

HB220119

Hieff UNICON[®] Power qPCR SYBR Green Master Mix

(抗体法, High Rox)

产品名称

产品名称	产品编号	规格
Hieff UNICON [®] Power qPCR SYBR Green Master Mix(抗体法, High Rox)	11197ES03	1 mL
	11197ES08	5×1 mL
	11197ES50	50×1 mL
	11197ES60	100×1 mL

产品描述

本产品是 2×实时定量 PCR 扩增的预混合溶液。具有高特异性和高检出率的特点。采用的抗体法热启动 Taq DNA 聚合酶, 在预变性温度 (95°C) 加热 30 sec, 急速释放出 Taq DNA Polymerase 活性。UNICON[®] Taq 抗体可以有效抑制样品准备过程中引物退火导致的非特异性扩增。同时配方额外添加了有效抑制非特异性 PCR 扩增的组分和均衡不同 GC 含量 (30%-70%) 基因扩增的促进因子。使定量 PCR 结果可以在宽广范围内更加真实有效。

预混液含有所有 PCR 扩增的组分。使用时, 仅需在扩增体系中加入模板和引物即可进行实时荧光定量 PCR, 大大简化操作过程, 降低污染几率。

运输与保存方式

冰袋运输。-20°C 避光储存, 有效期 18 个月。

本品避免反复冻融。产品中含有荧光染料 SYBR Green I, 保存或配制反应体系时需避免强光照射。

注意事项

1. 推荐使用本公司 cDNA 合成试剂盒 (货号: 11123ES), 以有效去除 RNA 样品中残留的基因组。
2. 产品解冻后如果发现不溶物, 请上下颠倒混匀至溶液澄清, 不影响试剂性能。
3. 为了您的安全和健康, 请穿实验服并佩戴一次性手套操作。
4. 本产品仅作科研用途!

反应体系 (推荐冰上配制)

组分	体积 (μL)	体积 (μL)	终浓度
Hieff UNICON [®] Power qPCR SYBR Green Master Mix (抗体法, High Rox)	25	10	1×
Forward Primer (10 μM)	1	0.4	0.2 μM
Reverse Primer (10 μM)	1	0.4	0.2 μM
模板 DNA	X	X	-
无菌超纯水	to 50	to 20	-

【注】: 使用前务必充分混匀, 避免剧烈震荡产生过多气泡。

- a) **引物浓度:** 通常引物终浓度为 0.2 μM, 也可以根据情况在 0.1-1.0 μM 之间进行调整。
- b) **模板浓度:** 如模板类型为未稀释 cDNA 原液, 使用体积不应超过 qPCR 反应总体积的 1/10。
- c) **模板稀释:** cDNA 原液建议 5-10 倍稀释, 最佳模板加入量以扩增得到的 CT 值在 20-30 个循环为好。
- d) **反应体系:** 推荐使用 20 μL 或 50 μL, 以保证目的基因扩增的有效性和重复性。
- e) **体系配制:** 请于超净工作台内配制, 并使用无核酸酶残留的枪头、反应管; 推荐使用带滤芯的枪头。避免交叉污染和气溶胶污染。

扩增程序（两步法）

循环步骤	温度	时间	循环数
预变性	95°C	30 sec	1
变性	95°C	10 sec	} 40
退火/延伸	60°C	30 sec*	
熔解曲线阶段	仪器默认设置		1

扩增程序（三步法）

循环步骤	温度	时间	循环数
预变性	95°C	30 sec	1
变性	95°C	10 sec	} 40
退火	55-60°C	20 sec	
延伸	72°C	20 sec*	
熔解曲线阶段	仪器默认设置		1

【注】：高特异性可选择两步法，高效率扩增可选择三步法。

- 预变性时间**：本反应条件适合大多数基因扩增，如果遇到含有复杂结构的基因可适当增加预变性时间至 3-5 min。
- 退火温度和时间**：请根据引物和目的基因的长度进行调整。
- 荧光信号采集（*）**：请按照仪器使用说明书要求进行实验程序设置，几种常见仪器的时间设定如下：
30 sec 以上：Applied Biosystems: StepOne, StepOne Plus, 7500 Fast; Roche Applied Science: LightCycler 480; Bio-Rad: CFX96
31 sec 以上：Applied Biosystems: 7300
34 sec 以上：Applied Biosystems: 7500
- 熔解曲线**：通常情况下可以使用仪器默认程序。

结果分析

定量实验至少需要三个生物学重复。反应结束后需要确认扩增曲线及熔解曲线。

1) 扩增曲线：标准扩增曲线为 S 型。

Ct 值落在 20-30 之间时，定量分析最准确；

Ct 值小于 10，需要将稀释模板后，重新进行实验；

Ct 值介于 30-35 之间时，需要提高模板浓度，或者增大反应体系的体积，以提高扩增效率，保证结果分析的准确性；

Ct 值大于 35 时，检测结果无法定量分析基因的表达量，但可用于定性分析。

2) 熔解曲线：

熔解曲线单峰，表明反应特异性好可以进行定量结果分析；若熔解曲线出现双峰或者多峰，则不能进行定量分析。

熔解曲线出现双峰，需要通过 DNA 琼脂糖凝胶电泳判断非目标峰是引物二聚体还是非特异性扩增。

如果是引物二聚体，建议降低引物浓度，或者重新设计扩增效率高的引物。

如果是非特异性扩增，请提高退火温度，或者重新设计更高特异性的引物。

引物设计指南

1) 推荐引物长度 25 bp 左右。扩增产物长度 150 bp 为佳，不要低于 100 bp，可以在 100 bp-300 bp 内选择。

2) 正向引物和反向引物的 Tm 值相差不宜超过 2°C。引物 Tm 值 60°C-65°C 为佳。

3) 引物碱基分布要均匀，避免出现连续的 4 个相同碱基，GC 含量控制在 50% 左右。3' 端最后一个碱基最好为 G 或 C。

4) 引物内部或者正反两条引物间最好避免出现有 3 个碱基以上的互补序列。

5) 引物特异性需要用 NCBI BLAST 程序进行核对。避免引物 3' 端有 2 个碱基以上的非特异性互补。

6) 设计完成的引物需要进行扩增效率的检测，只有具备相同扩增效率的引物才可用于定量比较分析。

适用机型

Applied Biosystems: 5700, 7000, 7300, 7700, 7900HT FAST, StepOne, StepOne Plus