

Agosto 2015

Kit QIAasymphony[®] DSP DNA: Caratteristiche delle prestazioni

Questo documento si riferisce ai kit *QIAasymphony DSP DNA: Caratteristiche delle prestazioni*, R4, per kit versione 1

I kit QIAasymphony® DSP DNA sono studiati per essere utilizzati esclusivamente in combinazione con il sistema QIAasymphony SP. I kit QIAasymphony DSP DNA Mini contengono reagenti per la purificazione automatizzata del DNA totale da sangue intero umano, buffy coat, campioni di tessuto e tessuto fissato in formalina e incluso in paraffina, nonché del DNA virale da sangue intero umano. I kit QIAasymphony DSP DNA Midi contengono reagenti per la purificazione automatizzata del DNA totale da sangue intero umano e buffy coat.

Tessuto e tessuto FFPE

Intervallo lineare

L'intervallo lineare relativo all'applicazione per tessuto FFPE QIAasymphony DSP DNA è stato valutato utilizzando sei replicati di 1–4 sezioni FFPE da 10 µm di milza umana appena sezionata. L'estrazione del DNA è stata eseguita con il kit QIAasymphony DSP DNA Mini in combinazione con il protocollo DSP a basso contenuto di tessuto. La deparaffinazione e la lisi sono state eseguite mediante pretrattamento con xilene/etanolo. Il DNA è stato eluito in 50 µl di tampone di eluizione e la resa del DNA è stata valutata mediante analisi spettroscopica (Figura 1).

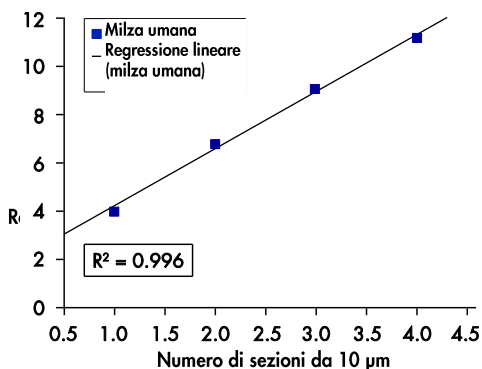


Figura 1. Intervallo lineare del DNA estratto da sezioni di tessuto FFPE. Sei replicati di 1–4 sezioni di tessuto FFPE da 10 µm di milza umana sono stati deparaffinati mediante pretrattamento con xilene/etanolo. L'estrazione del DNA è stata eseguita sul QIAasymphony SP con il kit QIAasymphony DSP DNA Mini in combinazione con il protocollo DSP a basso contenuto di tessuto e un volume di eluizione di 50 µl.

Confronto di prestazioni

Le prestazioni del kit QIAasymphony DSP DNA Mini sono state confrontate con le prestazioni del kit manuale QIAamp DSP DNA FFPE Tissue e con le prestazioni del kit QIAamp DSP DNA Mini utilizzando come materiale campione rispettivamente tessuto FFPE e tessuto fresco/congelato. Sono state eseguite simultaneamente la preparazione manuale e automatizzata e la quantificazione delle rese del DNA. La Figura 2, pagina 5, illustra le rese del DNA in seguito ad

estrazione da campioni di tessuto fresco/congelato e di tessuto FFPE utilizzando il kit QIAasymphony DSP DNA Mini, il kit QIAamp DSP DNA Mini (tessuto) e il kit QIAamp DSP DNA FFPE Tissue (tessuto FFPE).

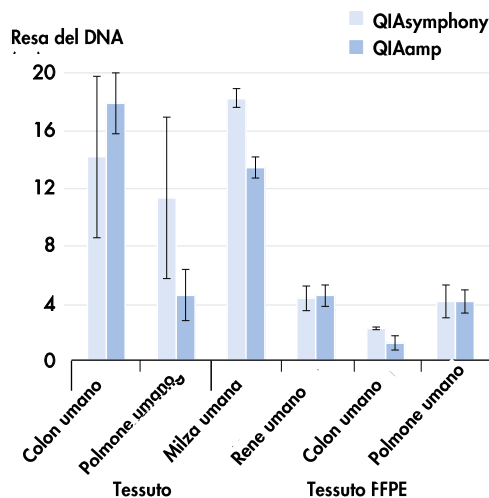


Figura 2. Estrazione del DNA da campioni di tessuto e tessuto FFPE. Per il tessuto fresco/congelato, i campioni di polmone umano e colon sono stati sezionati in 6 porzioni da 25 mg ciascuno. Tre porzioni di ciascun tipo di tessuto sono stati usati per la preparazione dei campioni utilizzando il QIAasymphony SP in combinazione con il protocollo DSP ad alto contenuto di tessuto. L'estrazione del DNA dai restanti campioni è stata eseguita con il kit QIAamp DSP DNA Mini. Il DNA è stato eluito in 200 µl e la resa del DNA è stata calcolata mediante analisi spettroscopica. Per l'estrazione del DNA dal tessuto FFPE, sono stati preparati 12 replicati contenenti 3 sezioni di tessuto FFPE da 10 µm ottenuti da vari organi umani. Sei campioni sono stati utilizzati per la preparazione dei campioni utilizzando il QIAasymphony SP in combinazione con il pretrattamento a base di soluzione di deparaffinazione e il protocollo DSP a basso contenuto di tessuto. L'estrazione del DNA dai restanti campioni è stata eseguita con il kit QIAamp DSP DNA FFPE Tissue. Il DNA è stato eluito in 50 µl e la resa del DNA è stata calcolata mediante analisi spettroscopica. Le barre del grafico mostrano la resa assoluta del DNA con deviazione standard.

Analisi dello stato mutazionale dei biomarker mediante PCR in tempo reale

L'analisi dello stato mutazionale dei biomarker è stata eseguita con il DNA estratto dalle sezioni FFPE di colon umano e con il DNA estratto dai campioni di tessuto polmonare umano.

Per l'estrazione del DNA dai campioni di tessuto FFPE sono state utilizzate 3 sezioni da 10 µm di colon umano per la preparazione dei campioni. L'estrazione del DNA è stata eseguita con la soluzione di deparaffinazione come pretrattamento e il protocollo DSP a basso contenuto di tessuto in combinazione con un volume di eluizione di 100 µl. L'analisi mutazionale del biomarker KRAS è stata eseguita con il kit KRAS RGQ PCR nel rispetto del corrispondente manuale. I valori C_T del test di controllo sono risultati entro l'intervallo definito e l'analisi per l'individuazione delle mutazioni ha rivelato la sostituzione di un aminoacido nel codone 12 (Tabella 1, pagina 4).

Per l'estrazione del DNA da campioni di tessuto congelato sono stati utilizzati 25 mg di polmone umano per la preparazione dei campioni utilizzando il protocollo DSP ad alto contenuto di tessuto e un volume di eluizione di 200 µl. È stata eseguita l'analisi mutazionale del biomarker EGFR. Sono stati poi eseguiti il test di controllo e il test per l'individuazione delle mutazioni come descritto nel manuale del kit *therascreen*[®] EGFR RGQ PCR. I risultati hanno rivelato una delezione nel gene EGFR, come dimostra un valore ΔC_T pari a 2,47, che è inferiore al valore cut-off definito per l'individuazione di una mutazione, ossia 12 (Tabella 2, pagina 5).

Tabella 1. Risultati dell'analisi mutazionale del biomarker KRAS nel tessuto FFPE

Campione	Reazione	C_T target	Controllo interno C_T	ΔC_T^*
Controllo no template	Controllo	0.00	32.75	-
	12ALA	0.00	32.65	-
	12ASP	0.00	32.69	-
	12ARG	0.00	32.86	-
	12CYS	0.00	32.35	-
	12SER	0.00	32.76	-
	12VAL	0.00	32.41	-
	13ASP	0.00	32.26	-
Standard	Controllo	25.95	32.73	-
	12ALA	26.39	32.29	0.44
	12ASP	26.54	32.15	0.59
	12ARG	26.35	32.14	0.40
	12CYS	26.31	32.47	0.36
	12SER	26.50	32.34	0.55
	12VAL	25.80	31.92	-0.15
	13ASP	27.09	32.54	1.14
Tessuto FFPE (colon umano)	Controllo	24.94	31.98	-
	12ALA	n.d.	32.42	-
	12ASP	n.d.	32.73	-
	12ARG	n.d.	33.05	-
	12CYS	n.d.	32.74	-
	12SER	29.11	32.34	4.17
	12VAL	n.d.	32.81	-
	13ASP	n.d.	33.20	-

* $\Delta C_T = M C_T - C C_T$, dove M = mutazione e C = controllo; n.d. = non determinato.

Tabella 2. Continuazione tabella dalla pagina precedente

Campione	Reazione	C _T target	Controllo interno C _T	ΔC _T *
Controllo no template	Controllo	0.00	31.71	-
	T790M	0.00	32.36	-
	Delezioni	0.00	31.75	-
	L858R	0.00	32.05	-
	L861Q	0.00	31.77	-
	G719X	0.00	31.68	-
	S768I	0.00	32.25	-
	Ins	0.00	31.84	-
Standard	Controllo	28.78	31.05	-
	T790M	30.08	31.13	1.30
	Delezioni	28.23	31.19	-0.55
	L858R	27.58	30.83	-1.20
	L861Q	27.80	30.86	-0.98
	G719X	27.80	30.90	-0.98
	S768I	29.28	31.41	0.50
	Ins	28.00	31.64	-0.78
Tessuto (polmone umano)	Controllo	25.76	31.23	-
	T790M	n.d.	31.99	-
	Delezioni	28.23	30.99	2.47
	L858R	n.d.	31.33	-
	L861Q	n.d.	31.98	-
	G719X	n.d.	32.06	-
	S768I	n.d.	31.88	-
	Ins	n.d.	31.62	-

* ΔC_T = M C_T - C C_T, dove M = mutazione e C = controllo; n.d. = non determinato.

Sangue e buffy coat

Le caratteristiche di prestazione per applicazioni con sangue e buffy coat sono state misurate utilizzando campioni da donatori di sangue con conta dei globuli bianchi compresa fra 4,0 e 11,0 x 10⁶ cellule/ml e donatori di buffy coat con conta dei globuli bianchi compresa fra 2,5 e 5,5 x 10⁷ cellule/ml.

Resa del DNA e purezza

Le prestazioni di base del kit QIA Symphony DSP DNA Mini sono state valutate utilizzando diverse provette di raccolta e anticoagulanti, nonché sangue intero umano sia fresco che congelato. Il sangue intero è stato raccolto da 3 donatori sani in 3 diversi tipi di provette: EDTA = provetta BD™ Vacutainer® 10 ml, 16 x 100 mm, K2-EDTA; citrato = provetta BD 9NC 2,7 ml, 13 x 75 mm, citrato; eparina = Sarstedt® S-Monovette® 7,5 ml, 15 x 92 mm, litio-eparina. Il

sangue è stato utilizzato sia fresco (conservato a 5°C) che congelato (conservato a -20°C). Il DNA genomico è stato purificato da campioni di 200 µl, con 4 replicati per donatore e tipo di provetta, utilizzando il kit QIAasymphony DSP DNA Mini e il protocollo DSP Blood 200 con un volume di eluizione di 200 µl. Le rese del DNA e la purezza sono state determinate mediante analisi spettroscopica (Figura 3).

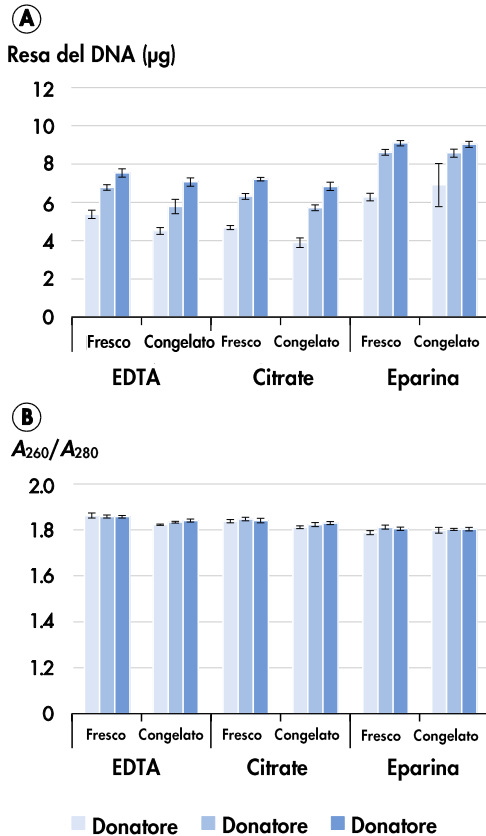


Figura 3. Robustezza del sistema misurata utilizzando diverse provette di raccolta dei campioni e anticoagulanti con sangue intero umano fresco e congelato. A Resa del DNA: le barre del grafico mostrano la resa assoluta del DNA con deviazione standard. **B** Purezza del DNA: le barre del grafico mostrano la purezza del DNA con deviazione standard.

Integrità del DNA

I prodotti di PCR a lungo raggio (5 kb) sono stati amplificati con il kit QIAGEN LongRange PCR (reazione di 50 µl). (Figura 4, pagina 7).

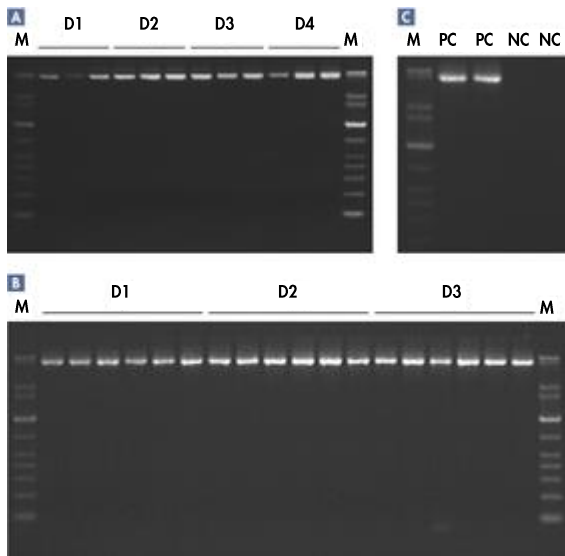


Figura 4. Integrità del DNA testata mediante PCR a lungo raggio. M = QIAGEN GelPilot 1 kb Plus Ladder. **A** Il sangue intero è stato raccolto da 4 donatori sani (D) in provette BD K2E. Il DNA genomico per PCR a lungo raggio è stato purificato da aliquote di 200 µl in triplicato utilizzando il kit QIASymphony DSP DNA Mini e il protocollo DSP Blood 200 con un volume di eluizione di 200 µl. D1 = Donatore 1, D2 = Donatore 2, D3 = Donatore 3, e D4 = Donatore 4. **B** Il sangue intero è stato raccolto da 3 donatori sani in provette BD K2E ed è stato preparato il buffy coat. Il DNA genomico è stato purificato da aliquote di 200 µl in sei replicati utilizzando il kit QIASymphony DSP DNA Mini e il protocollo DSP Buffy Coat 200 con un volume di eluizione di 200 µl. D1 = Donatore 1, D2 = Donatore 2 e D3 = Donatore 3. **C** Controlli: PC = controllo positivo e NC = controllo negativo.

Ripetibilità e riproducibilità

L'estrazione del DNA è stata eseguita utilizzando il protocollo DSP Blood 200 con un volume di eluizione di 200 µl. La ripetibilità è stata valutata da un unico operatore che ha eseguito tre sessioni di analisi indipendenti (con 96 campioni ciascuna) in tre diverse giornate, comprendente ciascuna 4 lotti da 24 campioni (Tabelle 3 e 4, pagina 8).

La riproducibilità è stata valutata da tre diversi operatori che hanno eseguito tre sessioni di analisi indipendenti (con 96 campioni ciascuna) in tre diverse giornate, su diversi strumenti QIASymphony SP, comprendente ciascuna 4 lotti da 24 campioni (Tabelle 5 e 6, pagine 8 e 9).

Tabella 3. Risultati della valutazione della ripetibilità

Seduta	Lotto	N	Resa media del DNA (µg)	DS	CV
1	1	24	5,32	0,22	4,22
	2	24	4,90	0,22	4,54
	3	24	4,95	0,21	4,26
	4	24	5,05	0,18	3,60
2	1	24	5,17	0,30	5,84
	2	24	4,90	0,15	3,14
	3	24	4,82	0,20	4,13
	4	24	4,87	0,17	3,52
3	1	24	5,11	0,17	3,33
	2	24	4,84	0,24	4,91
	3	24	4,87	0,16	3,38
	4	24	4,78	0,16	3,38
Totale	–	288	4,96	–	–

* N = Numero di replicati; DS = Deviazione standard; CV = Coefficiente di variazione.

Tabella 4. Dati di precisione relativi alla valutazione della ripetibilità

	DS	CV
Lotto vs. lotto nella stessa seduta	0,25	4,95
Precisione di ripetizione generale	0,26	5,18

* DS = Deviazione standard; CV = Coefficiente di variazione.

Tabella 5. Risultati della valutazione della riproducibilità

Seduta	Lotto	N	Resa media del DNA (µg)	DS	CV
1	1	24	5,32	0,22	4,22
	2	24	4,90	0,22	4,54
	3	24	4,95	0,21	4,26
	4	24	5,05	0,18	3,60
2	1	24	5,73	0,22	3,81
	2	24	5,56	0,26	4,63
	3	24	5,40	0,20	3,63
	4	24	5,46	0,21	3,89
3	1	24	5,73	0,26	4,62
	2	24	5,54	0,24	4,40
	3	24	5,41	0,18	3,34
	4	24	5,49	0,17	3,16
Totale	–	288	5,38	–	–

* N = Numero di replicati; DS = Deviazione standard; CV = Coefficiente di variazione.

Tabella 6. Dati di precisione relativi alla valutazione della riproducibilità

	DS	CV
Lotto vs. lotto nella stessa seduta	0,25	4,73
Precisione di ripetizione generale	0,38	7,03

* DS = Deviazione standard; CV = Coefficiente di variazione.

Intervallo lineare

Gli intervalli lineari per le applicazioni QIASymphony DSP DNA Blood e Buffy Coat sono stati valutati utilizzando campioni di sangue e buffy coat con sei diverse conte di globuli bianchi per ogni tipo di campione. Per il sangue intero le conte dei globuli bianchi sono risultate comprese fra 4×10^6 cellule/ml e $11,6 \times 10^6$ cellule/ml, mentre il buffy coat fra $2,2 \times 10^7$ cellule/ml e $5,6 \times 10^7$ cellule/ml. Le rese del DNA sono state calcolate mediante analisi spettroscopica e rappresentate graficamente rispetto alla conta dei globuli bianchi (Figura 5).

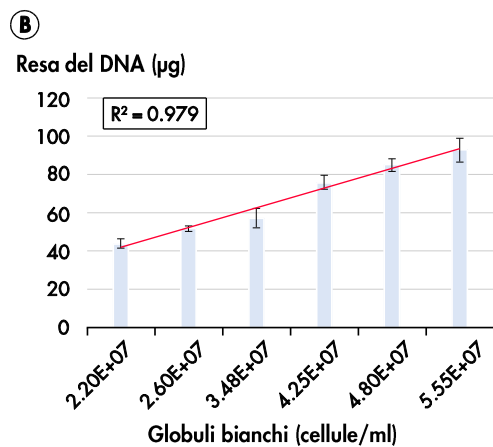
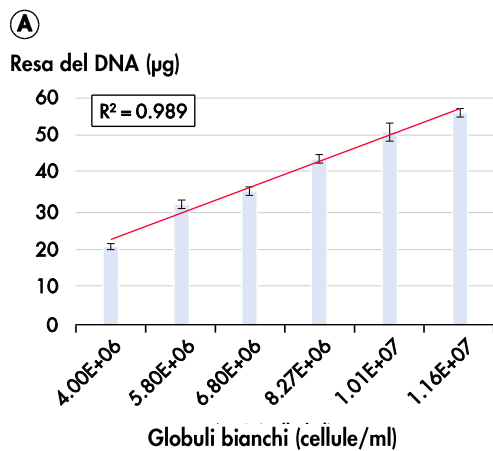


Figura 5. Intervallo lineare del DNA estratto da sangue e buffy coat A Il DNA genomico è stato purificato da 1 ml di sangue intero umano utilizzando il kit QIASymphony DSP DNA Midi e il protocollo DSP Blood 1000 con un volume di eluizione di 500 µl. Le barre del grafico mostrano la resa assoluta del DNA con deviazione standard. B Il DNA genomico è stato purificato da 400 µl di buffy coat utilizzando il kit QIASymphony DSP DNA Midi e il protocollo DSP Buffy Coat 400 con un volume di eluizione di 400 µl. Le barre del grafico mostrano la resa assoluta del DNA con deviazione standard.

Confronto di prestazioni

È stato eseguito un confronto di prestazioni fra il sistema QIASymphony DSP DNA Blood, il sistema EZ1® DSP DNA Blood e la procedura di preparazione manuale con il kit QIAamp® DNA Blood Mini. Il DNA è stato purificato da diversi campioni di sangue, è stato analizzato in relazione alla resa del DNA (Figura 6) e utilizzato nell'analisi del kit *artus*® MTHFR LC PCR (24) marcato CE (Tabella 7, pag. 12).

Resa del DNA (µg)

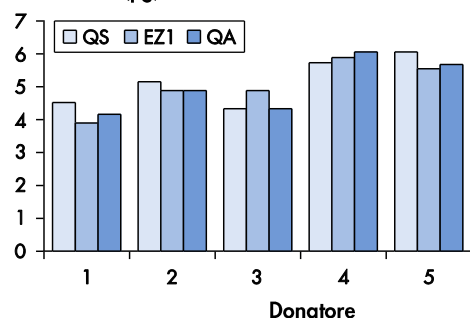


Figura 6. Confronto delle rese del DNA fra diversi di sistemi di purificazione del DNA dal sangue. Il sangue intero è stato raccolto da 5 donatori sani in provette BD K2E. Per tutti i metodi sono stati utilizzati volumi iniziali dei campioni di 200 µl e volumi di eluizione di 200 µl.

QS = Kit QIAAsymphony DSP DNA Mini e protocollo DSP Blood 200; EZ1 = EZ1 Advanced XL con uso del kit EZ1 DSP DNA Blood; QA = kit QIAamp DNA Blood Mini. Le barre del grafico mostrano la resa assoluta del DNA per ogni campione.

Tabella 7. Polimorfismi dei nucleotidi (nt) 677 e 1298 del gene MTHFR rilevati con l'uso del kit artus MTHFR LC PCR

Donatore	Metodo	nt 677	nt 1298	Risultato del genotipo
1	QS	Omozigote wild type wt677/wt677	Variante eterozigote wt1298/var1298	Variante eterozigote wt677/wt677 wt1298/var1298
	EZ1	Omozigote wild type wt677/wt677	Variante eterozigote wt1298/var1298	
	QA	Omozigote wild type wt677/wt677	Variante eterozigote wt1298/var1298	
2	QS	Variante eterozigote wt677/var677	Variante eterozigote wt1298/var1298	Variante eterozigote wt677/var677 wt1298/var1298
	EZ1	Variante eterozigote wt677/var677	Variante eterozigote wt1298/var1298	
	QA	Variante eterozigote wt677/var677	Variante eterozigote wt1298/var1298	
3	QS	Omozigote wild type wt677/wt677	Heterozygous variant wt1298/var1298	Variante eterozigote wt677/wt677 wt1298/var1298
	EZ1	Omozigote wild type wt677/wt677	Heterozygous variant wt1298/var1298	
	QA	Omozigote wild type wt677/wt677	Heterozygous variant wt1298/var1298	
4	QS	Variante omozigote var677/var677	Omozigote wild type wt1298/wt1298	Variante omozigote var677/var677 wt1298/wt1298
	EZ1	Variante omozigote var677/var677	Omozigote wild type wt1298/wt1298	
	QA	Variante omozigote var677/var677	Omozigote wild type wt1298/wt1298	
5	QS	Variante eterozigote wt677/var677	Variante eterozigote wt1298/var1298	Variante omozigote wt677/var677 wt1298/var1298
	EZ1	Variante eterozigote wt677/var677	Variante eterozigote wt1298/var1298	
	QA	Variante eterozigote wt677/var677	Variante eterozigote wt1298/var1298	

Donatore	Metodo	nt 677	nt 1298	Risultato del genotipo
6	QS	Variante eterozigote wt677/var677	Variante eterozigote wt1298/var1298	Variante omozigote wt677/var677 wt1298/var1298
	EZ1	Variante eterozigote wt677/var677	Variante eterozigote wt1298/var1298	
	QA	Variante eterozigote wt677/var677	Variante eterozigote wt1298/var1298	
7	QS	Omozigote wild type wt677/wt677	Omozigote wild type wt1298/wt1298	Omozigote wild type wt677/wt677 wt1298/wt1298
	EZ1	Omozigote wild type wt677/wt677	Omozigote wild type wt1298/wt1298	
	QA	Omozigote wild type wt677/wt677	Omozigote wild type wt1298/wt1298	
8	QS	Omozigote wild type wt677/wt677	Omozigote wild type wt1298/wt1298	Omozigote wild type wt677/wt677 wt1298/wt1298
	EZ1	Omozigote wild type wt677/wt677	Omozigote wild type wt1298/wt1298	
	QA	Omozigote wild type wt677/wt677	Omozigote wild type wt1298/wt1298	
9	QS	Variante eterozigote wt677/var677	Variante eterozigote wt1298/var1298	Variante omozigote wt677/var677 wt1298/var1298
	EZ1	Variante eterozigote wt677/var677	Variante eterozigote wt1298/var1298	
	QA	Variante eterozigote wt677/var677	Variante eterozigote wt1298/var1298	
10	QS	Omozigote wild type wt677/wt677	Omozigote wild type wt1298/wt1298	Omozigote wild type wt677/wt677 wt1298/wt1298
	EZ1	Omozigote wild type wt677/wt677	Omozigote wild type wt1298/wt1298	
	QA	Omozigote wild type wt677/wt677	Omozigote wild type wt1298/wt1298	

La varianza del gene della metilene tetraidrofolato reduttasi (MTHFR) è stata analizzata in due posizioni nucleotidiche (nt 677 e nt 1298) tramite un'analisi della curva di fusione su uno strumento LightCycler®. Il sangue intero è stato raccolto da 10 donatori sani in provette BD K2E. Per tutti i metodi sono stati utilizzati volumi iniziali dei campioni di 200 µl e volumi di eluzione di 200 µl.

QS = Kit QIASymphony DSP DNA Mini e protocollo DSP Blood 200; EZ1 = EZ1 Advanced XL con uso del kit EZ1 DSP DNA Blood; QA = kit QIAamp DNA Blood Mini. wt = allele wild type nella rispettiva posizione del gene MTHFR; var = allele variante nella rispettiva posizione del gene MTHFR.

Sangue virale

Le caratteristiche di prestazione per applicazioni con sangue intero sono state misurate utilizzando campioni da donatori di sangue con conta dei globuli bianchi compresa fra 4,0 e 11,0 x 10⁶ cellule/ml.

Recupero del DNA virale

Il sangue intero è stato raccolto da 3 donatori sani in provette BD K2E e arricchito con materiale standard CMV (titolo 3,7 log copie/ml). Il DNA virale è stato purificato da 7 replicati, utilizzando

per ciascuno il kit QIAasymphony DSP DNA Mini e il protocollo DSP Virus Blood 200 con 4 diversi volumi di eluizione (Figura 7).

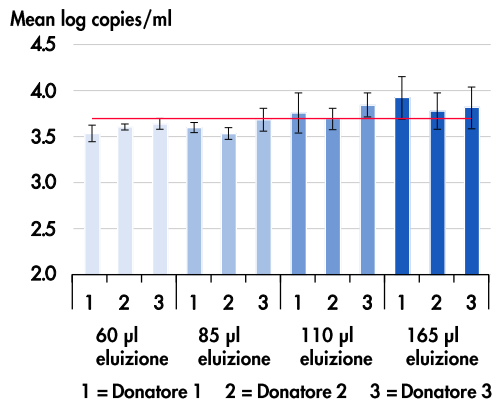


Figura 7. Confronto della quantificazione del DNA virale per diversi volumi di eluizione. Gli eluiti di ciascun campione di donatore e il volume di eluizione (60 µl, 85 µl, 110 µl e 165 µl) sono stati analizzati con il kit *artus* CMV RG PCR. La linea rossa rappresenta il titolo target e le barre del grafico mostrano la media di log copie per millilitro con deviazione standard.

Sostanze inibitorie

L'influenza di sostanze inibitorie, eventualmente presenti nel sangue intero, sulle prestazioni del protocollo DSP Virus Blood 200 è stata testata aggiungendo le seguenti sostanze: Per quanto riguarda l'emoglobina (200 g/l) e le proteine (120 g/l), sono stati determinati i livelli nel campione di sangue ed è stata aggiunta un'ulteriore quantità di emoglobina e proteine per raggiungere le concentrazioni indicate, rispettivamente 200 g/l o 120 g/l. Per quanto riguarda la bilirubina (200 mg/l) e i trigliceridi (30 g/l), è stata aggiunta la quantità totale di ogni sostanza ai campioni per raggiungere le concentrazioni indicate.

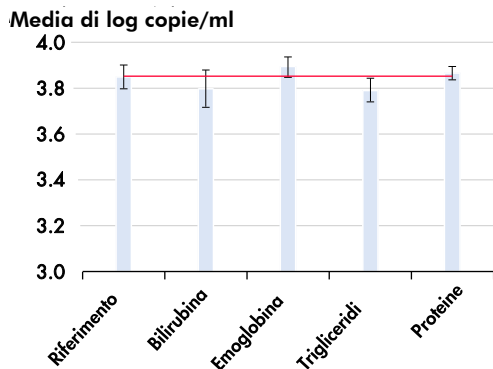


Figura 8. Test delle sostanze inibitorie. Il sangue intero è stato raccolto da 1 donatore sano in provette BD K2E e arricchito con materiale standard CMV (titolo 4,0 log copie/ml). Sono stati testati cinque campioni aggiungendo potenziali inibitori e il DNA virale è stato purificato da quattro replicati di ciascun campione utilizzando il kit QIAasymphony DSP DNA Mini e il protocollo DSP Virus Blood 200 con un volume di eluizione di 165 µl. Gli eluiti sono stati analizzati con il kit *artus*

CMV RG PCR. La linea rossa rappresenta il titolo stabilito per i campioni di riferimento, che non sono stati arricchiti con sostanze inibitorie, e le barre del grafico mostrano la media di log copie per millilitro con deviazione standard.

Sensibilità

Sono stati condotti studi di hit rate diluendo il materiale standard OMS CMV prequantificato in sangue intero umano CMV-negativo. È stato osservato un tasso di rilevamento del 100% per i campioni con cariche virali di 90 UI di CMV per millilitro.

Tabella 8. Sensibilità dell'applicazione QIASymphony DSP Virus Blood

CMV (UI/ml)	Replicati	Hit	Hit %
350	18	18	100.00
230	32	32	100.00
115	31	31	100.00
90	32	32	100.00
60	30	24	80.00
30	30	15	50.00
15	30	10	33.33
6	21	5	23.81
2	21	2	9.52
0	15	0	0.00

Il sangue intero umano è stato raccolto da un donatore sano CMV-negativo in provette BD K2E e arricchito con materiale standard OMS CMV utilizzando diversi titoli. Il DNA virale è stato purificato utilizzando il kit QIASymphony DSP DNA Mini e il protocollo DSP Virus Blood 200 con un volume di eluizione di 60 µl. Gli eluiti sono stati analizzati con il kit *artus* CMV RG PCR.

Per informazioni aggiornate sulla licenza e per i disclaimer specifici dei prodotti consultare il manuale del kit QIAGEN specifico. I manuali dei kit QIAGEN e i manuali utente sono disponibili all'indirizzo www.qiagen.com oppure possono essere richiesti al servizio di assistenza tecnica QIAGEN o al proprio distributore locale.

Marchi: QIAGEN®, Sample to Insight®, QIAamp®, QIAasymphony®, artus®, EZ1®, *therascreen*® (QIAGEN Group); Sarstedt®, S-Monovette® (Sarstedt AG and Co.); BD™, Vacutainer®, (Becton Dickinson and Company); LightCycle® (Roche Group). I marchi, nomi registrati, ecc., utilizzati nel presente documento, anche se non contrassegnati specificamente come tali, vanno considerati protetti dalla legge. 08/2015 HB-0977-D01-004
© 2012–2015 QIAGEN, tutti i diritti riservati.

