

StellARray™ qPCR Arrays

Mit dem SYBR® Green basierten StellARray™ System werden Gen-Expressionsanalyse, Biomarker Discovery und siRNA Verifikation ein einfaches und standardisiertes Verfahren.

- Über 150 prävalidierte qPCR Arrays, sortiert nach Metabolismus oder Erkrankung für schnelles Screening von Kandidatengenen
- Prävalidierte Custom qPCR Arrays für die Analyse Ihrer Zielgene
- Im 96-Well und 384-Well Format erhältlich
- Flexible Wahl der qPCR SYBR® Kits
- Datenanalyse und Referenzgenanalyse ganz einfach mit der GPR Datenanalyse Software oder $\Delta\Delta CT$ Methode
- MIQE konform

Alle Primer für StellARray™ laufen spezifisch mit RNA und gDNA Proben und werden für jeden Array nochmals prävalidiert. Als Kontrollen befinden sich auf jedem Array je ein Well zur Bestimmung der gDNA (Kontamination aus Extraktion) sowie der 18S rRNA (Assay performance, mögliches Referenzgen, inter run calibrator).

StellARay™ Gene Expression System

Die Komplettlösung: Von der Auswahl der spezifischen Gene-Panels bis zur umfassenden Datenanalyse

Das StellARay Gene Expression System besteht aus 3 Komponenten

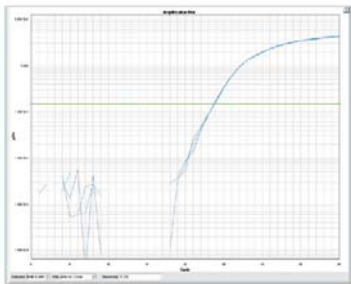
1. GeneSieve™ Query
2. StellARay™ qPCR Array
3. Global Pattern Recognition™ (GRP) Data Analysis Tool

GeneSieve™ Query

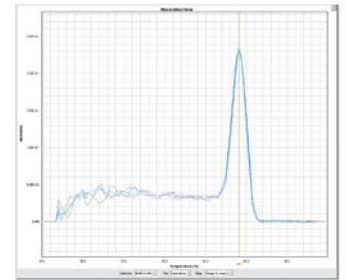
Das GeneSieve™ Bioanalysis Software Paket wurde entwickelt, um schnell einen für die Fragestellung geeigneten StellARay™ qPCR Array bzw. eine Genliste zu finden. Über 150 Pathway – oder krankheitsspezifische Arrays sind erhältlich (z.B. Allergien, Krebs, Signal Transduktion...)

StellARay™ qPCR Array

Das Design des StellARay qPCR Arrays wurde so erstellt, dass wahlweise Genexpressionsraten oder Copy Number Variationen analysiert werden können. Jeder Assay wird im Labor validiert, um die höchste Spezifität und Sensitivität zu gewährleisten. Das Primer Design erfolgt nach folgenden Kriterien:



- Genspezifität
- Effizienz
- Uniformität der Primer Tm's
- A/T reiche 3' Enden der Primer
- Single Peak Schmelzkurve; Detektion einer Einzelbande auf dem Agarose Gel
- Eliminierung der Primer-Dimer Artefakte



Das SYBR® Green qPCR- Kit ist frei wählbar.

Die StellARay™ Platten sind als fertige Pathway Arrays erhältlich oder können kundenspezifisch erstellt werden. Jeden Array finden Sie in 4 verschiedenen Formaten, passend zu den entsprechenden Real-Time PCR Instrumenten. Nach dem qPCR-Lauf können die Daten mithilfe des Global Pattern Recognition (GPR) Data Analysis Tool analysiert werden.

Platte	Real-Time Instrument:
96-Well Platte	Die meisten Thermocycler (nicht-ABI, nicht-Roche, kein low-profile), z.B. Eppendorf, Bio-Rad iCycler, iQ5, myiQ or Stratagene MX3000P, MX3005P
AB 96-Well Platte	Alle ABI "Standard" Blöcke (7000, 7300, 7500, 7700, 7900, außer StepOnePlus)
Low-Profile Platten	Alle low-profile Thermocycler wie Roche LC480, Bio-Rad CFX96/384, Stratagene Mx 4000
FAST 96-Well Platte	ABI StepOnePlus, ABI FAST und andere FAST 96-Well Blöcke
384-Well Platte	Alle üblichen 384-Well Thermocycler, von ABI, Eppendorf, Bio-Rad

Global Pattern Recognition™ (GRP) Data Analysis Tool

Global Pattern Recognition™ Software ist extrem einfach aufgebaut. Sie gibt zuverlässig die statistische Signifikanz (p-Value) der Veränderung der Genexpression an. Sie erhalten eine Tabelle mit unter anderen den folgenden Werten:

Rank	Gene Name	p-Value	Fold Change	Chromosome
1	Cdx4	0.00002	2,1984	x
2	Rhox6	0.00002	2,0614	x
3	Tro	0.00002	2,0355	x

Um zuverlässige Ergebnisse zu erhalten, werden mindestens 3 Proben pro Gruppe (Kontrolle versus experimentelle Gruppe) benötigt.

Datenanalyse mit GPR und ΔΔCq: Wo sind die Unterschiede?

GPR

Normalisierung mittels Referenzgenen

- Stabilitätstest um Referenzgene (Normalizer) zu ermitteln
- Expression der Target Gene (Experimenter) in Bezug gesetzt zu dem Referenz Genen (Normalizer)
- ΔCq (Experimenter) = ΔCq (Experimenter) – ΔCq (Normalizer)
- p-Value Kalkulation: Student's t-Test

Normalisierung mittels Kontrollgruppe

- GPR-Fold change = Hits (Gene)/ Hits (Normalizer)
- ANOVA basierend
- Basis = 0

ΔΔCq

Normalisierung mittels Referenzgenen

- Expression der Target Gene (TG) in Bezug gesetzt zum Referenz Gen (RG)
- Keine festgelegte Anzahl an RG
- Die Stabilität der Referenzgene wird nicht in Betracht gezogen
- ΔCq (TG) = ΔCq (TG) – ΔCq (RG)

Normalisierung mittels Kontrollgruppe

- $\Delta\Delta Cq = \Delta Cq$ (TG "Behandlung") - ΔCq (TG Kontrolle)
- Fold change ratio (2- $\Delta\Delta Cq$)

Biozym
SCIENCE IS OUR BUSINESS

Biozym Scientific GmbH, Postfach, D-31833 Hess. Oldendorf, Tel.: +49 (0)51 52 / 90 20
 Biozym Biotech Trading GmbH Wehlstraße 27 b, A-1200 Wien, Tel.: +43 (0)1 / 334 0156 0
 support@biozym.com - www.biozym.com

Eingetragene Marken und Patente: Applera Corporation or its subsidiaries: ABI Applera, Applied Biosystems, GeneAmp, StepOne. Bar Harbor BioTechnology, Inc.: GeneSieve, StellARay, Global Pattern Recognition. Bio-Rad Laboratories, Inc.: BioRad, CFX96, CFX384, iCycler iQ, iCycler, iQ, iQ5, Low Profile. Roche Group: Lightcycler, LC480. Stratagene Corp.: MX3000P, MX3005P, MX4000P, Stratagene, RoboCycler. Life Technologies Corp.: Life Technologies, SYBR. Patentrechtlich geschützt: Hoffmann-LaRoche, Inc.: GeneAmp PCR Process.