



Universal SYBR Color qPCR Master

QP102

产品概述

Product Overview

本产品为SYBR Green染料法qPCR反应的预混液，预混液中除了包含SYBR Green I、dNTP、Mg²⁺、Rox以及优化的缓冲体系外，还添加了由抗体结合的热启动Taq酶，显著提高qPCR反应的特异性和灵敏度。配制qPCR反应体系时，仅需加入引物和模板即可，减少操作步骤，降低交叉污染风险，确保实验结果的可重复性和稳定性。此外，本品通过不同染料混合后的变色效应监控移液过程，从而显著减少移液错误。

本品扩增性能强，灵敏度高，随着模板浓度梯度降低，呈现良好的扩增曲线及扩增效率；稳定性好，在20次反复冻融或37°C下保存15天后性能仍然稳定；内含特殊的ROX染料，无需额外添加即可适配多种荧光定量PCR仪；其特有的抑制因子能有效阻止引物二聚体的形成，确保CT值真实可信。除此之外，对高GC含量的模板扩增效果极好。

产品组成

Product Composition

组 分	QP102A	QP102B
2× Universal SYBR Color qPCR Master Mix ^{*1}	4×1.25 mL	5×QP102A
10 × Dilution Buffer ^{*2}	1.25 mL	5×1.25 mL

*1: 包含dNTP, Mg²⁺, Champagne Taq DNA Polymerase, SYBR Green I, 蓝色显色染料等。

*2: 10 × 黄色浓缩模板稀释液。

注意事项

Precautions

- Universal SYBR Color qPCR Master Mix中包含蓝色染料，10 × Dilution Buffer中包含黄色染料。当Universal SYBR Color qPCR Master Mix (蓝色) 中加入了用Dilution Buffer稀释的扩增模板(黄色)后会产生蓝色→绿色的变色效应，从而可以根据液体颜色准确判断是否已加入模板。
- 10 × Dilution Buffer为专用浓缩模板稀释液。使用过程中，如需要进行移液追踪，则根据下表选择合适的方式提前添加Dilution Buffer至模板中，然后进行qPCR检测；如不需要进行移液追踪，则不使用Dilution Buffer即可。

模板状态	实例	10 × Dilution Buffer 使用方式
斑块/粉末	未溶解 DNA 沉淀斑块	使用 ddH ₂ O 将 10 × Dilution Buffer 稀释至 1 ×，将合适体积的 1 × Dilution Buffer 用作溶解液溶解斑块/粉末
溶液	cDNA 溶液，已溶解的质粒、基因组	如有必要，先使用 ddH ₂ O 将模板稀释至目标浓度，然后在每 9 μL 模板中加入 1 μL 10 × Dilution Buffer

- 如使用Dilution Buffer进行移液追踪(qPCR模板中已包含1 × Dilution Buffer)，模板使用体积请勿超出 2 - 5 μL/20 μL reaction范围。如果模板使用量低于 2 μL/20 μL reaction，会造成显色偏淡，影响追踪效果；如果模板使用量高于5 μL/20 μL reaction，Dilution Buffer中的有效成分有可能会干扰qPCR反应。
- Dilution Buffer如果使用方式不当，有可能对qPCR结果产生一定的影响。

操作流程

Operation Process

1. 体系配制

组分	使用量
RNase Free H ₂ O	Up to 20 μ L ^{*1}
2 \times Universal SYBR Color qPCR Master Mix	10 μ L
Primer 1 (10 μ M)	0.5 - 1 μ L
Primer 2 (10 μ M)	0.5 - 1 μ L
Template DNA ^{*2}	1 - 2 μ L

*1: 推荐使用 20 μ L, 以保证目的基因扩增的有效性和重复性;

*2: 可根据 CT 值大小稀释调整模板 DNA 浓度。

2. 反应程序

步骤	时间	
95 $^{\circ}$ C	30 sec ^{*1}	} 40 - 45 Cycles
95 $^{\circ}$ C	5 sec	
60 $^{\circ}$ C ^{*2}	10 - 30 sec ^{*3}	
熔解曲线	仪器默认设置	

*1: 大部分模板可使用该条件进行变性, 模板复杂时可调整预变性时间;

*2: 荧光信号采集。

*3: 标准程序选择30 sec; 快速程序: 对于200 bp以内的扩增子最短可设为10 sec; 超过200 bp的扩增子, 推荐延伸时间为30 sec。

保存条件

Storage Conditions

-30 ~ -15 $^{\circ}$ C保存, 干冰/-20 $^{\circ}$ C运输。

1. 溶解曲线出现非特异峰

在目的峰前端，即 $T_m=75$ 左右出现的峰为引物二聚体峰；紧挨着目的峰前后，有可能是非特异产物峰或者是 gDNA 扩增峰；分析如下：

- 1) 引物设计不优，需根据设计原则设计合成新的引物。
- 2) 引物浓度太高：适当降低引物浓度。
- 3) 检测的目的基因同源家族基因较多，重新设计引物或采用探针法进行定量检测；
- 4) cDNA 模板带有基因组污染：重新制备 cDNA 模板。

2. 扩增曲线形状异常

- 1) 扩增曲线不光滑：信号太弱，经系统矫正后产生。提高模板浓度重复实验。
- 2) 扩增曲线断裂或下滑：模板浓度较高，基线的终点值大于 CT 值。减小基线终点(CT 值-4)，重新分析数据。
- 3) 个别扩增曲线突然骤降：反应管内留有气泡。处理样本时要注意离心，进行扩增反应之前要仔细检查反应管内是否有气泡残留。

3. 反应结束无扩增曲线出现

- 1) 反应循环数不够：一般设置循环数为 40，但需要注意的是过多的循环会增加过多的背景信号，降低数据可信度。
- 2) 确认程序中是否设置了信号采集步骤：两步法扩增程序一般将信号采集设置在退火延伸阶段；三步法扩增程序应当将信号采集设置在 72°C 延伸阶段。
- 3) 确认引物是否降解：长时间未用的引物应先通过 PAGE 电泳检测完整性，以排除其降解的可能。
- 4) 模板浓度太低：减少稀释度重复实验，一般未知浓度的样品先从最高浓度做起。
- 5) 模板降解：重新制备模板，重复实验。

4. CT 值出现太晚

- 1) 扩增效率极低：优化反应条件，尝试三步法扩增程序，或者重新设计合成引物。
- 2) 模板浓度太低：减少稀释度重复实验，一般未知浓度的样品先从最高浓度做起。
- 3) 模板降解：重新制备模板，重复实验。
- 4) PCR 产物太长：推荐 PCR 产物长度为 80 - 150 bp。
- 5) 体系中存在 PCR 抑制剂：一般为模板带入，加大模板稀释倍数或者重新制备模板重复实验。

5. 阴性对照出现明显扩增

- 1) 反应体系污染：更换新的 Mix、ddH₂O、引物重复实验。反应体系在超净工作台内配制，减少气溶胶污染。
- 2) 引物二聚体的出现：配合溶解曲线进行分析。

6. 绝对定量时标准曲线线性关系不佳

- 1) 加样误差：提高模板稀释倍数，提高加样体积。
- 2) 标准品降解：重新制备标准品，重复实验。
- 3) 模板浓度太高：提高模板稀释倍数。

7. 实验重复性差

- 1) 加样体积失准：使用性能较好的移液器；将模板做高倍稀释，以大体积加入反应体系中。
- 2) 定量 PCR 仪的不同位置温度控制不一致：定期校准仪器。
- 3) 模板浓度太低：模板浓度越低，重复性越差，减少模板稀释度或提高加样体积。