

HuGen Tracer C2 二代测序STR分型试剂盒



HuGen Tracer C2二代测序STR分型试剂盒，是专为法医应用开发的STR高通量检测试剂盒。通过多重扩增技术，一次性检测78个常染色体STR位点、90个Y染色体STR位点，以及3个性别位点，位点覆盖GB/T 41009-2021中所有常染色体和Y染色体的核心、优选位点，符合中国公安部的打拐基因座要求，且满足生物学半同胞关系鉴定技术规范中不少于73个常染色体位点的要求。适用于个人识别、Y家系排查、数据库建设，为疑难案件检测、复杂亲缘鉴定提供助力。

位点信息

位点类型	位点数量	具体信息
A-STR	78	所有A、B类位点，35个C类位点，14个其他位点
Y-STR	90	所有A、B类位点，53个C类位点，2个其他位点
性别	3	Amelogenin, Y indel, SRY



产品优势

● 权威位点覆盖, 贴合实战需求

- 1) 聚焦常、Y染色体基因座, 包含核心、优选位点
- 2) 满足生物学半同胞关系鉴定技术规范“常染色体位点 ≥ 73 个”的要求
- 3) 适用于个人识别、Y家系排查、数据库建设、案件检测、半同胞鉴定

● 操作智能简化, 使用便捷灵活

- 1) 直接扩增, 兼容提取, 适用检材广泛
- 2) 二轮PCR完成文库构建, 无需额外操作
- 3) 全流程自动化, 手动操作缩短至1h
- 4) 通量可选, 应对不同样本量和不同应用场景

● 二代测序建库, 助力疑难案件

- 1) 灵敏度可达0.1ng, 对0.1ng以下样本有较高检出率和准确性
- 2) 对PCR抑制剂有良好耐受性
- 3) 常见非人源物种无扩增或低于检出限
- 4) 扩增子长度150-300bp, 适合微量、降解检材

● 专业分析系统, 数据解读可靠

- 1) 专业的分析平台, 科学的数据解析助力法医应用
- 2) STR分型、侧翼突变识别、异常基因座智能提示
- 3) 提供同一比对、亲缘鉴定、数据库上传等功能
- 4) 多样本并行分析, 快速报告, 数据自动化传输

性能描述

9948标准品在不同起始量下的检出率

检出率(%)	1M	0.5M	0.25M	0.1M
1ng	100	100	100	100
0.5ng	100	100	100	100
0.25ng	100	100	100	100
0.125ng	100	100	100	98.83
0.0625ng	100	100	99.42	96.49

1ng 9948标准品在不同浓度的抑制剂下的检出率

检出率(%)	50	100	150
靛蓝(μ M)	100	100	99.95
腐殖酸($\text{ng}/\mu\text{L}$)	100	100	100
血红素(μ M)	100	100	98.75

9948标准品在不同起始量下的准确性

准确性(%)	1M	0.5M	0.25M	0.1M
1ng	100	100	100	100
0.5ng	100	100	100	100
0.25ng	100	100	100	99.42
0.125ng	100	100	100	97.07
0.0625ng	100	100	98.25	95.32

1ng 9948标准品在不同浓度的抑制剂下的准确性

准确性(%)	50	100	150
靛蓝(μ M)	100	100	99.95
腐殖酸($\text{ng}/\mu\text{L}$)	100	100	100
血红素(μ M)	100	100	98.65

