

# MonAmp™ TaqMan qPCR Mix (None/Low/High ROX)

REF: MQ30101/ MQ30201/ MQ30301

# 储运条件

长期保存请于 -20°C避光保存,Mix 融解后可在 4°C避光条件下稳定存放一个月,尽量避免反复冻融。

## 产品组成

组分 / 规格	MQ30101S	MQ30201S	MQ30301S
MonAmp™ Taqman qPCR Mix (None ROX)	5×1 ml	_	_
MonAmp™ Taqman qPCR Mix (Low ROX)	_	5×1 ml	_
MonAmp™ Taqman qPCR Mix (High ROX)	_	_	5×1 ml
Nuclease-Free Water	5×1 ml	5×1 ml	5×1 ml

# 产品简介

MonAmp™ Taqman qPCR Mix 是 TaqMan® 探针法专用的 qPCR 试剂,为 2× 预混液,包含除探针、引物和 DNA 样品以外的所有 qPCR 组分,可减少操作步骤,缩短加样时间,降低污染几率。其核心组分是经抗体修饰的热启动 Taq DNA 聚合酶,可以有效抑制非特异性扩增,配合优化的反应体系,可用于基于 TaqMan® 探针法的多重 qPCR 检测。

# 使用方法

#### 1. 适配机型

产品	适用机型	
MQ30101 (None ROX)	莫纳质选 q225、q225MX; Bio-Rad CFX 全系列; Roche LightCycler™ 系列; Eppendorf Mastercycler®ep realplex 系列; Qiagen/Corbett Rotor-Gene®系列; Takara Thermal Cycler Dice; analytikjena qTOWER系列等	
MQ30201 (Low ROX)	ABI 7500/7500 Fast,ABI ViiA 7™; ABI QuantStudio™ 系列; Stratagene Mx3000P®/3005P™/4000™	
MQ30301 (High ROX)	ABI 7000/7300/7700/7900 HT/7900 HT Fast, StepOne™, StepOne Plus™ 等	

#### 2. 使用注意

- ① 因 MQ30201 和 MQ30301 中预混了 ROX 染料,其保存和反应体系配制过程应避免强光照射;
- ② 使用前上下颠倒轻轻混匀 Mix,请勿涡旋振荡混匀,避免产生过多气泡。

### 3. 建议的 qPCR 反应体系

试剂	使用量	终浓度
MonAmp™ Taqman qPCR Mix	10 µl	1×
正向引物 (10 µM) <sup>a</sup>	0.4 μΙ	0.2 μΜ
反向引物 (10 µM) <sup>a</sup>	0.4 μΙ	0.2 μΜ
TaqMan 探针 b	1 μΙ	0.25 μM
DNA 模板 °	XμI	10~200 ng/20 μl
Nuclease-Free Water	To 20 µl	

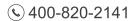
- a. 通常推荐的引物终浓度为 0.2  $\mu M$ ,反应效果不佳时可在 0.1~1  $\mu M$  范围内进行调整;
- b. 探针的终浓度推荐为  $0.25~\mu M$ ,效果不佳时可以在  $0.1~1~\mu M$  范围内进行调整;
- c. 推荐模板加样量为 1~2 μI,如模板类型为未稀释 cDNA 原液,模板添加量不应超过总反应体系的 10%。不同种类 DNA 模板中含有的靶基因拷贝数目不同,必要时可进行梯度稀释,以确定最佳的 DNA 模板添加量。

# 4. qPCR 反应程序(可根据机型适当调整)

#### 两步法

步骤	温度	时间	_
预变性	<b>95</b> ℃	2 min	
变性	<b>95</b> °C	15 sec	40 Cycl
退火 & 延伸 ª	60 °C	30 sec	40 Cyci

a. 根据引物的 Tm 值进行退火 & 延伸温度的设定;若扩增片段在 200 bp 以内,退火 & 延伸时间可以设置为 15 sec;此外,退火 & 延伸时间的设置还需根据您使用的 qPCR 仪所需要的数据采集最短时间限制自行调整。





#### 5. 引物设计原则

- ① 扩增产物长度建议控制在 80~200 bp;
- ② 引物长度为 18~25 bp;
- ③ 正向引物和反向引物的 Tm 值相差不超过 1℃为佳, Tm 值控 制在 58~62℃为佳;
- ④ 引物的 GC 含量控制在 40%~60% 之间;
- ⑤ 引物 A、G、C、T 整体分布尽量要均匀,避开 T/C 或者 A/G 的连续结构(特别是3'端),引物3'端最后一个碱基最好为G 或者 C;
- ⑥ 正向或者反向引物应尽量接近探针序列,但是不能和探针序列 有重合区域;
- ⑦ 避开引物内部或者两条引物之间的互补序列;
- ⑧ 使用 NCBI BLAST 功能检索确认引物的特异性。

#### 6. 探针设计原则

- ① 探针序列应尽量接近正向或反向引物,但不能与之有重合区域;
- ② 探针长度建议介于 25~35 bp;
- ③ GC 含量介于 30~80%, 应避免连续相同的碱基出现, 特别是 避开连续 4 个 G;
- ④ 探针 5' 端应避免使用碱基 G;
- ⑤ 探针的退火温度应为 68~72°C;
- ⑥ 如果序列中包含多态性位点,应使其位于探针序列中间。

# 常见问题

问题描述	可能原因	解决办法	
扩增曲线不光滑	荧光信号太弱,经系统矫正后产生	确保染料、引物、探针和模板未降解;更换荧光信号收集更好的 qPCR 耗材	
扩增曲线断裂或下滑	模板浓度较高,基线的终点值大于 Cq 值	减小基线终点 (Cq 值 -4), 重新分析数据	
荧光信号过高且平台期信 号不稳定	使用 None ROX 的 Mix,但仪器校正染料设置错误,未选择"None"	仪器校正染料设置为"None",或根据机型更换为带校正染料的 Mix	
个别孔扩增曲线突然骤降	反应管内留有气泡	确保 Mix 完全溶解,请勿涡旋振荡混匀 加样完成后进行离心去除气泡 延长预变性时间至 10 min,以去除气泡	
	反应循环数偏少	设置循环数为 40,但更多的循环数会增加过多的背景信号	
	荧光信号采集步骤未设置或者设置错误	两步法扩增程序一般将信号采集设置在退火 & 延伸阶段	
	引物可能降解	长期未用的引物,应先通过 PAGE 电泳检测完整性,以排除其降解的可能	
反应结束无扩增曲线出现	模板浓度过低	减少模板稀释倍数重复实验,样品浓度未知的情况下先从最高浓度做起	
	模板降解	重新制备模板,重复实验	
	荧光发射基团选择错误	根据探针类型选择相应的荧光发射基团和淬灭基团,或者激发波长和淬灭波长最 接近的荧光基团	
	检测荧光光谱设定误差	参考仪器的使用说明书,根据所用仪器的型号设置的可检测的荧光信号范围选择 探针的发光基团、淬灭基团,重新确定参数设置	
扩增曲线荧光信号很弱或 扩增曲线呈锯齿状	探针纯度低,质量较差	使用 HPLC 级别以上纯化的探针,保存避免反复冻融,探针降解会导致基线上飘	
1) 增曲线主拓囚扒	荧光信号采集时间过短	对部分仪器,需要更长的延伸时间来充分采集荧光。扩增曲线锯齿状较明显时, 将延伸时间设定为 30~60 sec 可得到改善	
	扩增效率低	优化反应条件,或者重新设计引物	
	模板浓度过低	减少模板稀释倍数重复实验,样品浓度未知的情况下先从最高浓度做起	
Cq 值出现过晚	模板降解	重新制备模板,重复实验	
	扩增产物过长	推荐 PCR 产物长度 80~200 bp	
	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	
空白对照出现信号	反应体系污染	首先更换空白对照的水,如果还发生同样情况,继续更换引物、吸头、PCR 管或启用新的 Mix	
		反应体系在超净工作台内配制,减少气溶胶污染	
		使用精准的移液器、配合高品质吸头准确移液	
实验重复性差	加样误差大	将模板进行稀释,加入大体积模板减少加样误差 放大 qPCR 反应体系	
	样品纯度低	重新制备更高纯度的样品	
	模板浓度过低	减少模板稀释倍数重复实验;也可能是浓度较低的样本放置时间过长导致样本丢失,实际浓度较低,建议用原液重新稀释样品重复实验	
	qPCR 仪不同位置的温度偏差	定期校准 qPCR 仪	
标准曲线的线性关系不佳	加样误差导致模板的加入量不成梯度	避免模板反复冻融导致降解,重新制备模板,重新加样	
	探针或引物不佳	重新稀释探针和引物加样;通过琼脂糖凝胶电泳确认是否有非特异性扩增、引物二聚体等,如引物不佳需更换引物	
	模板浓度不佳	重新制备模板或降低起始模板浓度	

**400-820-2141** 



Tel: +86-(0)21-64868889 Fax: +86-(0)21-64868669

最终解释权所有 © 莫纳生物科技有限公司,保留一切权利

E-mail: support@monadbiotech.com

