



# IndelCheck™ CRISPR/TALEN 插入缺失 检测体系

**Cat. No. ICPE-050**

**Cat. No. ICPE-200**

**Cat. No. TENI-050**

**Cat. No. TENI-200**

**Cat. No. TPCR-050**

**Cat. No. TPCR-200**

**Cat. No. IC007**

**Cat. No. IC008**

## 用户手册

广州高新技术产业开发区  
广州科学城掬泉路3号  
广州国际企业孵化器F区8楼  
510663

电话：4006-020-200；020-32068595

传真：020-32052877

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

# 用户手册

## IndelCheck™ CRISPR/TALEN 插入缺失检测体系

I. 技术简介.....	3
II. 试剂盒内容及储藏条件.....	4
III. 实验流程概览.....	6
IV. 实验步骤.....	7
1. 引物设计.....	7
2. 样品准备.....	7
3. 靶点PCR及产物处理.....	8
4. 解链和退火.....	10
5. T7 核酸内切酶 I 酶切检测.....	10
6. 凝胶电泳分析.....	10
7. 测序验证.....	11
V. 疑难解析.....	12
VI. 附录.....	14
VII. 有限使用许可及质保声明.....	20

## I. 技术简介

CRISPR/TALEN 介导的特异位点 DNA 双链断裂 (DSBs) 可被细胞的非同源末端连接 (NHEJ) 机制修复,而这种机制的修复常常会在 DSB 位点引入插入缺失突变。通过 PCR 对靶点区域的序列进行扩增,PCR 产物经过解链和退火后会就会形成带有错配的杂合 DNA (如野生型/插入缺失突变型错配,或 突变1/突变2型错配)。这些退火后的 PCR 片段与只识别和剪切错配的 DNA 双链的 T7 核酸内切酶 I 混合进行孵育。如果酶切产物跑胶出现两条长度如预期的较短条带,通常就意味着 CRISPR/TALEN 成功地在基因组靶点上引入了插入缺失突变。

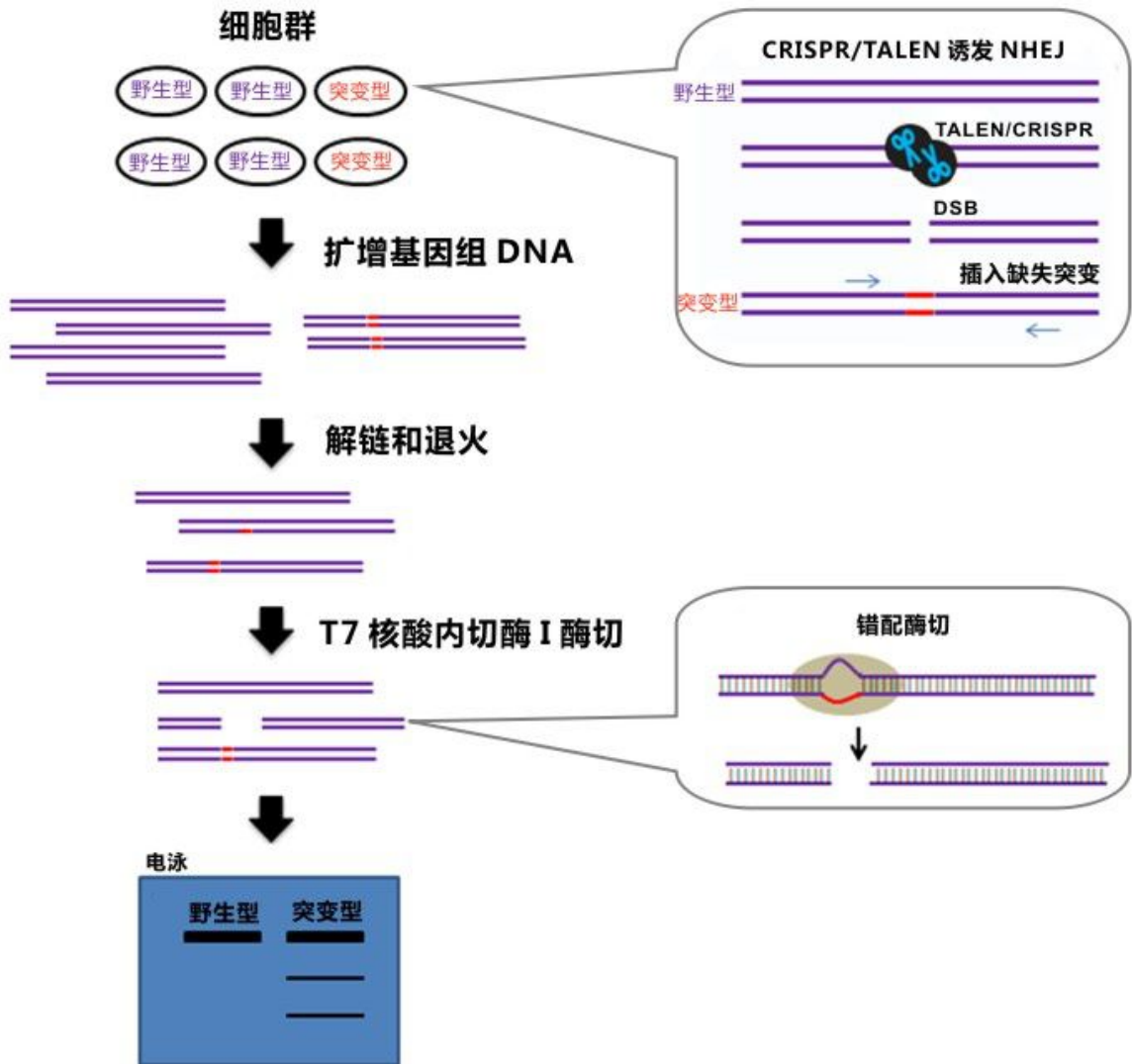


图 1. 使用错配酶切方法进行 CRISPR 或 TALEN 功能验证

## IndelCheck™ CRISPR/TALEN 插入缺失检测体系

IndelCheck™ CRISPR/TALEN 插入缺失检测体系 (ICPE-050, ICPE-200) 是一套设计用于验证基因组编辑工具功能或检测编辑阳性细胞的完整体系。它包括了靶点 PCR 试剂盒 (TPCR-050, TPCR-200)、T7 核酸内切酶 I 检测试剂盒 (TENI-050, TENI-200) 以及靶点 PCR 克隆试剂盒 (IC007, IC008)。试剂盒的所有组分都经过整体优化, 务求能在功能验证和阳性检测试验中获得最佳表现。

靶点 PCR 试剂盒为能实现高效的靶点 PCR 扩增进行过专门的优化。试剂盒含有专用的裂解缓冲液, 无需另外分离基因组 DNA 进行 PCR。试剂盒的 SuperHeRo DNA polymerase 能高效高保真地对靶点序列进行扩增, 生成的 PCR 产物适用于链接平端或黏端的多种测序载体。GeneCopoeia 也提供靶点 PCR 引物设计及合成服务。

T7 核酸内切酶 I 检测试剂盒包含 T7 核酸内切酶 I。T7 核酸内切酶 I 能识别并剪切杂合双链 DNA, 是错配酶切检测的关键。本试剂盒也提供靶点 PCR 和错配酶切的正对照。

靶点 PCR 克隆试剂盒包含 Solution I & II 组成的克隆体系, 能将靶点特异 PCR 产物克隆到已经线性化的载体 pTSC 上, 方便对靶点区进行测序确证。本试剂盒也提供 pTSC 载体的检测引物。

### 优势

- 简化您的 CRISPR/TALEN 功能验证、基因敲除克隆筛选以及序列确证
- 靶点序列 PCR 扩增能力强大, 无需分离基因组
- 优化过的 T7 核酸内切酶 I 检测系统, 含阳性对照, 易于上手

## II. 试剂盒内容及储藏条件

## IndelCheck™ CRISPR/TALEN 插入缺失检测体系 (ICPE-050, ICPE-200)

T7 核酸内切酶 I 检测试剂盒有两种规格:

50个反应 试剂盒 (Catalog No. TENI-050)

200个反应试剂盒 (Catalog No. TENI-200)

内容	总量 50 个反应 200 个反应	运输条件	储存条件
酶切反应试剂			
T7 Endonuclease I (2U/μL)	100 μL 400 μL	冰袋	-20°C 下能稳定储存至少 12 个月
10× T7EN Buffer	100 μL 400 μL	冰袋	-20°C 下能稳定储存至少 12 个月
阳性对照试剂			
Control template & primer mix	200 μL 800 μL	冰袋	-20°C 下能稳定储存至少 12 个月

靶点 PCR 试剂盒有两种规格:

50个反应 试剂盒 (Catalog No. TPCR-050)

200个反应 试剂盒 (Catalog No. TPCR-200)

内容	总量 50 个反应 200 个反应	运输条件	储存条件
Lysis Buffer <sup>NEW</sup>	650 μL × 2 650 μL × 8	冰袋	-20°C 下能稳定储存至少 12 个月
5XPCR Buffer	250 μL 1 mL	冰袋	-20°C 下能稳定储存至少 12 个月
5XEnhancer	250 μL 1 mL	冰袋	-20°C 下能稳定储存至少 12 个月
20mM Mg <sup>2+</sup>	125 μL 500 μL	冰袋	-20°C 下能稳定储存至少 12 个月
25mM dNTP	10 μL 40 μL	冰袋	-20°C 下能稳定储存至少 12 个月
SuperHeRo DNA polymerase	12.5 μL 50 μL	冰袋	-20°C 下能稳定储存至少 12 个月

靶点 PCR 克隆试剂盒有一种规格：

20 个反应 试剂盒（Catalog No. IC008）

100 个反应 试剂盒（Catalog No. IC008）

内容	总量 20 个反应 100 个反应	运输条件	储存条件
pTSC Vector (linearized)	20 $\mu$ L 100 $\mu$ L	冰袋	-20°C 下能稳定储存至少 12 个月
Solution I	100 $\mu$ L 500 $\mu$ L	冰袋	-20°C 下能稳定储存至少 12 个月
Solution II	200 $\mu$ L 1 mL	冰袋	-20°C 下能稳定储存至少 12 个月
Control Insert	20 $\mu$ L 100 $\mu$ L	冰袋	-20°C 下能稳定储存至少 12 个月
pTSC_F Primer	20 $\mu$ L 100 $\mu$ L	冰袋	-20°C 下能稳定储存至少 12 个月
pTSC_R Primer	20 $\mu$ L 100 $\mu$ L	冰袋	-20°C 下能稳定储存至少 12 个月

**注意事项：**

收到试剂盒后请将所有组分储存在 -20°C。

**其他所需实验材料**

以下材料为实验所需，但并不随附试剂盒提供：

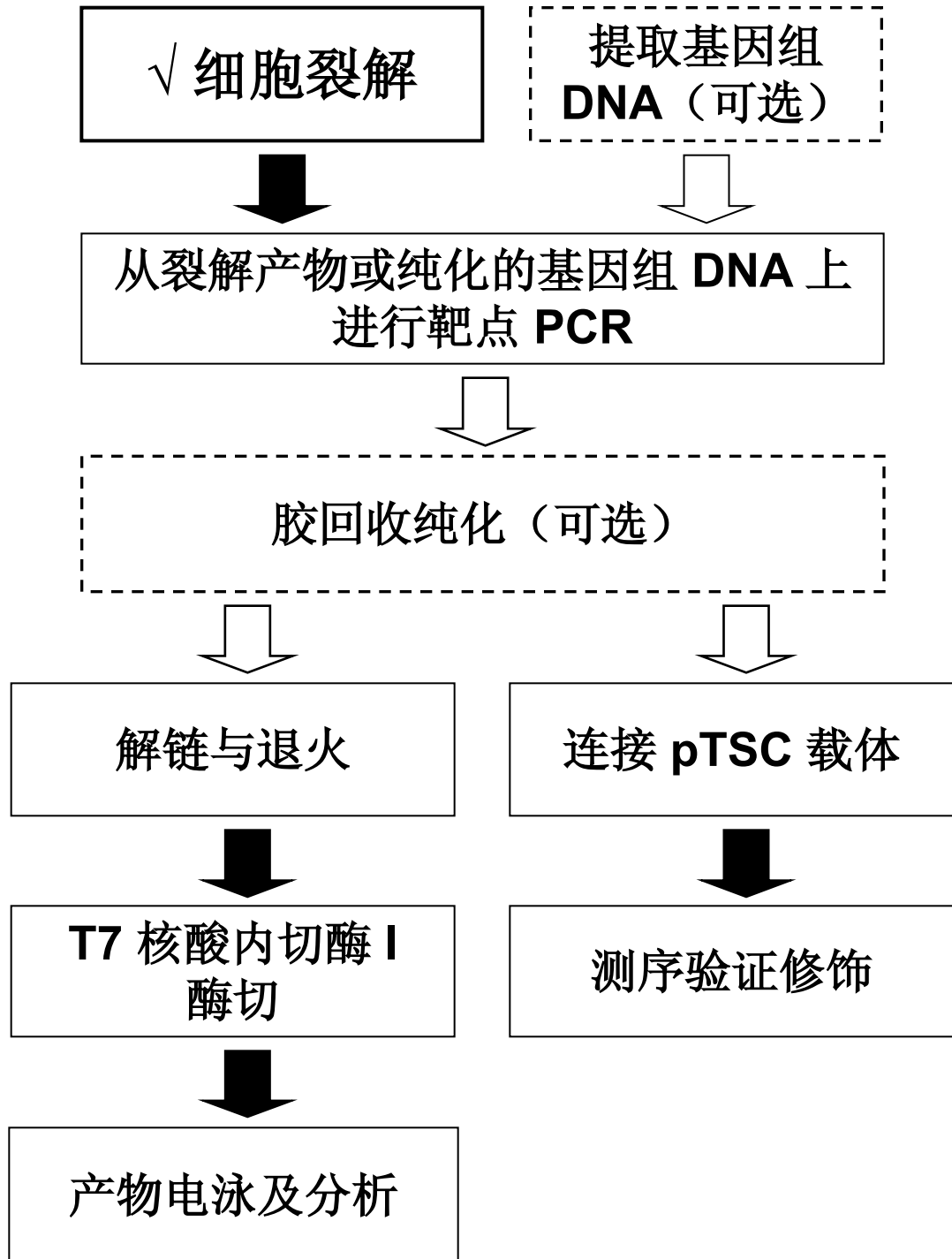
**靶点特异 PCR 引物， $T_m \geq 60^\circ\text{C}$ ：**引物应设计在 TALEN 或 sgRNA 靶点的两侧，扩增一段约为 500-800 bp 的片段，并使 TALEN 或 sgRNA 的剪切位点位于偏离扩增片段中心约 100 bp 的位置。设计时应尽可能确保引物对于该靶点的特异性。避免使用含有次黄嘌呤的引物。设计时应避免扩增到潜在的 SNP 位点或等位基因存在序列差异的位点。

*注：我们强烈建议您在进行引物设计和任何实验前先获取您所使用的细胞系基因组上的靶点序列信息。哺乳动物细胞通常是二倍体，等位基因间有可能存在序列差异。在设计靶点 PCR 引物时应避免扩增类似的位点，否则可能会导致 T7 核酸内切酶在消化阴性对照样本时发生误切。我们在附录 4 提供使用在线工具查阅潜在 SNP 位点的详细步骤。*

**\*GeneCopoeia 也提供靶点特异 PCR 引物设计与合成服务。**

**ddH<sub>2</sub>O。**避免使用高温高压灭菌过的 H<sub>2</sub>O。高温高压灭菌锅内循环的蒸汽有时会带进污染物。污染物可能会对 PCR 产生干扰。

#### IV. 实验步骤



## IV. 实验步骤

本章节将为使用 IndelCheck™ CRISPR/TALEN 插入缺失检测体系验证 CRISPR sgRNA 或 TALEN 对染色体上基因组序列的酶切活性提供指引。

除了在前一章所展示的实验步骤以外，我们也会提供简单的 PCR 引物设计和实验样品准备指引。如果您在完成所有步骤前停下实验，请将您的 PCR 或 酶切产物储存在  $-20^{\circ}\text{C}$ ，直到您重新开始进行下一步实验。请避免反复冻融产物。

我们建议初次使用的用户使用试剂盒提供的阳性对照试剂进行阳性对照 PCR。该 PCR 的产物能在解链和退火步骤以及错配酶切中作为对照。

### 1. 引物设计

1) 靶点 PCR 引物的  $T_m$  值应不低于  $62^{\circ}\text{C}$ 。

2) 为取得最佳效果，扩增产物的大小应为约 500~800bp。

3) 设计引物时，应注意让 CRISPR sgRNA 或 TALEN 的剪切位点偏离 PCR 扩增产物的重点约 100 bp。这能使的酶切产物的条带跑胶结果易于区分。

### 2. 样品准备

#### ● 方法 1: 提取基因组 DNA

a) 收集细胞（不少于每孔  $\sim 10^6$  个细胞）。

b) 按您选择的方法提取基因组 DNA，或依照提取试剂盒生产商提供的实验步骤进行。确保基因组 DNA 溶液浓度至少为  $25\text{ng}/\mu\text{L}$ 。

#### ● 方法 2: 裂解细胞

a) 收集细胞至离心管中，3000 rpm 冷冻离心 5 min，小心去除上清的培养基。

b) 加入  $300\mu\text{L} 1\times\text{PBS}$ ，用枪头吹打重悬细胞，3000 rpm 冷冻离心 5 min，小心去除上清。

c) 加入  $300\mu\text{L} 1\times\text{PBS}$ ，用枪头吹打再次悬浮细胞。如果需要计数，则在这一步用 PBS 重悬时取部分细胞进行。3000 rpm 冷冻离心 5 min，尽可能地去除上清（关键）。沉淀所得细胞进行裂解，或储存于  $-80^{\circ}\text{C}$ 。

d) 加入  $25\mu\text{L}$  Lysis Buffer， $65^{\circ}\text{C}$  孵育 15 min， $95^{\circ}\text{C}$  灭活 10 min，迅速置于冰上。

*注：Lysis Buffer 的具体用量可根据细胞数目进行调整。我们建议每  $25\mu\text{L}$  的 Lysis Buffer 裂解 50,000 至  $5\times 10^5$  个细胞。如需裂解一个 96 孔板孔内的细胞，建议加入 50-100  $\mu\text{L}$  Lysis buffer。如需裂解一个 6 孔板板孔内的细胞，建议加入 200-600  $\mu\text{L}$  Lysis Buffer。如您需要扩增  $> 1\text{kb}$  的片段时，我们建议延长裂解时间至 40 min，但是不宜超过 1h。*

*但大多数实验其实并不需要裂解所有细胞。您可以取适量进行裂解，其余细胞去除上清后储存在  $-80^{\circ}\text{C}$ ，或是继续培养。*



- e) 12000 rpm 冷冻离心 1 min。

*注：如果离心后还出现大量絮状物，说明裂解不完全。可以将上清转移至另一个离心管中，往沉淀中继续加入 25 μL Lysis Buffer 进行裂解。*

- f) 用靶点 PCR 试剂盒从细胞裂解物进行 PCR。细胞裂解物可以在 4 °C 下储存一周，或在 -20 °C 下储存数月，直至下一次使用。

### 3. 靶点 PCR 及产物处理

#### 1) 靶点 PCR

- a) 从提取的基因组 DNA 上进行 PCR，请参考下表配制含有靶点特异 PCR 引物的 PCR 反应体系：

组分	用量
5X PCR Buffer	5 μL
5X Enhancer (optional)	5 μL
基因组 DNA	50-200 ng
靶点 PCR 引物 (5 μM)	2 μL
25mM dNTP	0.2 μL
SuperHeRo DNA polymerase (5U/μL)	0.25 μL
20mM Mg <sup>2+</sup>	2.5 μL
ddH <sub>2</sub> O	加至 25 μL
总体积	25 μL

b) 从细胞裂解物上进行 PCR，请参考下表配制含有靶点特异 PCR 引物的 PCR 反应体系：

组分	用量
5X PCR Buffer	5 μL
5X Enhancer (可选)	5 μL
细胞裂解物	1* μL
靶点 PCR 引物 (5 μM)	2 μL
25mM dNTP	0.2 μL
SuperHeRo DNA polymerase (5U/μL)	0.25 μL
20mM Mg <sup>2+</sup>	2.5 μL
ddH <sub>2</sub> O	加至 25 μL
<b>Final</b>	<b>25 μL</b>

\*为避免PCR扩增效率不足，请依据细胞数调整加入的裂解物体积，保证每反应体系至少含有 2000 拷贝的模板。例如 HT1080 细胞系为二倍体，则每个 PCR 反应体系就需要至少 1000 个裂解细胞；如要在琼脂糖凝胶上获得清晰明亮的条带，一般需要约10,000 个裂解细胞进行反应。

注：对照 PCR 反应体系请见附录 3。

c) 使用以下程序进行 PCR：

94°C	5 min	1 cycle
94°C	30 s	} 35 cycs
58°C	30 s	
72°C	1 min	
72°C	5 min	1 cycle

注：PCR应产生足量且大小正确的单一条带。我们强烈建议您使用高保真的 DNA 聚合酶，以减少 PCR 过程中引入的突变。特异的 PCR 扩增产物可不经胶回收而直接用作 T7 核酸内切酶 I 酶切的底物。

- 2) 如 PCR 反应产生非特异扩增条带，可以使用胶回收纯化大小正确的 PCR 产物条带。请见附录 2 了解如何用胶回收纯化方法优化非特异性扩增产物的酶切结果。

#### 4. 解链和退火

- 1) 配制以下反应体系：

DNA (>25ng/μL)	200~500 ng
10X T7EN Buffer	2 μL
无核酸酶水	加至 19 μL
<b>总体积</b>	<b>19 μL</b>

如您使用的是GeneCopoeia 提供的靶点 PCR 试剂，可使用以下的反应体系：

未经纯化的 PCR 产物	200~500 ng (5~19μL)
无核酸酶水	加至 19 μL
<b>Total</b>	<b>19 μL</b>

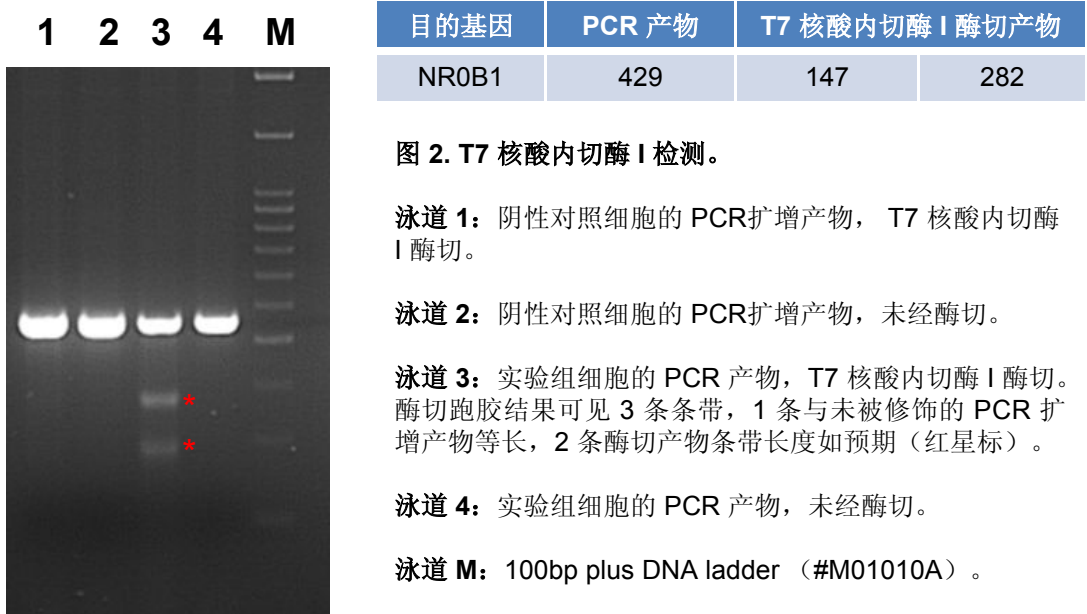
- 2) 混合并离心数秒。  
 3) 在 95°C 加热 5 分钟。  
 4) 将解链后的 PCR 产物冷却至室温退火。

#### 5. T7 核酸内切酶 I 酶切检测

- 1) 每反应体系加入 1 μL 浓度为 2U/μL 的 T7 核酸内切酶 I。  
 2) 在 37°C 反应 20-60 分钟。

#### 6. 凝胶电泳分析

- 1) 在每个酶切反应体系中加入 1/10 体积的 10 × loading buffer [with 0.1% SDS] 并混匀。  
 2) 将一半的反应体系混合物加到 2% agarose/EtBr 胶的孔中，在 TAE 或 TBE 缓冲液中进行电泳。  
 3) 在紧邻样品泳道的孔中加入 100bp DNA ladder (#M01010A) 一起跑胶，作为条带大小的参照。使用 5 V/cm – 11 V/cm 的条件进行电泳，直到溴酚蓝带迁移到凝胶长度的 2/3 处。



## 7. 测序验证（接步骤 3）

1) 请参考下表配制含有靶点特异 PCR 产物的 Solution I 体系：

靶点 PCR 产物	0.1 -0.3	pmol
Solution I	5	μL
ddH <sub>2</sub> O	加至 10	ddH <sub>2</sub> O
<b>Total</b>	<b>10</b>	<b>μL</b>

2) 37°C 反应 30 分钟,75°C 加热 10 分钟；

3) 加入 1 μL 载体到步骤 2) 的溶液中，再加入 9 μL solution II，混合均匀，16°C 反应 30 分钟（延长连接时间效果更佳）；

4) 取 3 μL 体系步骤 3) 的反应液加入至 100 μL DH5a 感受态细胞中，冰浴 30 分钟；

5) 42°C 加热 45 秒钟后，再冰浴 2 分钟；

6) 加入 400 μL SOC 培养基，37°C 振荡培养 1 小时；

7) 将步骤 6) 中在含有 X-Gal、IPTG、Amp 的 L-琼脂平板培养基上培养，形成单菌落。计数白色、蓝色菌落；

8) 挑选白色菌落送测（或 PCR 法确认载体中插入片段的长度大小）；

## VI. 疑难解析

### 酶切分析 疑难解析

问题	可能的原因	建议解决方法
切出非预期大小的条带	PCR 产物中含有非特异扩增条带	<ul style="list-style-type: none"> <li>• 胶回收纯化 PCR 产物，确保您用于酶切的 PCR 扩增产物是条带单一的（见附录的图 4）</li> <li>• 优化 PCR 引物的设计</li> <li>• 优化 PCR 反应条件</li> </ul>
看不到预期的酶切产物条带	T7 核酸内切酶 I 活性太低	<ul style="list-style-type: none"> <li>• 如果阳性对照也观察不到酶切产物条带，请在酶切反应体系添加 <math>MnCl_2</math> 至终浓度为 10mM 来增加 T7 核酸内切酶 I 的活性。</li> </ul>
酶切后出现弥散条带或底物被降解	不正确的酶切反应温度	<ul style="list-style-type: none"> <li>• 请确保您的酶切体系是在 37°C.进行反应的。</li> </ul>
	反应时间过长	<ul style="list-style-type: none"> <li>• 避免酶切反应超过 1 个半小时。</li> </ul>
	退火反应效果不佳	<ul style="list-style-type: none"> <li>• 在热水浴中进行解链和退火。让反应体系随水浴一起自然降温。</li> <li>• 在敏感度良好的 PCR 仪进行解链和退火，步骤如下： (1) 95°C 5min (2) 94°C(-2°C/cycle), 10-20 sec (3) 93°C(-2°C/cycle), 10-20sec 然后回到 step (2),34 cycles</li> </ul>
酶切得到的DNA 条带太弱，无法看清	PCR 引入点突变	<ul style="list-style-type: none"> <li>• 确保在靶点 PCR 使用高保真的 DNA 聚合酶。</li> </ul>
	基因组修饰的阳性率低	<ul style="list-style-type: none"> <li>• 如果可能的话，请尽量优化您基因组编辑实验的条件（如设计新的 CRISPR sgRNA 或 TALEN）。</li> </ul>
	上样的 DNA 量不足	<ul style="list-style-type: none"> <li>• 保证 DNA 上样量在凝胶上可见。此外，确保每个泳道的 PCR 产物 DNA 上样量相等。</li> </ul>

靶点 PCR 疑难解析

问题	可能的原因	建议解决方法
看不到预期条带	PCR 条件不佳	<ul style="list-style-type: none"> <li>分析您的靶点序列。如果 GC 值低于 40%，不要在 PCR 反应体系里加入 5×Enhancer。</li> </ul>
	PCR 模板浓度太低	<ul style="list-style-type: none"> <li>提取并纯化基因组 DNA 来更好地控制模板浓度。</li> </ul>
	裂解不完全	<ul style="list-style-type: none"> <li>在加入 Lysis Buffer 前尽可能除去 PBS，否则残留的 PBS 会稀释 Lysis Buffer。</li> <li>在裂解细胞前，使用血球计数板或细胞计数器计算细胞数。根据细胞数目调整 Lysis Buffer 的体积。</li> </ul>
	PCR 引物设计不佳	<ul style="list-style-type: none"> <li>检查引物是否正确匹配模板</li> </ul>
非特异性扩增条带	PCR 条件不佳	<ul style="list-style-type: none"> <li>将退火温度提高到比 Tm 值高 0~5°C。</li> </ul>
	PCR 引物设计不佳	<ul style="list-style-type: none"> <li>检查引物设计，看是否存在非特异结合。如有需要，重新设计引物以改善特异性。</li> </ul>
	太多 DNA 聚合酶	<ul style="list-style-type: none"> <li>将 DNA 聚合酶的用量降低到 0.2 μL(1U)</li> </ul>
拖尾	PCR 模板浓度太高	<ul style="list-style-type: none"> <li>稀释模板浓度至原来的 1/2 甚至更低，重做 PCR。</li> </ul>
	太多 DNA 聚合酶	<ul style="list-style-type: none"> <li>将 DNA 聚合酶的用量降低到 0.2 μL(1U)</li> </ul>

## VII. 附录

### 1. 使用 IndelCheck™ 检测体系验证 CRISPR sgRNA 或 TALEN 的剪切活性

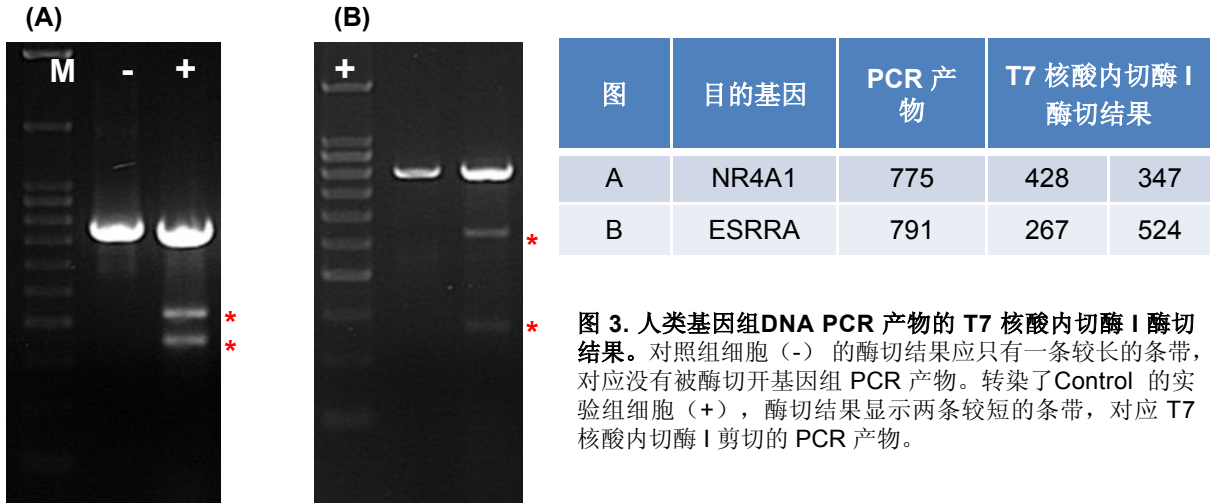
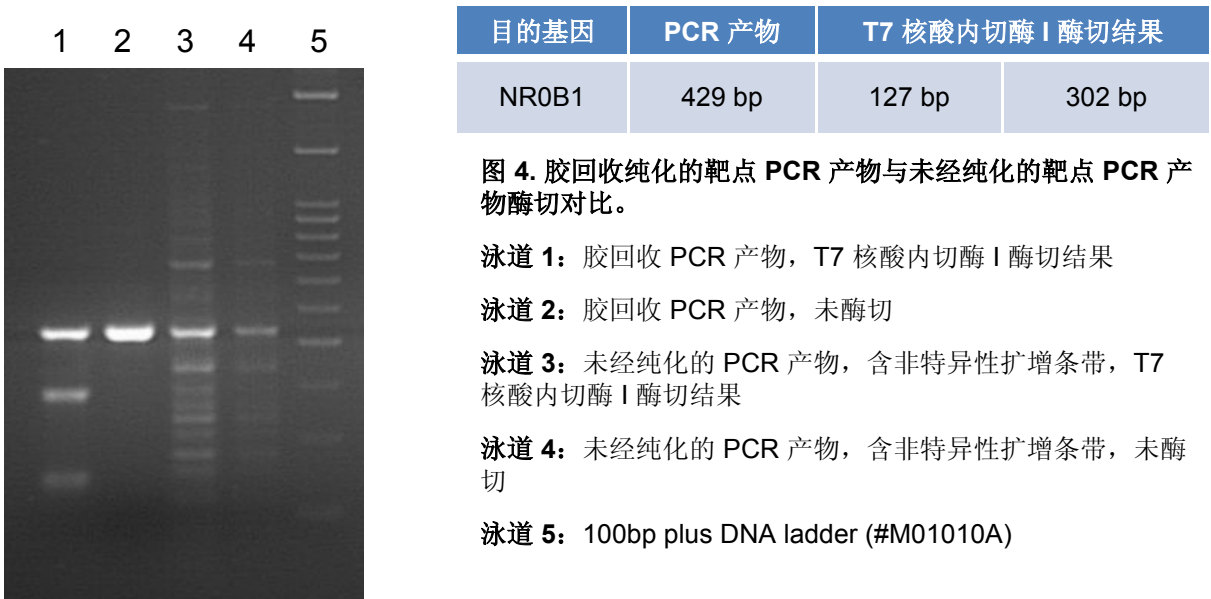


图 3. 人类基因组DNA PCR 产物的 T7 核酸内切酶 I 酶切结果。对照组细胞 (-) 的酶切结果应只有一条较长的条带，对应没有被酶切开基因组 PCR 产物。转染了Control 的实验组细胞 (+)，酶切结果显示两条较短的条带，对应 T7 核酸内切酶 I 剪切的 PCR 产物。

### 2. 用胶回收纯化方法优化非特异性扩增产物的酶切结果



**3. 使用 control template & primer mix 进行阳性对照靶点 PCR 及 T7 核酸内切酶 I 检测的实验步骤:**

1) 对照 PCR

a) 请参考下表准备对照 PCR 体系。

组分	用量
5 × PCR Buffer	5 μL
5 × Enhancer (optional)	5 μL
Control template & primer mix	4 μL
25mM dNTP	0.2 μL
SuperHeRo DNAPolymerase (5U/μL)	0.25 μL
20mM Mg <sup>2+</sup>	2.5 μL
ddH <sub>2</sub> O	加至 25 μL
<b>总体积</b>	<b>25 μL</b>

b) 使用以下程序进行 PCR:

94°C	5 min	1 cycle
94°C	30 s	} 35 cycs
58°C	30 s	
72°C	1 min	
72°C	5 min	1 cycle

2) 解链和退火

a) 使用 GeneCopoeia 靶点 PCR 试剂盒扩增所得的产物请使用如下体系:

未经纯化的 PCR 产物	200~500 ng (5~19μL)
无核酸酶水	加至 19 μL
<b>Total</b>	<b>19 μL</b>



- b) 混合并离心数秒。
- c) 在 95°C 加热 5 分钟。
- d) 将解链后的 PCR 产物冷却至室温退火。

3) T7 核酸内切酶 I 消化

- a) 加入 1 μL 浓度为 2U/μL 的 T7 核酸内切酶 I。
- b) 在 37°C 反应 20-60 分钟。

4) 凝胶电泳分析

- a) 在每个酶切反应体系中加入 1/10 体积的 10 × loading buffer [with 0.1% SDS] 并混匀。
- b) 将一半的反应体系混合物加到 2% agarose/EtBr 胶的孔中，在 TAE 或 TBE 缓冲液中进行电泳。
- c) 在紧邻样品泳道的孔中加入 100bp DNA ladder (#M01010A) 一起跑胶，作为条带大小的参照。使用 5 V/cm 的条件进行电泳，直到溴酚蓝带迁移到凝胶长度的 2/3 处。

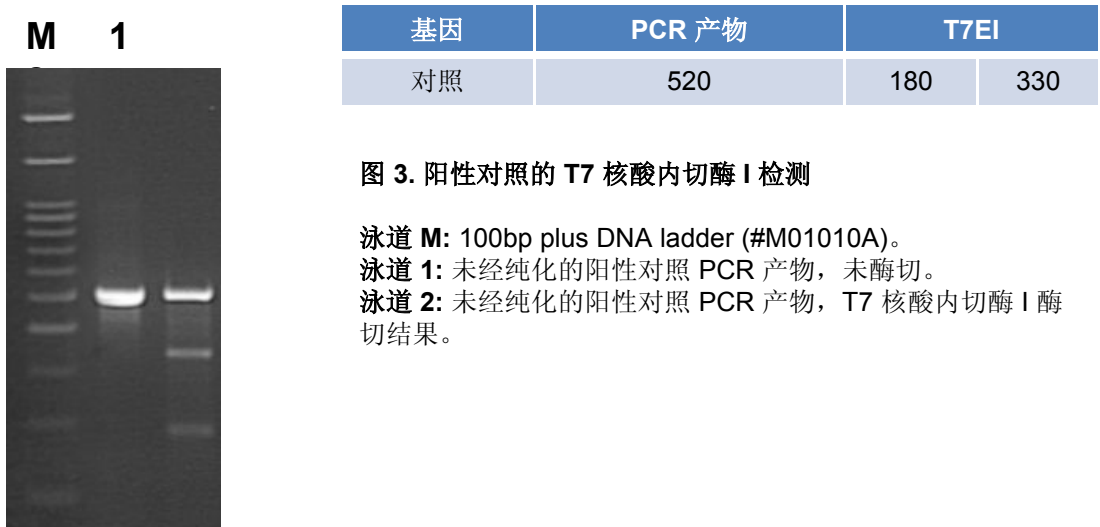


图 3. 阳性对照的 T7 核酸内切酶 I 检测

泳道 M: 100bp plus DNA ladder (#M01010A)。

泳道 1: 未经纯化的阳性对照 PCR 产物，未酶切。

泳道 2: 未经纯化的阳性对照 PCR 产物，T7 核酸内切酶 I 酶切结果。

**4. 使用靶点 PCR 克隆试剂盒的 Control insert 进行阳性对照克隆的实验步骤:**

1) 请参考下表配制含有靶点特异 PCR 产物的 Solution I 体系:

Control Insert	1	μL
Solution I	5	μL
ddH <sub>2</sub> O	加至 10	ddH <sub>2</sub> O
<b>Total</b>	<b>10</b>	<b>μL</b>

2) 37°C 反应 30 分钟,75°C 加热 10 分钟;

3) 加入 1 μL 载体到步骤 2) 的溶液中, 再加入 9 μL solution II, 混合均匀, 16°C 反应 30 分钟 (延长连接时间效果更佳);

4) 取 3 μL 体系步骤 3) 的反应液加入至 100 μL DH5a 感受态细胞中, 冰浴 30 分钟;

5) 42°C 加热 45 秒钟后, 再冰浴 2 分钟;

6) 加入 400 μL SOC 培养基, 37°C 振荡培养 1 小时;

7) 将步骤 6) 中在含有 X-Gal、IPTG、Amp 的 L-琼脂平板培养基上培养, 形成单菌落。计数白色、蓝色菌落;

8) 挑选白色菌落送测 (或 PCR 法确认载体中插入片段的长度大小);

**5. pTSC 载体引物信息 (随试剂盒提供):**

- pTSC\_F: 5'-ttcacacaggaacagctatgacc-3'
- pTSC\_R: 5'-cagggtttcccagtcacgac-3'

**6. 载体测序引物信息 (试剂盒不提供):**

• 正向引物:

RV-M: 5'-GAGCGGATAACAATTTACACAGG-3'

M13R(-48): 5'-AGCGGATAACAATTTACACAGGA-3'

PQE-F: 5'-TGAGCGGATAACAATTTACAC-3'

• 反向引物:

PMAL-C2X-R: 5'-CTGCAAGGCGATTAAGTTGG-3'

M13F(-47): 5'-CGCCAGGGTTTTCCCAGTCACGAC-3'

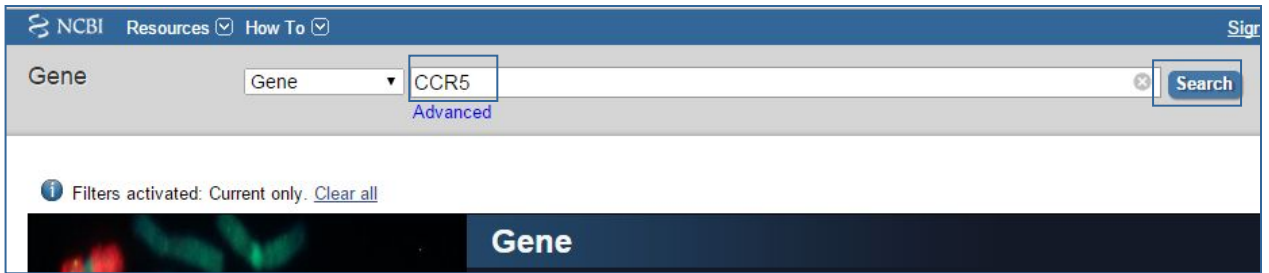
#### 4. 使用在线工具搜索潜在的SNP 位点

哺乳动物细胞一般是每个染色体都至少有两个拷贝，一个拷贝来自母亲，另一个来自父亲。两个拷贝的大部分序列都是一致的，但也有可能在某些位点存在 **SNP** 或者碱基差异等现象。此外，有些癌基因如 **P53** 常常会含有大量的突变。因此即使是在阴性对照，样本在经过解链和退火后也有可能产生 **T7** 核酸内切酶 I 可以切割的错配。这就是为什么我们要在设计靶点 **PCR** 引物时避开潜在的 **SNP** 位点。

我们强烈建议您在设计引物及进行任何实验前先获取您所使用的细胞系基因组靶点序列信息。NCBI 提供搜索基因潜在 **SNP** 位点信息的[教程](#)。我们在此提供一个简要的步骤说明。

##### ●用基因名搜索

1. 在 [Gene](#) 数据库使用基因名进行搜索。如您已知基因符号和物种，请按以下方式输入：  
`tpo[sym] AND human[orgn]`。



2. 点击搜索目的基因。

Did you mean CCR5 as a gene symbol?  
Search Gene for [CCR5](#) as a symbol.

**Results: 1 to 20 of 411**      << First < Prev Page 1 of 21 Next > Last >>

Filters activated: Current only. [Clear all](#) to show 417 items.

Name/Gene ID	Description	Location	Aliases	MIM
<input type="checkbox"/> <a href="#">CCR5</a> ID: 1234	chemokine (C-C motif) receptor 5 (gene/pseudogene) [ <i>Homo sapiens</i> (human)]	Chromosome 3, NC_000003.12 (46370142..46376206)	CC-CKR-5, CCCKR5, CCR-5, CD195, CKR-5, CKR5, CMKBR5, IDDM22	601

3. 点击右侧 **Links** 栏目的 "GeneView in dbSNP"。如页面没有出现此链接，说明该基因目前还没有已知的 SNP 位点。
4. 如您搜索的是人类基因，可以翻到点击右上方目录里的 **Variation**，然后进一步链接到 [Variation Viewer](#) 去查看 GRCh37/hg19 或 GRCh39/h38 序列拼接集，查看 [1000 Genomes Browser](#)，[ClinVar](#) 和其他更多选项。

### CCR5 chemokine (C-C motif) receptor 5 (gene/pseudogene) [ *Homo sapiens* (human) ]

Gene ID: 1234, updated on 17-May-2015

**Summary**

**Official Symbol** CCR5 provided by [HGNC](#)

**Official Full Name** chemokine (C-C motif) receptor 5 (gene/pseudogene) provided by [HGNC](#)

**Primary source** [HGNC:HGNC:1606](#)

**See related** [HPRD:03223](#); [MIM:601373](#)

**Gene type** protein coding

**RefSeq status** REVIEWED

**Organism** [Homo sapiens](#)

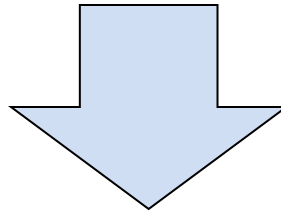
**Lineage** Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi; Mammalia; Eutheria; Euarchontoglires; Primates; Haplorhini; Catarrhini; Hominidae; Homo

**Also known as** CKR5; CCR-5; CD195; CKR-5; CCCR5; CMKBR5; IDDM22; CC-CKR-5

**Summary** This gene encodes a member of the beta chemokine receptor family, which is predicted to be a seven transmembrane protein similar to G protein-coupled receptors. This protein is expressed

**Table of contents**

- Summary
- Genomic context
- Genomic regions, transcripts, and products
- Bibliography
- Phenotypes
- Variation**
- HIV-1 interactions
- Pathways from BioSystems
- Interactions
- General gene information
  - Markers, Clone Names, Homology, Gene Ontology
- General protein information
- NCBI Reference Sequences (RefSeq)



**Variation**

[See variants in ClinVar](#)

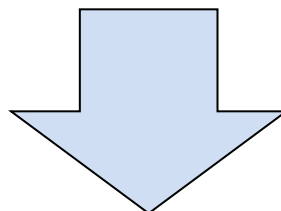
[See studies and variants in dbVar](#)

[See Variation Viewer \(GRCh37.p13\)](#)

Genotypes

[See SNP Geneview Report](#)

[See 1000 Genomes Browser \(GRCh37.p13\)](#)



**SNP linked to Gene (geneID:1234) Via Contig Annotation**

The SNP GeneView page only reports human variation on GRCh38. A new [Variation Viewer](#) is available to view the gene CCR5 variations in [GRCh37p13](#) or [GRCh38](#), and will replace SNP GeneView later this year. Please visit the [Help Page](#) or [YouTube](#) for available features and send your comments and suggestions to NCBI [helpdesk](#).

Send  on all gene models to Batch Query  all rs# to file.

**Gene Model (mRNA alignment) information from genome sequence** ↑

Total gene model (contig mRNA transcript): 2

mrna	transcript	protein	mrna orientation	Contig	Contig Label	List SNP
<a href="#">NM_000579.3</a>	plus strand	<a href="#">NP_000570.1</a>	forward	<a href="#">NT_022517.19</a>	GRCh38.p2	<- currently shown
<a href="#">NM_001100168.1</a>	plus strand	<a href="#">NP_001093638.1</a>	forward	<a href="#">NT_022517.19</a>	GRCh38.p2	<a href="#">View snp on GeneModel</a>

Clinical Source  in gene region  cSNP  has frequency  double hit

gene model	Contig Label	Contig	mrna	protein	mrna orientation	transcript	snp count
(contig mRNA transcript):	GRCh38.p2	<a href="#">NT_022517.19</a>	<a href="#">NM_000579.3</a>	<a href="#">NP_000570.1</a>	forward	plus strand	259, coding

Region	Chr. position	mRNA pos	dbSNP rs# cluster id	Heterozygosity	Validation	MAF	Allele origin	3D	Linkout	Function	dbSNP allele	Protein residue	Codon pos	Amino acid pos	PubMed
	<a href="#">46372912</a>	<a href="#">367</a>	<a href="#">rs748244565</a>	N.D.						missense	G	Glu [E]	1	4	
										contig reference	C	Gln [Q]	1	<a href="#">4</a>	
	<a href="#">46372913</a>	<a href="#">368</a>	<a href="#">rs745912425</a>	0.000						frame shift	-	Arg [R]	2	4	
										contig reference	AA	Gln [Q]	2	<a href="#">4</a>	
	<a href="#">46372915</a>	<a href="#">370</a>	<a href="#">rs763192695</a>	0.000						missense	A	Met [M]	1	5	
										contig reference	G	Val [V]	1	<a href="#">5</a>	
	<a href="#">46372916</a>	<a href="#">371</a>	<a href="#">rs766432600</a>	0.000						missense	G	Gly [G]	2	5	
										contig reference	T	Val [V]	2	<a href="#">5</a>	
	<a href="#">46372934</a>	<a href="#">389</a>	<a href="#">rs751603911</a>	0.000						missense	G	Gly [G]	2	11	
										contig reference	A	Asp [D]	2	<a href="#">11</a>	
	<a href="#">46372936</a>	<a href="#">391</a>	<a href="#">rs755442066</a>	0.000						missense	G	Val [V]	1	12	
										contig reference	A	Ile [I]	1	<a href="#">12</a>	
	<a href="#">46372937</a>	<a href="#">392</a>	<a href="#">rs781613165</a>	0.000						missense	C	Thr [T]	2	12	
										contig reference	T	Ile [I]	2	<a href="#">12</a>	
	<a href="#">46372939</a>	<a href="#">394</a>	<a href="#">rs753095965</a>	0.000						missense	G	Asp [D]	1	13	

图4. NCBI 的 SNP Geneview Report 页面示例。在“mRNA pos”栏查阅您的靶点是否落在潜在的 SNP 位点上。您也可以通过“Chr. position”或者“db SNP rs# cluster id”栏目查阅相关位点的序列，与您的测序结果进行对比。

## VIII. 使用许可及质保声明

### 有限使用许可

Following terms and conditions apply to use of the IndelCheck™ CRISPR/TALEN insertion or deletion detection system. If the terms and conditions are not acceptable, the Product in its entirety must be returned to GeneCopoeia within 5 calendar days. A limited End-User license is granted to the purchaser of the Product. The Product shall be used by the purchaser for internal research purposes only. The Product is expressly not designed, intended, or warranted for use in humans or for therapeutic or diagnostic use. The Product must not be resold, repackaged or modified for resale, or used to manufacture commercial products or deliver information obtained in service without prior written consent from GeneCopoeia. Use of any part of the Product constitutes acceptance of the above terms.

### 有限质量保证

GeneCopoeia warrants that the Product meets the specifications described in the accompanying Product Datasheet. If it is proven to the satisfaction of GeneCopoeia that the Product fails to meet these specifications, GeneCopoeia will replace the Product. In the event a replacement cannot be provided, GeneCopoeia will provide the purchaser with a refund. This limited warranty shall not extend to anyone other than the original purchaser of the Product. Notice of nonconforming products must be made to GeneCopoeia within 30 days of receipt of the Product. GeneCopoeia's liability is expressly limited to replacement of Product or a refund limited to the actual purchase price. GeneCopoeia's liability does not extend to any damages arising from use or improper use of the Product, or losses associated with the use of additional materials or reagents. This limited warranty is the sole and exclusive warranty. GeneCopoeia does not provide any other warranties of any kind, expressed or implied, including the merchantability or fitness of the Product for a particular purpose.

GeneCopoeia is committed to providing our customers with high-quality products. If you should have any questions or concerns about any GeneCopoeia products, please contact us at 301-762-0888.

© 2015 GeneCopoeia, Inc.