Genetic Analyzer)

- 7. 打开管之前，只需进行涡旋和离心操作，以便收集管底部的内容物。
- 8. 依据表 7 设置甲酰胺和 Matrix Standard BT6 的混合物。

表 7 为 24 个毛细管设置甲酰胺和 Matrix Standard BT6 混合物

成分	体积
Hi-Di Formamide	225 µl
Matrix Standard BT6 多毛细管	25 µl

- 9. 进行涡旋操作，然后对混合物进行短暂离心处理。
- 10. 将 10 µl 混合物逐一加载到 96 孔板上位置 A1 - H1、A2 - H2 和 A3 - H3 的 24 个孔内。
- 11. 95° C 时变性 3 分钟。

12. 将板置于冰上 3 分钟进行急冻。

设置为 4° C 的热循环仪可改用于冷却板。

## 板安装和在仪器中加载板

必需步骤在 *Applied Biosystems 3500/3500xL Genetic Analyzer 用户指南* 中有详细描述。

## 染色设置 BT6 的软件设置

光谱校准之前，必须设置 Matrix Standard BT6 的染色设置。

1. 要创建新的染色设置，选择 Library（库）。在“Analyze”（分析）下，转到 Dye Sets（染色设置），然后单击 Create（创建）。
2. 输入“Dye Set Name”（染色设置名称），例如 BT6。
3. 在“Chemistry”（化学试剂）下选择 Matrix Standard（基质标准），并在“Dye Set Template”（染色设置模板）中选择 AnyDye Template（AnyDye 模板）。
4. 在“Calibration Peak Order”（校准峰值顺序）中，如下排列颜色：6（蓝色）、5（橙色）、4（绿色）、3（黄色）、2（红色）和 1（紫色）。

提示：这是峰值顺序的正确仪器设置，但 Matrix Standard BT6 的峰值顺序不同。

5. 更改“Parameters”（参数）设置如下：

Matrix Condition Number Upper Limit（基质条件数上限）：13.5

Locate Start Point After Scan（定位扫描后的起点）：1000

Locate Start Point Before Scan（定位扫描前的起点）：5000

Limit Scans To（将扫描限定到）：2750

Sensitivity（灵敏度）：0.4

Minimum Quality Score（最低质量分数）：0.95

6. 单击 Save（保存）以确认更改。

Create New Dye Set

### Setup a Dye Set

\* Dye Set Name: BT6

\* Chemistry: Matrix Standard

\* Dye Set Template: AnyDye Template

Arrange Dyes

Dye Selection	Reduced Selection	Calibration Peak Order
<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	6
<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	4
<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	3
<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	2
<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	1
<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	5

Parameters

The parameters will be used for instruments configured with 36cm capillary array and polymer POP4

Matrix Condition Number Upper Limit: 13.5

Locate Start Point: \* After Scan: 1000 \* Before Scan: 5000

\* Limit Scans To: 2750

Sensitivity: 0.4

\* Minimum Quality Score: 0.95

Notes

Close Save

图 1 染色设置 BT6 的设置

## 进行光谱校准运行

一旦含有光谱校准混合物的多孔板位于自动采样托盘上，就可以开始光谱校准过程。

1. 如需访问光谱校准屏幕，选择 3500 Series Data Collection 软件仪表板上的 Maintenance（维护）。
2. 要设置校准运行，请转到 Calibrate（校准），然后选择 Spectral（光谱）并选择 Calibration Run（校准运行）。
3. 必须制定光谱校准板上的孔数以及在仪器上的位置。
4. 在“Chemistry Standard”（化学标准）下选择 Matrix Standard（基质标准），并选择之前创建的 BT6 作为“Dye Set”（染色设置）（请参阅第 14 页“染色设置 BT6 的软件设置”）。
5. Optional（可选）：启用 Allow Borrowing（允许借用）。
6. 单击 Start Run（开始运行）。

## 检查基质

单击表中的毛细管以在运行结果表下显示每个毛细管的结果（“Capillary”[毛细管]、“Quality value”[质量值] 和 “Condition number”[条件数]）。

- 每个毛细管的质量值（Q 值）必须大于 0.95 且条件数范围（C 值）必须在 1 和 13.5 之间。
- 检查基质样本基线是否平坦。如图 2 所示，每个基质样本应有 6 个峰值高度为大约 1000-6000 RFU 的峰。

**提示：**最佳范围为 3000-5000 RFU。



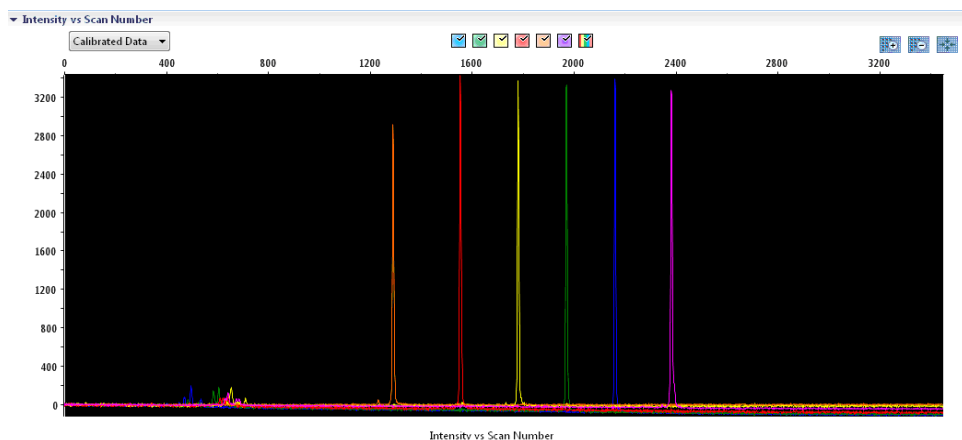


图 2. Applied Biosystems 3500 Genetic Analyzer 上 Matrix Standard BT6 的光谱校准电泳图谱。

成功完成光谱校准时，“Overall”（全部）行显示绿色结果（图 3）。如果“Overall”（全部）行显示红色结果，请参见 *Applied Biosystems 3500/3500xl Genetic Analyzer 用户指南* 的“光谱校准故障排除”部分。

▼ Capillary Run Data

Capillary	1	2	3	4	5	6	7	8
Run 1	Passed	Passed	Passed	Passed	Passed	Passed	Passed	Passed
Run 2	Passed	Passed	Passed	Passed	Passed	Passed	Passed	Passed
Run 3	Passed	Passed	Passed	Passed	Passed	Passed	Passed	Passed
Overall	Passed	Passed	Passed	Passed	Passed	Passed	Passed	Passed

■ Passed   
 ■ Failed   
 ■ Borrowed   
 ■ Not Calibrated

图 3. Applied Biosystems 3500 Genetic Analyzer 上所有毛细管 Matrix Standard BT6 的光谱校准成功示例。

选择并显示每个毛细管的光谱和原始数据。检查数据是否满足以下要求：

- 光谱配置文件内从左到右峰的读取顺序应为橙色-红色-黄色-绿色-蓝色-紫色。
- 原始数据配置文件内不应出现无关峰。
- 光谱配置文件中的峰形态不应出现明显重叠、倾斜或其他不规则性。单独、独特的峰应清晰可见。

如果所有毛细管的数据均满足上述要求，则单击 Accept（接受）。如果有任何毛细管数据不满足上述标准，则单击 Reject（拒绝）并参见 *Applied Biosystems 3500/3500xl Genetic Analyzer 用户指南* 的“光谱校准故障排除”部分。

样本制备

- 1. 打开管之前，只需进行涡旋和离心操作，以便收集管底部的内容物。
- 2. 依据表 8 设置甲酰胺和 DNA Size Standard 的混合物。
- 3. 进行涡旋操作，然后对混合物进行短暂离心处理。
- 4. 对于您计划分析的每个样本，等分 12 µl 混合物到试管中。
- 5. 添加 1 µl 的 PCR 产品或等位基因阶梯（必要时进行稀释）。
- 6. 95° C 时变性 3 分钟。
- 7. 将板置于冰上 3 分钟进行急冻。
- 8. 设置为 4° C 的热循环仪可改用于冷却板。
- 9. 将样本装入托盘。

表 8. 设置甲酰胺和 DNA Size Standard 的混合物

成分	每个样本的容量
Hi-Di Formamide	12.0 µl
DNA Size Standard (BTO)	0.5 µl

**提示：** 由于注射同时发生在所有毛细管上，因此必须将至少 1 个整柱（8 样本方案）或 3 个整柱（24 样本方案）移液到多毛细管分析仪的板上。如果待分析样本不足，必须为空位置添加 12 µl Hi-Di Formamide。

为确保多毛细管分析仪上等位基因的可靠分配，为每组样本（24 个）注射一个等位基因阶梯：

- 8 毛细管仪器：一个等位基因阶梯注射 3 次
- 24 毛细管仪器：一个等位基因阶梯注射一次

**重要提示：**实际室温可能会影响多毛细管仪器上 PCR 产品的性能，因此可能出现肩峰或裂峰，尤其是在低温时。**确保环境条件与仪器制造商的建议保持一致。**此外，还要确保缓冲液已适应环境条件。

## 设置运行

如果您首次在 Applied Biosystems 3500 Genetic Analyzer 上使用 Investigator 26plex QS Kit，您需要首先设置方案数：

- 仪器方案
- 尺寸标准
- QC 方案
- 检测

所有方案都可以通过 3500 Series Data Collection 软件仪表板进行设置。

## 仪器方案

1. 要设置仪器方案，选择 Library（库），然后在“Analyze”（分析）下转到 Instrument Protocols（仪器方案），并单击 Create（创建）。

提示：按表 9 中所示修改“HID36\_POP4”中的“Run Module”（运行模块）默认设置。

2. 必须输入或选择表 9 中的参数。
3. 单击 Save（保存）以确认更改。

表 9.Applied Biosystems 3500/3500xL Genetic Analyzer 的仪器方案参数

参数	3500 设置	3500xL 设置
Application type（应用类型）	HID	HID
Capillary length（毛细管长度）	36 cm	36 cm
Polymer（聚合物）	POP4	POP4
Dye set（染色设置）	如 BT6	如 BT6
Run（运行）模块	HID36_POP4	HID36_POP4
Protocol name（方案名称）	例如 Investigator 26plex	例如 Investigator 26plex
Oven temperature（° C）（炉温 [° C]）	默认值 (60)	默认值 (60)
Polymer（运行电压 [kV]）	13.0	13.0
PreRun voltage (kV)（预运行电压 [kV]）	默认值 (15)	默认值 (15)
Injection voltage (kV)（注射电压 [kV]）	1.2	1.6
Run time (s)（运行时间 [s]）	1550	1550
PreRun time (s)（预运行时间 [s]）	默认值 (180)	默认值 (180)
Injection time (s)（注射时间 [s]）	30.0*	27.0*
Data delay (s)（数据延迟 [s]）	默认值 (1)	默认值 (1)
Advanced options（高级选项）	默认	默认

\* 注射时间不符合以上设置，可能随样本类型和使用的 PCR 循环数而变化。注射次数表示给定电压下的最大注射次数。如果记录了信号强度极高的样本，则可选择较短的注射时间以降低拔起峰的风险。

尺寸标准

4. 要设置尺寸标准，选择 Library（库），然后在“Analyze”（分析）下转到 Size Standards（尺寸标准），并单击 Create（创建）。
5. 必须输入或选择表 10 中的参数。

DNA Size Standard 24plex (BTO) 或 DNA Size Standard (BTO) 450 应配合以下片段长度使用：
  - DNA Size Standard 24plex (BTO)：60、80、90、100、120、140、160、180、200、220、240、250、260、280、300、320、340、360、380、400、425、450、475、500、525 和 550 bp

- DNA Size Standard (BTO) 450: 60、80、100、140、180、200、220、260、300、340、360、400 和 450 bp

表 10.尺寸标准参数

参数	设置
Size standard（尺寸标准）	例如 SST-BTO_60-500bp 或 SST-BTO_60-450bp
Dye color（染色颜色）	橙色

- 6. 或者，使用推荐的 Investigator 模板文件（表 15）导入 DNA Size Standard 参数。
- 7. 单击 Save（保存）以确认更改。

QC 方案

- 8. 要设置 QC 方案，选择 Library（库），然后在“Analyze”（分析）下转到 QC Protocols（QC 方案），并单击 Create（创建）。
- 9. 必须输入或选择表 11 中的参数。

表 11.QC 方案参数

参数	设置
Protocol name（方案名称）	例如 BTO_550 或 BTO_450
Size standard（尺寸标准）	SST-BTO_60-500bp 或 SST-BTO_60-450bp
Sizecaller	SizeCaller v1.1.0

- 10. 转到 Analysis Settings（分析设置），然后转到 Peak Amplitude Threshold（峰幅度阈值），并确保启用所有颜色。  
检查表 14 中建议的分析设置。所有其他设置应保留为“Default”（默认值）。
- 11. 单击 Save（保存）以确认更改。

检测

- 12. 要设置检测，转到 Library（库），然后在“Manage”（管理）下，转到 Assays（检测），并单击 Create（创建）。
- 13. 要分析 Investigator 26plex 片段，请选择表 12 中的参数。
- 14. 单击 Save（保存）以确认更改。

表 12.检测参数

参数	设置
Assay name（检测名称）	例如 Investigator 26plex
Color（颜色）	默认
Application type（应用类型）	HID
Instrument protocol（仪器方案）	例如 Investigator 26plex
QC protocols（QC 方案）	例如 BTO_550 或 BTO_450

开始运行

- 1. 在仪表板中，单击 Create New Plate（创建新板）。
- 2. 转到 Setup（设置），然后转到 Define Plate Properties（定义板属性），并选择 Plate Details（板详细信息）。选择或输入表 13 中的参数。

表 13.板属性

属性	设置
Name（名称）	例如 Investigator 26plex
Number of wells（孔数）	96
Plate type（板类型）	HID
Capillary length（毛细管长度）	36 cm
Polymer（聚合物）	POP4

- 3. 单击 Assign Plate Contents（指定板内容）以实施更改。
- 4. 在每个含有样本或等位基因阶梯的孔内输入指定样本名称。这样可为数据采集和处理确定每个样本的孔位置。

5. 在“Assay”（检测）下为分析选择正确的检测。如果您执行了“设置运行”下的步骤，请单击 Add from Library（从库中添加），然后从“as Instrument Protocol”（作为仪器方案）中选择 Investigator 26plex。板上所有命名的孔都必须有分配的检测。
6. 为“File name conventions”（文件名惯例）和“Results group”（结果组）重复此操作。
7. 选择指定检测的孔。勾选 the name of the Assay（检测的名称）、File name conventions（文件名惯例）和 Results group（结果组）旁的方框，将它们分配给所选孔。
8. 如尚未完成，将已组装板加载到仪器上并关闭仪器门，重新初始化仪器。单击 Link Plate for Run（链接要运行的板）。在下一个屏幕中，输入所需的运行名称并单击 Start Run（开始运行）。

分析参数/分析方法

表 14 列出了峰检测器工作单中的建议分析参数。

表 14.Applied Biosystems 3500/3500xL Genetic Analyzer **建议设置**

参数	设置
Peak detection algorithm（峰检测算法）	高级
Ranges（范围）	分析：局部范围 起始点：1000；停止点：20,000 调整尺寸：所有尺寸
Smoothing and baselining（修平和确定基线）	修平：轻 基线窗口：51 pts
Size calling method（尺寸调用方法）	Local Southern 方法
Peak detection（峰检测）	峰幅度阈值 B:* Y:* G:* R:* P:* O:* 最小峰半宽：2 pts 多项式次数：3 峰窗口尺寸：11 pts <sup>†</sup> 斜率阈值：0.0

\* 峰幅度阈值（边界值）对应于 GeneMapper ID-X 软件检测出的最低峰高度。阈值通常为 50 ~ 200 RFU，且应由实验室逐个单独确定。

**建议：**最低峰高度应比基线背景噪声高 3 倍。

<sup>†</sup> 仅 Peak Window Size（峰窗口尺寸）设置与 HID 分析 Applied Biosystems 的默认值不同。

# 方案：分析

有关自动样本分析的一般说明，请参阅 GeneMapper ID-X 软件的相应用户指南。

扩增产品的准确长度查找取决于设备类型、电泳条件以及所用的 DNA Size Standard。由于一些基因组的复杂性，尺寸的确定应基于均匀分布基准。DNA Size Standard 24plex (BTO) 或 DNA Size Standard (BTO) 450 应配合以下片段长度使用：

DNA Size Standard 24plex (BTO)：60、80、90、100、120、140、160、180、200、220、240、250、260、280、300、320、340、360、380、400、425、450、475、500、525 和 550 bp

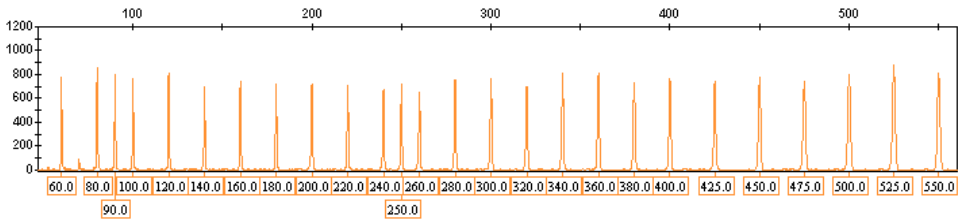


图 4a. DNA Size Standard 24plex (BTO) 峰图。片段长度单位 bp。

DNA Size Standard (BTO) 450：60、80、100、140、180、200、220、260、300、340、360、400 和 450 bp

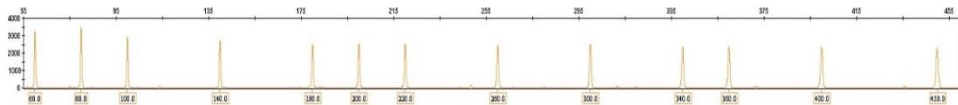


图 4b. DNA Size Standard (BTO) 450 峰图。片段长度单位 bp。



## 分析软件

等位基因的分配应使用合适的分析软件（例如 GeneMapper *ID-X* 软件）与 Investigator 模板文件（可从 [www.qiagen.com](http://www.qiagen.com) 下载）相结合来执行。

表 15. GeneMapper *ID-X* 的建议 Investigator 模板文件

文件类型	文件名称
面板*	26plex_Panels
BinSet*	26plex_Bins
扫描残迹	26plex_Stutter
尺寸标准	SST-BTO_60 – 500bp 或 SST-BTO_60-450bp
分析方法	Analysis_HID_3500_50rfu
	Analysis_HID_3500_200rfu
区段设置	Plots_6dyes

\* 必须始终使用面板和 BinSet；其他模板文件为可选。

## 对照品

表 16 中列出的等位基因代表对照品 DNA 9948（包括在 Investigator 26plex QS Kit 中）。

表 16. Investigator 26plex QS Kit 的等位基因分配

基因座	CCR 9948
Amelogenin	X/Y
DYS391	10/10
D1S1656	14/17
D2S441	11/12
D2S1338	23/23
D3S1358	15/17
D5S818	11/13
D6S1043	12/12

基因座	CCR 9948
D7S820	11/11
D8S1179	12/13
D10S1248	12/15
D12S391	18/24
D13S317	11/11
D16S539	11/11
D18S51	15/18
D19S433	13/14
D21S11	29/30
D22S1045	16/18
CSF1PO	10/11
FGA	24/26
Penta D	8/12
Penta E	11/11
TH01	6/9.3
TPOX	8/9
vWA	17/17

## 质量传感器

Investigator 26plex QS Kit 包含 2 种内部 PCR 对照品（质量传感器 QS1 和 QS2），它们提供有关 PCR 总体扩增效率和 PCR 抑制因子存在情况的有用信息。内部质量传感器封闭在引物混合液中，与多态 STR 标记同时扩增。质量传感器标示为 BTP，以 74 bp (QS1) 和 435 bp (QS2) 片段尺寸显示。

为了解决序列相似性和可能发生非特异性结合的问题，利用一种随机算法设计了一个合成内部对照品 DNA 模板。模板序列不同于所有已知的 DNA 序列，特别是与人类 DNA 没有相似性。因此，在多重 PCR 扩增反应中发生非特异性结合的几率很低。

一般来说，小质量传感器 (QS1) 的成功扩增表明，无论样本中是否存在 DNA，PCR 都是以正确方式设置和执行的。如果在扩增产物的分析中没有检测到质量传感器，这意味着在 PCR 设置期间的移液操作或 PCR 本身的执行方式有误。用户可以重复试验以获得更好的结果。

敏感度试验表明，内部对照品对 PCR 的性能没有影响。低 DNA 模板量的扩增结果表明，无论有无质量传感器，引物混合液的扩增结果都相似。

此外，对 2 个内部对照品片段（QS1 和 QS2）以及 STR 目标扩增产物的分析可以差分鉴别在扩增反应中是否存在抑制因子或 DNA 降解。

在样本降解的情况下，较小目标片段的扩增比较大目标片段的扩增更高效。但目标模板的降解并不妨碍内部对照品模板中内部对照品片段的扩增。因此，等比率的 QS1 和 QS2，以及有利于小 STR 目标产物的比率，表明存在样本降解。

如果样本中存在诸如血色素和腐植酸之类的抑制因子，则扩增效率较低，并且较大的 DNA 片段的扩增率低于较小的片段。如果对扩增产物的分析表明，较大 STR 目标序列和较大质量传感器 (QS2) 片段扩增效率低下，但较小质量传感器 (QS1) 扩增成功，则样本可能受到抑制因子的污染。这意味着，有利于小质量传感器 (QS1) 的比率变化表明存在抑制因子。

对两个质量传感器存在情况进行分析，使用户可以有区别地确定是否存在 PCR 抑制因子，或法医样本中是否发生了降解。这为用户进行数据解读和规划后续措施提供了有用的信息。表 17 总结了可能的轮廓外观及其含义。

表 17. 轮廓外观及其含义

等位基因峰	QS1	QS2	原因解释
存在	存在	存在	成功轮廓
不存在	存在	存在	无 DNA
不存在	不存在	不存在	PCR 失败
滑雪坡式轮廓	存在	微量/不存在	存在抑制因子
滑雪坡式轮廓	存在	存在	降解 DNA

提示：不同试验之间的 QS1 和 QS2 的峰高可能略有不同。轻微的峰高分散是常见现象，不受抑制因子的影响。在验证过程中，分析师应评估与其特定样本类型相关的常规变化光谱，并应为两个 QS 定义一个常规峰高范围。

当 QS2 信号下降到 QS1 信号的 20% 以下时，表明 PCR 反应受到抑制。

### 等位基因

表 18 显示了等位基因阶梯的等位基因。所有分析都是利用 POP-4 聚合物（表 18 和图 5）执行的。不同的分析仪器、DNA Size Standard 或聚合物可形成不同的片段长度。此外，建议对等位基因阶梯进行目视调整。

### 刻度

- 水平：70-450 bp
- 垂直：取决于信号强度

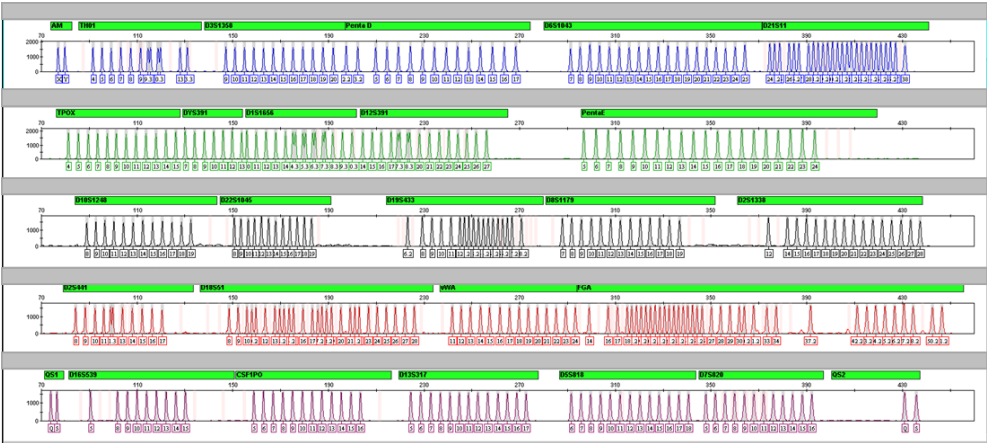


图 5. Applied Biosystems 3500XL Genetic Analyzer 上分析的等位基因阶梯 26plex 的电泳图。等位基因阶梯包含每个质量传感器（QS1 和 QS2）的 2 个等位基因。这可以自动调用 QS 峰值进行样本分析。

表 18. 等位基因阶梯 26plex 中包含的等位基因阶梯片段

基因座	染色标签	等位基因阶梯的重复数
Amelogenin	6-FAM	X, Y
TH01	6-FAM	4、5、6、7、8、9、9.3、10、10.3、11、13、13.3
D3S1358	6-FAM	9、10、11、12、13、14、15、16、17、18、19、20
Penta D	6-FAM	2.2、3.2、5、6、7、8、9、10、11、12、13、14、15、16、17
D6S1043	6-FAM	7、8、9、10、11、12、13、14、15、16、17、18、19、20、21、22、23、24、25
D21S11	6-FAM	24、24.2、25、26、26.2、27、28、28.2、29、29.2、30、30.2、31、31.2、32、32.2、33、33.2、34、34.2、35、35.2、36、36.2、37、38
TPOX	BTG	4、5、6、7、8、9、10、11、12、13、14、15
DYS391	BTG	7、8、9、10、11、12、13
D1S1656	BTG	10、11、12、13、14、14.3、15、15.3、16、16.3、17、17.3、18、18.3、19.3、20.3
D12S391	BTG	14、15、16、17、17.3、18、18.3、19、20、21、22、23、24、25、26、27
Penta E	BTG	5、6、7、8、9、10、11、12、13、14、15、16、17、18、19、20、21、22、23、24
D10S1248	BTY	8、9、10、11、12、13、14、15、16、17、18、19
D22S1045	BTY	8、9、10、11、12、13、14、15、16、17、18、19
D19S433	BTY	6.2、8、9、10、11、12、12.2、13、13.2、14、14.2、15、15.2、16、16.2、17、17.2、18.2
D8S1179	BTY	7、8、9、10、11、12、13、14、15、16、17、18、19
D2S1338	BTY	12、14、15、16、17、18、19、20、21、22、23、24、25、26、27、28
D2S441	BTR2	8、9、10、11、11.3、12、13、14、15、16、17
D18S51	BTR2	8、9、10、10.2、11、12、13、13.2、14、14.2、15、16、17、17.2、18、18.2、19、20、21、21.2、22、23、24、25、26、27、28
vWA	BTR2	11、12、13、14、15、16、17、18、19、20、21、22、23、24
FGA	BTR2	14、16、17、18、18.2、19、19.2、20、20.2、21、21.2、22、22.2、23、23.2、24、24.2、25、25.2、26、27、28、29、30、30.2、31.2、33、34、37.2、42.2、43.2、44.2、45.2、46.2、47.2、48.2、50.2、51.2
QS1	BTP	Q、S
D16S539	BTP	5、8、9、10、11、12、13、14、15
CSF1PO	BTP	5、6、7、8、9、10、11、12、13、14、15、16
D13S317	BTP	5、6、7、8、9、10、11、12、13、14、15、16、17
D5S818	BTP	6、7、8、9、10、11、12、13、14、15、16、17、18
D7S820	BTP	5、6、7、8、9、10、11、12、13、14、15、16
QS2	BTP	Q、S

---

有关 Investigator 26plex 等位基因阶梯中未包含的已知微变体的信息，请参见国家标准与技术研究院 (NIST) 网站 ([strbase.nist.gov](http://strbase.nist.gov))。

# 相关问题解决向导

相关问题解决向导能帮助解决可能出现的任何问题。如果想要获得更多相关信息，请登录我们技术支持中心网址：[www.qiagen.com/FAQ/FAQList.aspx](http://www.qiagen.com/FAQ/FAQList.aspx)。QIAGEN 技术服务部门的专家将非常乐意解答您有关本手册中信息和方案或有关一般性样本和检测技术的问题。如想获取联系信息，请浏览 [www.qiagen.com](http://www.qiagen.com)。

意见和建议	
<b>不平衡轮廓、低信号</b>	
a) 快速反应混合液或引物混合液的体积不正确	检查反应设置并重复扩增。
b) 主混合液在分配前没有涡旋	彻底涡旋主混合液，并短暂进行离心处理。
<b>标准试验中 QS1 和/或 QS2 的峰高降低</b>	
质量传感器轻微的峰高分散是常见现象，不受抑制因子的影响。	在验证过程中，分析师应评估与其特定样本类型相关的常规变化光谱，并为两个 QS 定义一个常规峰高范围。当 QS2 信号下降到 QS1 信号的 20% 以下时，表明 PCR 反应受到抑制。
<b>质量传感器峰的主导性</b>	
QS1 和 QS2 峰主导性过强。	使用 GeneMapper ID-X 软件，在“Display Settings”（显示设置）下为“all-dye range”（所有染色范围）选择一个新设置进行放大。该范围应在 QS1 和 QS2 之间。 <b>重要提示：</b> 此外，在“Analysis Method Editor”（分析方法编辑器）中的“peak detector”（峰检测器）下，将尺寸调用（范围：尺寸调整）调整为 75 → 450。
<b>样本制备</b>	
必须增强样本信号强度。	将 DNA Size Standard (BTO) 的容量降低至约 500 RFU 的峰高。 在开始分析之前，提纯 PCR 产品。我们建议使用 MinElute® PCR Purification Kit（目录编号：28004 和 28006）进行快速、有效的提纯。
<b>基质/光谱校准不适合</b>	
带最新基质/光谱校准的染色剂板（B、G、Y、R、P、O）之间有拔起峰。	此基质不可用于分析。重复基质生成/光谱校准。务必认真遵循特定分析仪器的正确操作规程。

---

## 意见和建议

---

### 大量峰在样本中被标记为稀有 (OL) 等位基因

- |  |  |
|--|--|
| a) DNA Size Standard 24plex (BTO) 或 DNA Size Standard (BTO) 450 的定义或识别不正确。                           | 在 GeneMapper <i>ID</i> 或 GeneMapper <i>ID-X</i> 软件的上部工具栏中单击“Size Match Editor”（尺寸匹配编辑器）橙色图标。标记所有样本的橙色片段。<br><br>始终为 Investigator Human Identification PCR Kit 使用 DNA Size Standard 24plex (BTO) 或 DNA Size Standard (BTO) 450。 |
| b) 信号强度过高。如果使用 Applied Biosystems 3500/3500xL Genetic Analyzer 时样本的峰高不在线性检测范围内，出现扫描残迹、裂峰和伪像的情况可能会增加。 | 将注射时间增量最小值降为 1 s，降低分析用 PCR 扩增产品量，或降低 PCR 用 DNA 量。  |
| c) 毛细管中的气泡可导致所有颜色面板（“尖峰”）中出现拔起峰，导致等位基因误称。  | 重复电泳，以确认结果。检查仪器制造商建议的最大注射次数。如有必要，设置新的毛细管阵列。  |
| d) 多毛细管分析仪毛细管运行性能的差异可导致等位基因分配改变。   | 为确保多毛细管分析仪上等位基因的可靠分配，应运行几个等位基因阶梯。  |
| e) 低室温或低 CE 缓冲液温度可能导致片段迁移移位或 OL 峰。   | 确保环境条件与仪器制造商的建议保持一致。确保缓冲液已适应环境条件。仪表制造商建议预热 CE 仪表（约 30 分钟）。   |

### 等位基因阶梯注射/存储不恰当

- |   |   |
|---|---|
| a) 由于电泳期间出现功能异常，其他信号可被认定为等位基因阶梯峰。如果等位基因阶梯峰被误称，则该阶梯不可用于分析。 | 使用等位基因阶梯的不同注射/文件并通过等位基因阶梯中的尺寸标准（单位 bp）检查已分析尺寸的数据。<br><br>始终为 Investigator Human Identification PCR Kit 使用 DNA Size Standard 24plex (BTO) 或 DNA Size Standard (BTO) 450。 |
| b) 由于等位基因阶梯的一个峰位于所用分析方法峰检测值 (50 – 200 RFU) 以下，因此无法识别。     | 在高于已分析样本的浓度时，必须将等位基因阶梯加载到分析仪器上。<br><br>此外，还可利用分析软件中的较低峰检测值对运等位基因阶梯数据进行分析。   |
| c) 由于等位基因阶梯的一个峰不在软件的预期尺寸范围（单位 bp）内，因此无法识别。                | 将等位基因阶梯一种颜色中第一个等位基因的片段长度（单位 bp）与此类别中的相应值进行比较。然后，将其与其他等位基因进行比较。  |
| d) 未找到点等位基因。  | 点等位基因是与邻近整体等位基因有 1 bp 差异的等位基因。检查分析方法的设置。将峰窗口尺寸值设置为 11 个点。   |



---

## 参考

1. Bär, W. et al. (1997) DNA recommendations: Further report of the DNA Commission of the ISFH regarding the use of short tandem repeat systems. Int. J. Legal Med. 110, 175 – 176.

## 附录 A：结果解读

利用合适分析软件进行后期 PCR 分析和自动等位基因分配可确保等位基因鉴别准确、可靠。

### 分析的一般程序

1. 检查 DNA Size Standard。
2. 检查等位基因阶梯。
3. 检查阳性对照品和阴性对照品。
4. 分析并说明样本数据。

### 拔起峰

如果峰高超出线性检测范围（“相关问题解决向导”）或应用了不正确的基质，则可能会出现拔起峰。它们出现在其他彩色通道内特定峰位置，通常具有较低的信号强度。为防止拔起峰，峰高不应超过阈值。

### 扫描残迹峰

扫描残迹峰的出现取决于重复结构次序和等位基因数。四核苷酸 STR 基序扩增期间， $n - 4$ （ $n$  减 4）峰受重复单元损失和 *Taq* DNA Polymerase 的滑脱效应造成，而  $n - 3$  峰则出现在三核苷酸 STR 基序 D22S1045 扩增期间。应利用 GeneMapper ID-X 软件的 Investigator 模板文件对这些峰进行解读。

### 核苷酸的模板单独添加

由于其末端转脱氧核苷酰酶活力，*Taq* DNA Polymerase 可使扩增 DNA 片段的 3'末端腺苷酰作用不完整。伪峰比预期短一个基准（- 1 峰）。Investigator 26plex QS Kit 中包含的所有引物用于最小化这些伪峰。伪峰高度与 DNA 量有关。实验室应定义其限制，以便对峰进行分析。

---

## 伪峰

室温可能会影响多毛细管仪器上 PCR 产品的性能，因此可能出现肩峰或裂峰。如出现肩峰或裂峰，我们建议重新注射样本。确保环境条件与仪器制造商的建议保持一致。确保缓冲液已适应环境条件。

---

## 附录 B：使用 Investigator 26plex QS Kit 时的不同 PCR 体积

Investigator 26plex QS Kit 可以使用一半反应混合液体积（快速反应混合液 + 引物混合液）运行。请注意，虽然我们已经成功地测试了此处所述的减量反应体积，但是在使用试剂盒手册中推荐的完整反应体积时，总体成功率仍然最高。

# 订购信息

产品名称	内容物	目录编号
Investigator 26plex QS Kit (100)	引物混合液、快速反应混合液，包括 <i>Taq</i> DNA 聚合酶、对照品 DNA、等位基因阶梯 26plex 和无核酸酶水	382615
Investigator 26plex QS Kit (400)	引物混合液、快速反应混合液，包括 <i>Taq</i> DNA 聚合酶、对照品 DNA、等位基因阶梯 26plex 和无核酸酶水	382617
相关产品		
Matrix Standard BT6 (50)	6-FAM、BTG、BTY、BTR2、BTP 和 BTO 基质标准，适用于 Applied Biosystems 3500 Genetic Analyzer	386224
DNA Size Standard 450 (BTO) (100)	用于进行 100 次反应的带 13 片段 DNA Size Standard	386045
DNA Size Standard 24plex (BTO) (100)	用于进行 100 次反应的带 26 片段 DNA Size Standard	386035
Investigator Human Identification PCR Kit		
Investigator Quantiplex Pro Kit (200)	用于 Applied Biosystems 7500 Real-Time System: Quantiplex Pro Reaction Mix、Quantiplex Pro Primer Mix、Quantiplex Pro Control DNA M1、QuantiTect Nucleic Acid Dilution Buffer	387216

产品名称	内容物	目录编号
Investigator Quantiplex Pro RGQ Kit (200)	用于 QIAGEN RotorGene Q Real-Time System: Quantiplex Pro RGQ Reaction Mix、Quantiplex Pro RGQ Primer Mix、Male Control DNA M1、QuantiTect Nucleic Acid Dilution Buffer	387316
Investigator Quantiplex HYres Kit (200)	Reaction Mix FQ、Primer Mix IC YQ、Control DNA M1、QuantiTect Nucleic Acid Dilution Buffer	387116
Investigator Quantiplex Kit (200)	Reaction Mix FQ、Primer Mix IC FQ、Control DNA M1、QuantiTect Nucleic Acid Dilution Buffer	387016

有关设备许可的相关最新信息以及产品的特定免责声明，请参阅相应的 QIAGEN 试剂盒手册或用户手册。QIAGEN 试剂盒手册和用户手册可从 [www.qiagen.com](http://www.qiagen.com) 或 QIAGEN 技术服务部以及您当地的经销商联系处取得。

# 文档修订历史

日期	更改
08/2019	初次发布

Investigator 26plex QS Kit **有限许可协议**

使用本产品表示本产品的任何购买者或使用用户同意遵循如下条款：

1. 本产品在使用时只能遵守本产品随附的操作规程和本手册，且只能与试剂盒内包含的组件协同使用。除了本产品随附的操作规程、本手册以及 [www.qiagen.com](http://www.qiagen.com) 中提供的其他操作规程中所述的情况，QIAGEN 并未在其任何知识产权下许可将本试剂盒的所含组件与本试剂盒中未包含的任何组件协同使用或者相整合。其中一些附加操作规程可能是由 QIAGEN 用户为 QIAGEN 用户提供的。这些操作规程未经 QIAGEN 彻底测试或优化。QIAGEN 既不对其进行担保，也不保证其没有侵犯第三方的权利。
2. 除非相关许可明确说明，否则 QIAGEN 并不保证本试剂盒和/或其使用不会侵犯第三方的权利。
3. 本试剂盒及其组件为一次性用品，不可重复使用、翻新或转卖。
4. 除了明确陈述的许可外，QIAGEN 否认提供任何其他明示或暗示许可。
5. 本试剂盒的购买者和使用者同意不采取、也不允许其他人采取任何步骤来实施或推动实施以上禁止的任何行为。为行使本“有限许可协议”条款的规定内容或者保护本试剂盒和/或其组件的知识产权，QIAGEN 可能会在法庭上执行本协议的相关禁令，并追讨所有调查和诉讼费用（包括律师费）。

如需获得更新的许可条款，请访问 [www.qiagen.com](http://www.qiagen.com)。

商标：QIAGEN®、Sample to Insight®、Investigator®、MinElute®、Rotor-Gene® (QIAGEN Group)；Applied Biosystems®、FAM™、GeneAmp®、GeneMapper®、Hi-Di™、POP.4®（赛默飞世尔科技或其子公司）；Biometra® (Biometra Biomedizinische Analytik GmbH)；Bio-Rad® (Bio-Rad Laboratories, Inc.)；Eppendorf®、Mastercycler® (Eppendorf AG)；GenBank®（美国卫生与公众服务部）。本文中使用的注册名称、商标等，甚至在没有专门如此标记时，也不得视为不受法律保护。

08/2019 HB-2681-001 © 2019 QIAGEN，保留所有权利。

---

注



---

注

