Toro 2X qPCR Master Mix Bench work

反应体系配制

- -使用前 2×qPCR 预混液必须在室温避光下完全融化,且涡旋混匀后离心后使用。注:由于添加了大量稳定剂,预混液中可能有结晶沉淀产生,完全融化后可以正常使用;请在室温下进行体系配制,以防稳定剂微量结晶造成混合不均。
- -为了降低加样误差,需做根据模板和基因数量进行布板设计及加样设计。按照如下两种情况,总反应体系分成两部分在室温下进行总管配制及分装\

同板内基因多样本少时的加样设计

组分	20μL 反应体积×n	操作方式
qPCR Master Mix	10μL×n	混合及分装
模板 DNA 稀释液	2μL×n	
2μΜ 上游引物	4μL×n	混合及分装
2μΜ 上游引物	4μL×n	

同板内样本多基因少时的加样设计

组分	20μL 反应体积×n	操作方式	
qPCR Master Mix	10μL×n		混合及分装
8μM Reverse primer	1μL×n	混合	
8μM Reverse primer	1μL×n		
模板 DNA 稀释液	8μL×n	混合及分装	

- 注:-引物在反应体系终浓度推荐为 0.4μM,请在 0.4-1.0μM 之间进行优化调整。
- -布板及总管加样设计是通过加大移液体积来提高复孔重复性,对低丰度基因表达分析非常重要。
- -请将逆转录产物至少稀释 5 倍以上使用,以防逆转录缓冲液成分抑制 qPCR 反应。
- -轻轻混合后瞬时离心后上机。

qPCR Machine operation

PCR 反应条件设置 - 绝大多数情况使用两步法: 两步法循环条件

预变性	95°C	3min	1 循环
变性	95°C	10sec	40 循环
退火/ 延伸	60°C	30sec	

荧光信号采集应该在延伸步骤进行,收集时间不低于 10sec。

当 Tm 值太低或两步法扩增不正常时采用三步法: 三步法循环条件

1 预变性	95℃	5min	1 循环
2 变性	95°C	15sec	40 循环
2 退火	Tm-5°C	30sec	
2 延伸	72°C	60sec	
3 终延伸	72°C	5min	1 循环

荧光信号采集应该在延伸步骤进行,收集时间不低于10sec。

注: 当扩增片段≥200bp 时,如 DNA 文库定量时请使用三步法扩增。

【引物设计】

- 引物长度: 18~30bp -引物 GC 含量: 40~80% -扩增子长度:≤200 bp
- 引物浓度: 引物在反应体系终浓度推荐为 0.4μM, 请在 0.4-1.0μM 之间进行优化调整。
- 引物验证:-无模板对照(NTC)实验可区分 SYBR Green I qPCR 反应中引物二聚体的非特异扩增和特异 PCR 产物。需用 NTC 实验验证每对引物,以评估引物二聚体影响程度。NTC 实验 Cq<40 时,应重新设计引物。

-将 DNA 模板稀释 5 个或更多梯度,使用新设计引物及 DNA 稀释液进行 qPCR 分析,并绘制标准曲线。确保 PCR 效率在 95%至 105%之间,R2≥0.99。如果 PCR 效率或 R2 超出这些范围,应优化引物浓度和反应条件。若不能改善结果,应当重新设计引物。

【模板 DNA】

-基因组 DNA: 纯化的 DNA 可直接进行实时定量 PCR,推荐使用浓度为 1~10ng, Cq 值处于 15-35 之间。-cDNA: 纯化的总 RNA 或 poly (A) +RNA 的逆转录反应液需稀释后用于实时定量 PCR,稀释是为了避免逆转录缓冲液对 qPCR 体系的抑制干扰,稀释倍数建议至少 5 倍。在进行逆转录反应之前,必须使用逆转录阴性对照来评估基因组 DNA 污染的影响程度。如果基因组 DNA 污染影响 Cq 值,则必须通过 DNA 酶处理来消除这种影响。