



---

INSTITUT FÜR ANGEWANDTE LABORANALYSEN GMBH

# **QuickGEN PCR Kit**

Wild Yeast 1

Real-time PCR Nachweis von Fremdhefen 1

real-time PCR detection of wild yeast 1

**REF: Q525**

Version 01/26

GEN-IAL GmbH  
Tel: 0049 2241 2522980  
Fax: 0049 2241 2522989  
info@gen-ial.de  
www.gen-ial.de

# QuickGEN PCR Kit

## Fremdhefen 1

### 1. Verwendungszweck

Nachweis von Fremdhefen in Bier und Biermischgetränken.

Folgende Hefen werden detektiert:

|                                    |                                  |                               |                                |                                |
|------------------------------------|----------------------------------|-------------------------------|--------------------------------|--------------------------------|
| <i>Dekkera anomala</i>             | <i>Dekkera bruxellensis</i>      | <i>Dekkera custersiana</i>    | <i>Dekkera naardenensis</i>    | <i>Debaromyces hansenii</i>    |
| <i>Hanseniaspora guillermundii</i> | <i>Hanseniaspora osmophila</i>   | <i>Hanseniaspora uvarum</i>   | <i>Issotchenkia orientalis</i> | <i>Kazachstania exigua</i>     |
| <i>Kluyveromyces marxianus</i>     | <i>Metschnikowia pulcherrima</i> | <i>Pichia anomala</i>         | <i>Pichia fermentans</i>       | <i>Pichia membranaefaciens</i> |
| <i>Saccharomyces diastaticus</i>   | <i>Saccharomycodes ludwigii</i>  | <i>Torulaspora delbrückii</i> |                                |                                |

### 2. Testprinzip

Die Detektion erfolgt mittels Fluoreszenzmessung durch das Hydrolysesondenformat (TaqMan®). Durch hot-start-PCR plus doppelt markierter sequenzspezifischer Sonden (FAM/DQ) wird bei korrekter Hybridisierung an die Zielsequenz in der Extensions-Phase ein messbares Fluoreszenzsignal definierter Wellenlänge emittiert. Eine Inhibitionskontrolle (HEX/DQ) wird gleichzeitig mit der spezifischen Sequenz in einem Reaktionsgefäß amplifiziert, um falsch negative Ergebnisse durch Inhibition auszuschliessen.

### 3. Packungsinhalt

Mit den Reagenzien können 50 Bestimmungen durchgeführt werden:

|     |                                       |                             |
|-----|---------------------------------------|-----------------------------|
| 1 x | Premix                                | weißer Deckel               |
| 1 x | Dye Mix (lyophilisiert, inkl. IC-DNA) | dunkles Gefäß, roter Deckel |
| 1 x | ddH <sub>2</sub> O                    | farbloser Deckel            |
| 1 x | Control-DNA (lyophilisiert)           | gelber Deckel               |

## 4. Lagerung

**Der Dye Mix und die Control-DNA werden lyophilisiert geliefert und müssen vor Gebrauch in ddH<sub>2</sub>O gelöst werden (siehe Punkt 6.1).**

Den lyophilisierten Dye Mix und die lyophilisierte Control-DNA nicht einfrieren.

Die PCR-Reagenzien bei 2 – 8 °C lagern. Den Premix **nach Erhalt** bei -20 °C lagern.

Wiederholtes Auftauen und Einfrieren (> 3x) sollte vermieden werden, da dadurch die Sensitivität verringert wird. Bei unregelmäßigem Gebrauch sollte deshalb der Premix aliquotiert werden.

Der Dye Mix (roter Verschluss) enthält die fluoreszenzmarkierten Sonden und ist lichtempfindlich. Aus diesem Grund sollte er nicht unnötigem Lichteinfall ausgesetzt werden.

Alle Reagenzien sind bei korrekter Lagerung 12 Monate haltbar.

## 5. Zusätzlich erforderliches Material

### 5.1. Geräte

Real-time Gerät für die Kanäle FAM und HEX

Zentrifuge passend für 1,5 – 2,0 mL Reaktionsgefäße

Zentrifuge für PCR-Platten oder Strips

Pipetten

„Vortex“

### 5.2 Reagenzien und Verbrauchsmaterialien

steriles, doppelt-destilliertes oder deionisiertes Wasser (ddH<sub>2</sub>O)

sterile Reaktionsgefäße 1,5 – 2,0 mL

PCR-Platten / Strips incl. Folien / Deckel

passende, sterile Filterspitzen (Filtertips)

## 6. PCR

### 6.1. PCR-Ansatz

*Vor der ersten Benutzung müssen alle lyophilisierten Komponenten kurz zentrifugiert und in ddH<sub>2</sub>O gelöst werden:*

- den lyophilisierten Dye mix in 80 µL ddH<sub>2</sub>O aufnehmen
- die lyophilisierte Control-DNA in 55 µL ddH<sub>2</sub>O aufnehmen
- 15 Minuten lösen und gut mischen

**Alle PCR-Komponenten vor Gebrauch gut mischen und kurz abzentrifugieren.**

Die Folie von den benötigten tube strips entfernen und die PCR-Komponenten pipettieren. Nach dem Pipettieren die tube strips mit den mitgelieferten cap strips verschließen.

#### PCR-Ansatz:

| PCR-Komponenten | Menge (µL)  |
|-----------------|-------------|
| Premix          | 13,5        |
| Dye Mix         | 1,5         |
| Proben-DNA      | 5,0*        |
| Gesamtvolumen   | <b>20,0</b> |

\* bei Verwendung des Simplex Easy DNA- oder QuickGEN Yeast Sample Preparation Kits: 2,5 µL DNA einsetzen und 2,5 µL steriles ddH<sub>2</sub>O hinzufügen

1. Den Mastermix aus Premix und Dye Mix herstellen.
2. Multipliziere die oben angegebenen Volumina mit der Anzahl PCR-Reaktionsansätze, inklusive aller Kontrollen (Positivkontrolle, Negativkontrolle, Extraktionskontrolle), unter Berücksichtigung einer Pipettierreserve von ca. 5-10 % .
3. Je 15 µL Mastermix in die einzelnen PCR-Reaktionsgefäße füllen.
4. 5 µL Proben-DNA zu den vorbereiteten PCR Gefäßen geben und gegebenenfalls mit ddH<sub>2</sub>O auf 5 µL ergänzen, für die PCR-Positivkontrolle 5 µL Control-DNA, für die Extraktionskontrolle 5 µL und für die PCR-Negativkontrolle\* 5 µL steriles ddH<sub>2</sub>O pipettieren (Pipettenspitzen unbedingt nach jeder Probe wechseln).
5. Die PCR-Reaktionsgefäße sofort verschließen und kurz zentrifugieren.
6. Die PCR-Gefäße ins PCR-Gerät stellen und den Lauf starten.

**Sehr wichtig: \* Die PCR-Negativkontrolle bitte auf jeden Fall mit 5 µL ddH<sub>2</sub>O auffüllen, um unspezifische Amplifikationen zu verhindern.**

**Zügig arbeiten, Lichteinfall und Erwärmung der Ansätze vermeiden**

## 6.2 PCR-Programm

### 6.2.1 Programmierung und PCR-Programm LC480

1. Im Fenster **LightCycler 480 Software release 1.5.0. SP1** das Werkzeugsymbol: Schraubenschlüssel in der rechten Leiste anklicken
2. Auf der linken Seite den Button **Detection formats** anklicken
3. Im Fenster **Detection formats New** anklicken und dem Experiment einen Namen geben
4. Im Fenster **Filter Combination Selection** die folgenden Filterkombinationen ankreuzen:  
465-510/ 533-580
5. Im Fenster **Selected Filter Combination** List folgende Werte eingeben:

| Excitation Filter | Emission Filter | Name        | Melt factor | Quant factor | Max. Integ. Time |
|-------------------|-----------------|-------------|-------------|--------------|------------------|
| 465               | 510             | 465-510 Fam | 1           | 10           | 2                |
| 533               | 580             | 533-580 Hex | 1           | 10           | 2                |

6. Schließen des Fensters durch Anklicken des Buttons **Close**
7. Auf der rechten Seite Button **New Experiment** anklicken
8. Aus dem pull-down Menü der Leiste **Detection formats** das entsprechende Experiment auswählen, den Button **Customize** anklicken und die Detektionsformate überprüfen. Alle müssen aktiviert sein.
9. Klicken des **OK** buttons
10. Folgendes Programm schreiben:

1. Programm Name: **Heat**

Cycles **1** Analysis Mode **None**

| Target<br>(°C) | Acquisition<br>Mode | Hold<br>(hh:mm:ss) | Ramp<br>Rate (°C/s) | Acquisitions<br>(per °C) | Sec Target<br>(°C) | Step size<br>(°C) | Step Delay<br>(cycles) |
|----------------|---------------------|--------------------|---------------------|--------------------------|--------------------|-------------------|------------------------|
| 37             | None                | 00:15:00           | 4.40                |                          | 0                  | 0                 | 0                      |
| 95             | None                | 00:15:00           | 4.40                |                          | 0                  | 0                 | 0                      |

2. Programm Name: **Ampli**

Cycles **40** Analysis Mode **Quantification**

| Target<br>(°C) | Acquisition<br>Mode | Hold<br>(hh:mm:ss) | Ramp<br>Rate (°C/s) | Acquisitions<br>(per °C) | Sec Target<br>(°C) | Step size<br>(°C) | Step Delay<br>(cycles) |
|----------------|---------------------|--------------------|---------------------|--------------------------|--------------------|-------------------|------------------------|
| 95             | None                | 00:00:10           | 4.40                |                          | 0                  | 0                 | 0                      |
| 62             | Single              | 00:00:30           | 2.20                |                          | 0                  | 0                 | 0                      |

3. Programm Name : **Cool**

Cycles **1** Analysis Mode **None**

| Target<br>(°C) | Acquisition<br>Mode | Hold<br>(hh:mm:ss) | Ramp<br>Rate (°C/s) | Acquisitions<br>(per °C) | Sec Target<br>(°C) | Step size<br>(°C) | Step Delay<br>(cycles) |
|----------------|---------------------|--------------------|---------------------|--------------------------|--------------------|-------------------|------------------------|
| 40             | None                | 00:00:20           | 2.20                |                          | 0                  | 0                 | 0                      |

**Optional:** Einspeichern des Programms als **run template**:

Unten links den Haken neben dem Button **Apply Template** anklicken und **Save as template** abspeichern, Lauf in den **template Ordner** speichern

Für spätere Wiederholungen steht das Programm nun im **New Experiment from template** zur Verfügung.

11. Links den Button **Subset editor** anklicken

12. Den Button **+** anklicken und **New Subset 1** erscheint

13. Mit der Strg Taste die entsprechenden wells im **New Subset 1 Settings** Fenster anklicken

14. Den Button **Apply** anklicken

15. In der linken Leiste den Button **Sample editor** anklicken

16. **Ganz wichtig:** Oben in der Leiste **Step 1 Select Workflow: Abs.Quant** ankreuzen

17. In der Leiste **Step 2 Select Samples** das Subset **New Subset** auswählen

18. Proben in der Tabelle eingeben

19. In der linken Leiste den Button **Experiment** anklicken und mit **Start run** den Lauf starten

## 6.2.2 PCR-Programm für andere real-time Geräte

Im Premix befindet sich kein ROX. Dies muss teilweise bei der Einstellung der gerätespezifischen Software vor dem Lauf berücksichtigt werden. **ABI 7500**: Unter “Assign Targets and Samples” in ‘Select the dye to use as the passive reference’ „none“ auswählen.

| Step                  | Time   | Temp. |            |
|-----------------------|--------|-------|------------|
| Lyticase treatment    | 15 min | 37 °C |            |
| Initial denaturation  | 15 min | 95 °C |            |
| Denaturation          | 10 sec | 95 °C | Cycle 40 x |
| Annealing/ Elongation | 30 sec | 62 °C |            |

## MyGo Pro User

### Software MyGo Pro/ ESR 3.5 / 3.6

| Step                          | Time   | Temp. |            |
|-------------------------------|--------|-------|------------|
| Lyticase treatment            | 15 min | 37 °C |            |
| Initial denaturation          | 15 min | 95 °C |            |
| Cycling Denaturation          | 10 sec | 95 °C | Cycle 40 x |
| Cycling Annealing/ Elongation | 30 sec | 62 °C |            |

|                                       |                      |     |
|---------------------------------------|----------------------|-----|
| <b>Advanced Settings MyGo Pro</b>     | Integration time (s) | 0.7 |
| <b>Advanced Settings MyGo Pro ESR</b> | Integration time (s) | 1.0 |

## 7. Auswertung

Die Auswertung wird entsprechend der für das real-time PCR-Gerät verwendeten Software durchgeführt (siehe Herstellerangaben).

Für LC480: Vor der Auswertung die Colour Compensation aktivieren

**Fremdhefen 1-DNA:** FAM-Kanal (LC480: 465-510 nm)

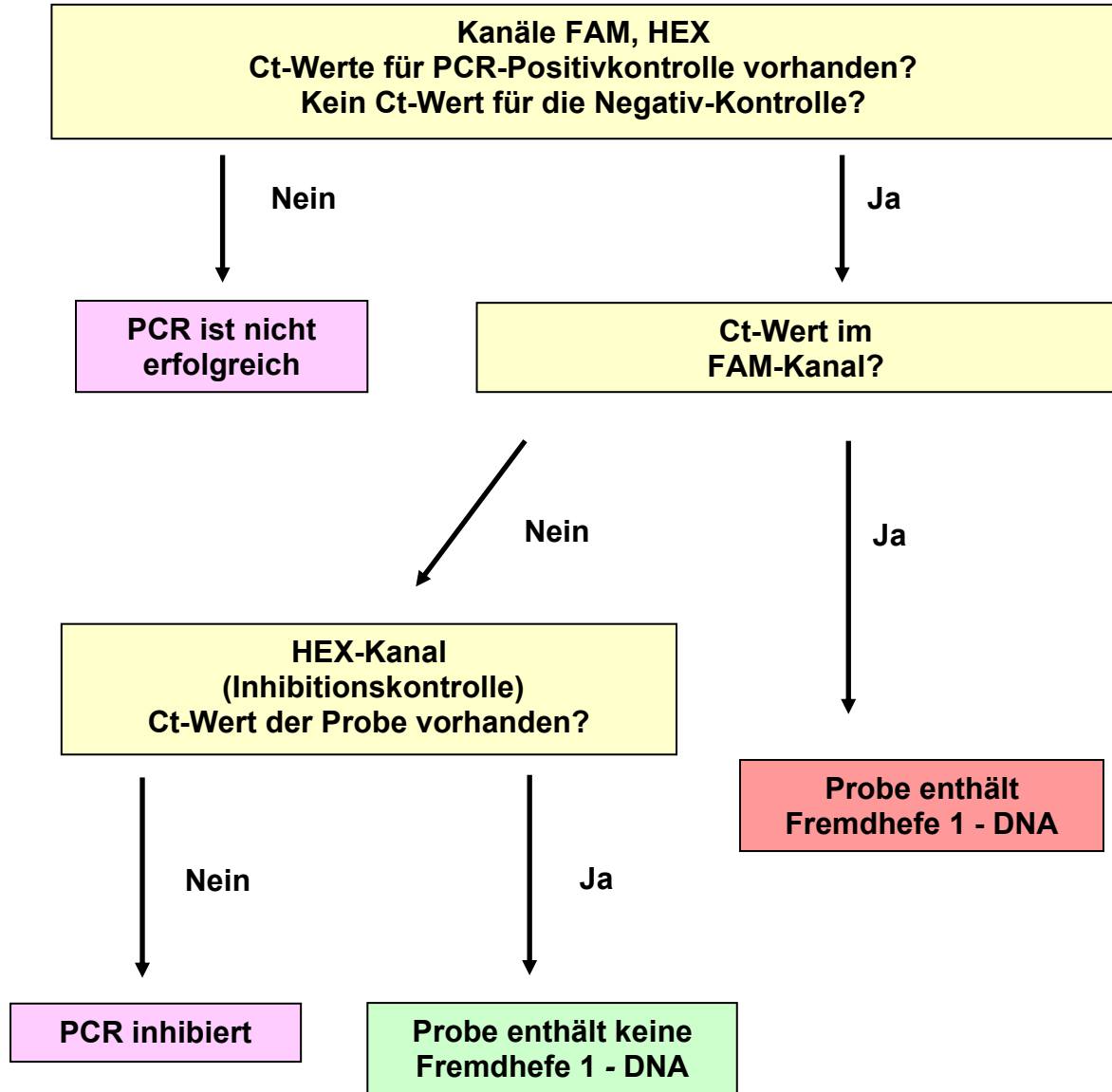
**Inhibitionskontroll-DNA:** HEX-Kanal (LC480: 533-580 nm)

Eine Probe wird als **Fremdhefe 1** positiv bewertet, wenn der Ansatz der Probe im **FAM-Kanal** positiv ist und die Negativkontrollen negativ sind. Die Positivkontrollen müssen positiv sein. Die Inhibitionskontrolle im HEX-Kanal kann im Probenansatz positiv oder negativ sein, abhängig von DNA-Menge oder inhibitorischen Komponenten im Reaktionsansatz. In den Negativkontrollen muss sie positiv sein.

Eine Probe wird als negativ bewertet, wenn der Ansatz der Probe im FAM-Kanal negativ ist und die PCR-Positivkontrolle gleichzeitig positiv ist. Die PCR-Negativkontrolle muss im FAM-Kanal negativ sein. Die Inhibitionskontrolle im HEX-Kanal muss im Probenansatz und in den Negativkontrollen positiv sein, um ein falsch negatives Ergebnis durch inhibitorische Effekte auszuschließen.

# Analysediagramm

## LC480: Auswertung nach ausgewählter Colour Compensation



Diese Angaben entsprechen dem heutigen Stand unserer Kenntnisse und sollen über unsere Produkte und deren Anwendungsmöglichkeiten informieren. Sie haben nicht die Bedeutung, bestimmte Eigenschaften der Produkte oder deren Eignung für einen konkreten Einsatzzweck zuzusichern. GEN-IAL übernimmt keine Gewährleistung, außer für die standardisierte der Reagenzien. Defekte Produkte werden ersetzt. Darüber hinaus gehende Ansprüche für direkte oder indirekte Schäden oder Kosten aus der Nutzung der Produkte entstehen nicht.

Rechtlicher Hinweis: Die Polymerase-Kettenreaktion (PCR) ist patentrechtlich geschützt und somit lizenzpflichtig. Sie ist im Besitz der Hoffman-La Roche Inc. Diese Produktinformation versteht sich nicht als Autorisierung oder Lizenzierung, die PCR-Methode kommerziell anzuwenden.

# QuickGEN PCR Kit

## Wild Yeast 1

### 1. Intended use

Detection of wild yeasts in beverages.

The following yeasts are detected:

|                                                            |                                  |                               |                                |                                |
|------------------------------------------------------------|----------------------------------|-------------------------------|--------------------------------|--------------------------------|
| <i>Dekkera anomala</i>                                     | <i>Dekkera bruxellensis</i>      | <i>Dekkera custersiana</i>    | <i>Dekkera naardenensis</i>    | <i>Debaromyces hansenii</i>    |
| <i>Hanseniaspora guillermundii</i>                         | <i>Hanseniaspora osmophila</i>   | <i>Hanseniaspora uvarum</i>   | <i>Issotchenkia orientalis</i> | <i>Kazachstania exigua</i>     |
| <i>Kluyveromyces marxianus</i>                             | <i>Metschnikowia pulcherrima</i> | <i>Pichia anomala</i>         | <i>Pichia fermentans</i>       | <i>Pichia membranaefaciens</i> |
| <i>Saccharomyces cerevisiae</i><br><i>var. diastaticus</i> | <i>Saccharomycodes ludwigii</i>  | <i>Torulaspora delbrückii</i> |                                |                                |

### 2. Test principle

The TaqMan® real-time PCR is based on hot-start-PCR and sequence-specific dual labelled probes (FAM/DQ) which, when accurately hybridised, emit a measurable fluorescent signal of a defined wavelength in the extension phase. The increase of signal is continuously measured in a real-time PCR detection instrument. To avoid false negative PCR-results an Inhibition Control (HEX/DQ) is amplified together in one reaction vessel with the specific sequence.

### 3. Kit contents

The kit contains sufficient reagents for 50 reactions:

|                                           |                    |
|-------------------------------------------|--------------------|
| 1 x Premix                                | white cap          |
| 1 x Dye Mix (lyophilisiert, incl. IC-DNA) | dark vial, red cap |
| 1 x ddH <sub>2</sub> O                    | colourless cap     |
| 1 x Control-DNA (lyophilisiert)           | yellow cap         |

#### 4. Storage conditions

**The Dye Mix and the Control-DNA are lyophilized, they have to be solved in ddH<sub>2</sub>O prior to use (see 6.1).**

Do **not** freeze the lyophilized Dye Mix and lyophilized Control-DNA.

The PCR reagents should be stored at 2 – 8 °C (35 – 46 °F).

Keep Premix for storage at - 20 °C (- 4 °F) **after arrival**. Avoid loss of sensitivity by repeating freezing and thawing more than 3 times. For irregular use aliquot the Premix.

The Dye Mix contains the fluorescent labelled probes and should be handled light protected.

All reagents are stable for 12 months, if they are stored correctly.

#### 5. Materials required, but not provided

##### 5.1. Instruments

Real-time PCR instrument with channels FAM and HEX

Centrifuge for 1.5 – 2.0 mL reaction tubes

Centrifuge for multiwell plates or stripes

Pipettes

“Vortex”

##### 5.2. Reagents and plastic ware

sterile ddH<sub>2</sub>O

sterile reaction vessels 1.5 – 2.0 mL

sterile optical tubes, plates, capillaries

sterile filter tips

## 6. PCR

### 6.1. PCR-Setup

*When using the kit for the first time, the freeze-dried kit components have to be shortly centrifuged and carefully resolved:*

- add 80 µL sterile ddH<sub>2</sub>O to freeze-dried Dye Mix
- add 55 µL sterile ddH<sub>2</sub>O to the freeze-dried Control-DNA
- after 15 minutes mix well

**Before every use thoroughly mix all PCR components and centrifuge briefly.**

PCR-reaction Setup:

| PCR-components | amount (µL) |
|----------------|-------------|
| Premix         | 13.5        |
| Dye Mix        | 1.5         |
| Sample-DNA     | 5.0*        |
| Total volume   | <b>20.0</b> |

\* if using the Simplex Easy DNA- or QuickGEN Yeast Sample Preparation kit: add 2.5 µL DNA and 2.5 µL sterile ddH<sub>2</sub>O

1. Prepare a mastermix by mixing Premix and Dye Mix.
2. Multiply said volumes with the number of PCR preparations including controls (positive control, negative control, extraction control), taking into account pipette reserves of approximately 5-10 %.
3. Divide 15 µL of the PCR-mastermix among the individual reaction vessels, making sure that, prior to the first filling, the tip of the pipette has been moistened.
4. Add 5 µL sample DNA, add 5 µL of the Control-DNA for the PCR positive control, add 5 µL of the extraction control and 5 µL of ddH<sub>2</sub>O for the negative control\* reaction. Use a fresh tip with each DNA filling.
5. Close the tubes immediately and centrifuge them shortly.
6. Place the tubes in the PCR-machine and start run.

**Very important: \* Please fill up the negative control with 5 µL ddH<sub>2</sub>O to avoid unspecific amplification.**

**Work swiftly to avoid warming up and keep away from light.**

## 6.2 PCR-Program

### 6.2.1 PCR-Program LC480

1. Click the button **tool** on the right side in the window **LightCycler 480 Software release 1.5.0. SP1**.
2. Click the button **Detection formats** at the left side of the menu bar.
3. Click **New** in the window **Detection formats** and name the experiment
4. Open the window **Filter Combination Selection** and choose the following filter combinations: 465-510 / 533-580.
5. Open the window **Selected Filter Combination** list and add the following amounts.

| Excitation Filter | Emission Filter | Name        | Melt factor | Quant factor | Max. Integ. Time |
|-------------------|-----------------|-------------|-------------|--------------|------------------|
| 465               | 510             | 465-510 Fam | 1           | 10           | 2                |
| 533               | 580             | 533-580 Hex | 1           | 10           | 2                |

6. **Close** the window.
7. Click the button **New Experiment** on the right side of the menu bar.
8. From the pull-down menu **Detection formats** choose the defined experiment, click the button **Customize** and check the detection formats. All of them have to be activated.
9. Click the button **ok**
10. Define the following program:

1. Programm Name: **Heat**

Cycles **1** Analysis Mode **None**

| Target<br>(°C) | Acquisition<br>Mode | Hold<br>(hh:mm:ss) | Ramp<br>Rate (°C/s) | Acquisitions<br>(per °C) | Sec Target<br>(°C) | Step size<br>(°C) | Step Delay<br>(cycles) |
|----------------|---------------------|--------------------|---------------------|--------------------------|--------------------|-------------------|------------------------|
| 37             | None                | 00:15:00           | 4.40                |                          | 0                  | 0                 | 0                      |
| 95             | None                | 00:15:00           | 4.40                |                          | 0                  | 0                 | 0                      |

2. Programm Name: **Ampli**

Cycles **40** Analysis Mode **Quantification**

| Target<br>(°C) | Acquisition<br>Mode | Hold<br>(hh:mm:ss) | Ramp<br>Rate (°C/s) | Acquisitions<br>(per °C) | Sec Target<br>(°C) | Step size<br>(°C) | Step Delay<br>(cycles) |
|----------------|---------------------|--------------------|---------------------|--------------------------|--------------------|-------------------|------------------------|
| 95             | None                | 00:00:10           | 4.40                |                          | 0                  | 0                 | 0                      |
| 62             | Single              | 00:00:30           | 2.20                |                          | 0                  | 0                 | 0                      |

3. Programm Name : **Cool**

Cycles **1** Analysis Mode **None**

| Target<br>(°C) | Acquisition<br>Mode | Hold<br>(hh:mm:ss) | Ramp<br>Rate (°C/s) | Acquisitions<br>(per °C) | Sec Target<br>(°C) | Step size<br>(°C) | Step Delay<br>(cycles) |
|----------------|---------------------|--------------------|---------------------|--------------------------|--------------------|-------------------|------------------------|
| 40             | None                | 00:00:20           | 2.20                |                          | 0                  | 0                 | 0                      |

**Optional:** Saving the program as **run template**. The template button allows to select and apply a template to the currently open object and to save the currently open object as a template. Click the clamp beside the button **Apply Template**. Click **Save as template** and save the file in **templates**.

11. Click the button **Subset editor** on the left side

12. Click the button **+** and **New Subset 1** appears

13. Mark the wells in the **New Subset 1 Settings** window

14. Click the button **Apply**

15. Click the button **Sample editor** on the left side

16. **Very important:** Activate In the window **Step 1 Select Workflow: Abs.Quant**

17. Choose the subset **New Subset** in the window **Step 2 Select Samples**

18. Define your probes in the **Sample table**

19. Click the button **Experiment** and start the run with **Start run**

## 6.2.2 PCR-Program for other real-time machines

The Premix contains no ROX. This has to be done according to the settings of the real-time machine. **ABI 7500:** Under “Assign Targets and Samples” in ‘Select the dye to use as the passive reference’ choose „none“.

| Step                          | Time   | Temp. |            |
|-------------------------------|--------|-------|------------|
| Lyticase treatment            | 15 min | 37 °C |            |
| Initial denaturation          | 15 min | 95 °C |            |
| Cycling Denaturation          | 10 sec | 95 °C | Cycle 40 x |
| Cycling Annealing/ Elongation | 30 sec | 62 °C |            |

## MyGo Pro User

### Software MyGo Pro 3.5 / 3.6 / ESR

| Step                          | Time   | Temp. |            |
|-------------------------------|--------|-------|------------|
| Lyticase treatment            | 15 min | 37 °C |            |
| Initial denaturation          | 15 min | 95 °C |            |
| Cycling Denaturation          | 10 sec | 95 °C | Cycle 40 x |
| Cycling Annealing/ Elongation | 30 sec | 62 °C |            |

|                                   |                      |     |
|-----------------------------------|----------------------|-----|
| <b>Advanced Settings MyGo Pro</b> | Integration time (s) | 0.7 |
|-----------------------------------|----------------------|-----|

|                                       |                      |     |
|---------------------------------------|----------------------|-----|
| <b>Advanced Settings MyGo Pro ESR</b> | Integration time (s) | 1.0 |
|---------------------------------------|----------------------|-----|

## 7. Evaluation

The evaluation has to be made according to the data analysis program recommended by the real-time instrument manufacturer.

For LC480: Activate Colour Compensation

**Wild yeast 1-DNA:** FAM-channel (LC480: 465-510 nm)

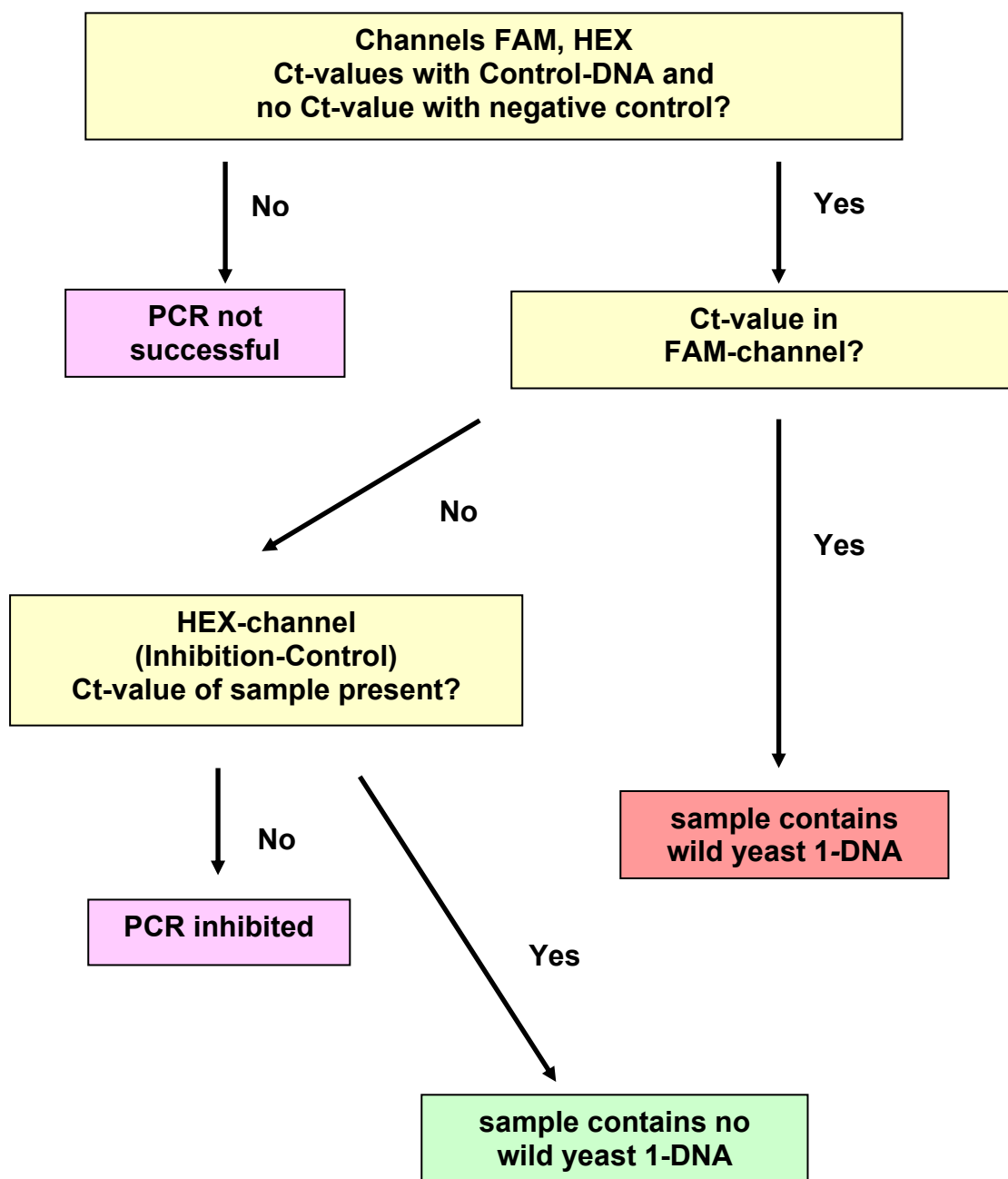
**Inhibition Control-DNA:** HEX-channel (LC480: 533-580 nm)

A sample is **Wild Yeast 1** positive, if there is a detectable fluorescence increase in the **FAM-channel** and the negative controls show no amplification. The positive controls should have a positive fluorescence signal. The Inhibition-Control in the HEX-channel may be positive or negative (depending on the amount of DNA or inhibitors in the sample reaction). For negative controls it has to be positive.

A sample is negative, if there is no detectable fluorescence increase in the FAM- channel and the positive controls have a positive fluorescence signal. The negative controls have to show no amplification in the FAM-channel. The Inhibition-Control in the HEX-channel has to be positive in the sample and in the negative controls, a false negative result due to inhibitory effects is then excluded.

# analysis flowchart

## LC480: analysis after activating Colour Compensation



The polymerase-chain reaction (PCR) is protected by patents and requires a licence from Hoffmann-LaRoche Inc.. The provided product does not authorise the purchaser for the commercial use of this method.

GEN-IAL makes no warranty of any kind, either expressed or implied, except that the materials from which its products are made are of standard quality. If any materials are defective, GEN-IAL will provide a replacement product. There is no warranty of merchantability of this product, or of the fitness of the product for any purpose. GEN-IAL shall not be liable for any damages, including special or consequential damage, or expense arising directly or indirectly from the use of this product.