

Août 2015

Kits QIAAsymphony[®] DSP DNA: Caractéristiques de performance

Ce document est le *QIAAsymphony DSP DNA Kits: Performance Characteristics* (Caractéristiques de performance des kits QIAAsymphony DSP DNA) R4, pour la version de kit n° 1

Les kits QIASymphony® DSP DNA sont prévus exclusivement pour une utilisation sur QIASymphony SP. Les kits QIASymphony DSP DNA Mini se composent de réactifs pour purification automatisée d'ADN total provenant de sang total, de couche leuco-plaquettaire, de tissu et d'échantillons de tissu fixés au formol et inclus en paraffine (formalin-fixed, paraffin-embedded ou FFPE) humains, ainsi que d'ADN viral provenant de sang total humain. Les kits QIASymphony DSP DNA Midi se composent de réactifs pour purification automatisée d'ADN total provenant de sang total et de couche leuco-plaquettaire humains.

Tissu et tissu FFPE

Plage linéaire

La plage linéaire de l'application sur tissu FFPE QIASymphony DSP DNA a été évaluée au moyen de six réplicats de 1–4, 10 µm de sections de tissu FFPE prélevées sur une rate humaine fraîchement coupée. L'ADN a été extrait avec le kit QIASymphony DSP DNA Mini associé au protocole DSP à contenu faible en tissu. La déparaffinisation et la lyse ont été réalisées en appliquant la méthode de pré-traitement par xylène/éthanol. L'ADN a été élué dans 50 µl de tampon d'élué et le rendement d'ADN a été déterminé par analyse spectroscopique (figure 1).

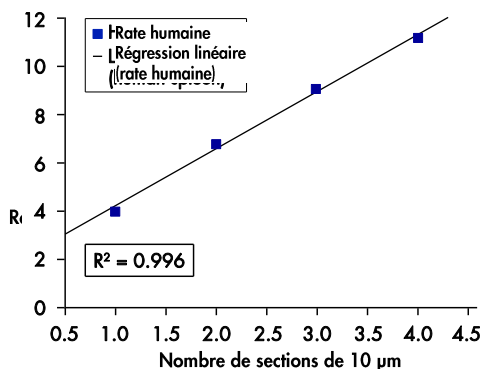


Figure 1. Plage linéaire de l'ADN extrait de sections de tissu FFPE. Six réplicats de 1–4, 10 µm de sections de tissu FFPE de rate humaine ont été déparaffinisés par pré-traitement au xylène/éthanol. L'ADN a été extrait sur le QIASymphony SP au moyen du kit QIASymphony DSP DNA Mini associé au protocole DSP à contenu faible en tissu et à un volume d'élué de 50 µl.

Performance comparative

La performance du kit QIASymphony DSP DNA Mini a été respectivement comparée à celle du kit manuel pour tissu FFPE QIAamp DSP DNA et au kit QIAamp DSP DNA Mini avec du tissu FFPE et du tissu frais/congelé utilisés comme échantillons. Les préparations d'échantillons manuelles et automatiques ainsi que la quantification des rendements d'ADN ont été effectuées simultanément. La figure 2, page 5, indique les rendements d'ADN après extraction à partir d'échantillons de

tissu frais/congelé et de tissu FFPE avec le kit QIAasymphony DSP DNA Mini, le kit QIAamp DSP DNA Mini (tissu) et le kit pour tissu FFPE QIAamp DSP DNA (tissu FFPE).

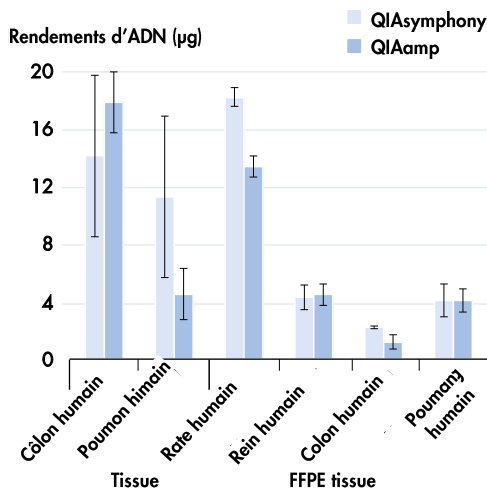


Figure 2. Extraction d'ADN à partir d'échantillons de tissu et de tissu FFPE. Pour la préparation de tissu frais/congelé, les échantillons de poumon et le côlon humains ont été découpés en 6 morceaux de 25 mg. Trois morceaux de chaque type de tissu ont été préparé avec le QIAasymphony SP associé au protocole DSP à contenu élevé en tissu. L'ADN a été extrait à partir des échantillons restants avec le kit QIAamp DSP DNA Mini. L'ADN a été élué dans 200 µl et le rendement d'ADN a été déterminé par analyse spectroscopique. Pour l'extraction d'ADN à partir de tissu FFPE ont été préparé 12 répliqués de 3 x 10 µm de sections de tissu FFPE prélevées sur divers organes humains. Six échantillons ont été préparés avec le QIAasymphony SP associé au prétraitement par solution de déparaffinisation et au protocole DSP à contenu faible en tissu. L'ADN a été extrait à partir des échantillons restants avec le kit pour tissu FFPE QIAamp DSP DNA. L'ADN a été élué dans 50 µl et le rendement d'ADN a été déterminé par analyse spectroscopique. Les barres montrent le rendement absolu d'ADN avec écart type.

Analyse du statut mutationnel des biomarqueurs par PCR en temps réel

Le statut mutationnel des biomarqueurs a été analysé à partir d'ADN extrait de sections de tissu FFPE prélevées sur côlon humain et d'ADN extrait d'échantillons de tissu pulmonaire humain.

Pour l'extraction d'ADN à partir d'échantillons de tissu FFPE ont été prélevé 3 x 10 µm de sections de tissu FFPE pour préparation des échantillons. L'ADN a été extrait avec de la solution de déparaffinisation pour pré-traitement et selon le protocole DSP à contenu faible en tissu associé à un volume d'élué de 100 µl. Le statut mutationnel du biomarqueur KRAS a été analysé avec le kit KRAS RGQ PCR conformément au manuel du kit. Les valeurs C_T du test de contrôle se situaient dans la plage définie et l'analyse de détection de la mutation a révélé une substitution d'acide aminé dans le codon 12 (tableau 1, page 4).

Pour extraire l'ADN à partir d'échantillons de tissu congelé, 25 mg de poumon humain ont été utilisés pour préparer les échantillons selon le protocole DSP à contenu élevé en tissu et avec un volume d'élué de 200 µl. Le statut mutationnel du biomarqueur EGFR a été analysé. On a

réalisé des tests de contrôle et de détection de la mutation comme décrit dans le manuel du kit *therascreen*® EGFR RGQ PCR. Les résultats ont révélé une suppression dans le gène EGFR comme l'indique une valeur ΔC_T de 2,47, située sous la valeur seuil définie de 12 pour la détection d'une mutation (tableau 2, page 5).

Tableau 1. Résultats de l'analyse mutationnelle (KRAS) à partir de tissu FFPE

Échantillon	Réaction	Valeur cible C_T	Témoin interne C_T	ΔC_T^*
Témoin sans matrice	Témoin	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	–
Étalon	Témoin	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
Tissu FFPE (côlon humain)	Témoin	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	–

* $\Delta C_T = M C_T - C C_T$, where M = mutation and C = control; n.d. = not detected.

Tableau 6. Résultats de l'analyse mutationnelle (EGFR) à partir de tissu congelé

Échantillon	Réaction	Valeur cible C _T	Témoin interne C _T	ΔC _T *
Témoin sans matrice	Témoin	0.00	31.71	–
	T790M	0.00	32.36	–
	Suppressions	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	–
Étalon	Témoin	28.78	31.05	–
	T790M	30.08	31.13	1.30
	Suppressions	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
Tissu (poumon humain)	Témoin	25.76	31.23	–
	T790M	n.d.	31.99	–
	Suppressions	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	–

* ΔCT = M CT – C CT, avec M = mutation et C = control (témoin) ; p.d. = pas détecté.

Sang et couche leuco-plaquettaire

Les caractéristiques de performance pour des applications sur le sang et la couche leuco-plaquettaire ont été déterminé en utilisant des échantillons provenant de donneurs de sang présentant une numération leucocytaire dans la plage de 4,0 à 11,0 x 10⁶ cellules/ml et de donneurs de couche leuco-plaquettaire présentant une numération leucocytaire dans la plage de 2,5 à 5,5 x 10⁷ cellules/ml.

Rendement et pureté de l'ADN

La performance de base du kit QIASymphony DSP DNA Mini a été évalué en utilisant des tubes de prélèvement et des anticoagulants différents, ainsi que du sang total humain frais et congelé. Le sang total a été prélevé sur 3 donneurs sains dans 3 types de tubes différents : EDTA = BD™ 10 ml Vacutainer® 16 x 100 mm, K2-EDTA ; Citrate = BD 2,7 ml 9NC Tube 13 x 75 mm, citrate ; Héparine = Sarstedt® 7,5 ml S-Monovette® 15 x 92 mm, Li-héparine. Le sang utilisé était frais (stocké à 5 °C) ou congelé (stocké à -20 °C). L'ADN génomique a été purifié à partir d'échantillons de 200 µl, avec 4 réplicats par donneur et par type de tube, en utilisant le kit QIASymphony DSP DNA Mini et le protocole DSP Blood 200 avec un volume d'élution de 200 µl. Les rendements et la pureté de l'ADN ont été déterminé par analyse spectroscopique (figure 3).

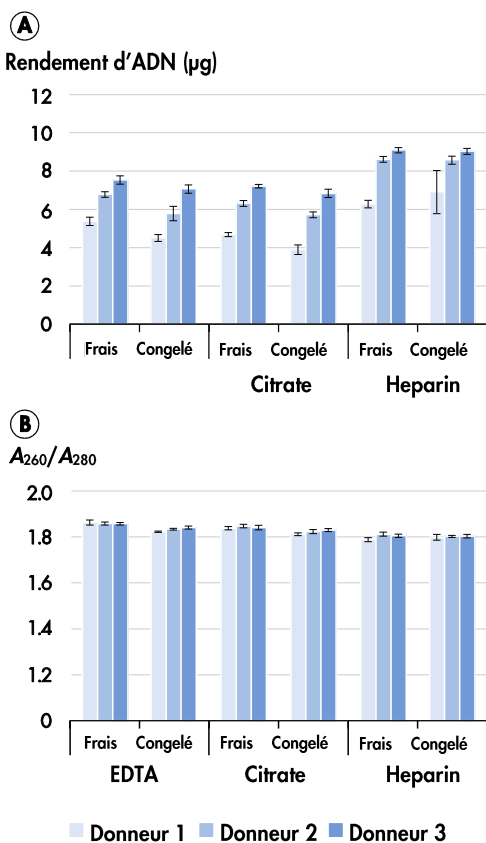


Figure 3. Robustesse du système déterminé en utilisant différents tubes de prélèvement de sang et différents anticoagulants et du sang total humain frais et congelé. A Rendement d'ADN, les barres montrent le rendement absolu d'ADN avec écart type. **B** Pureté de l'ADN, les barres montrent la pureté de l'ADN avec écart type.

Intégrité de l'ADN

Les produits de PCR de grande taille (Longe-range, 5 kb) ont été amplifiés en utilisant le kit QIAGEN LongRange PCR (réaction de 50 µl). (figure 4, page 7).

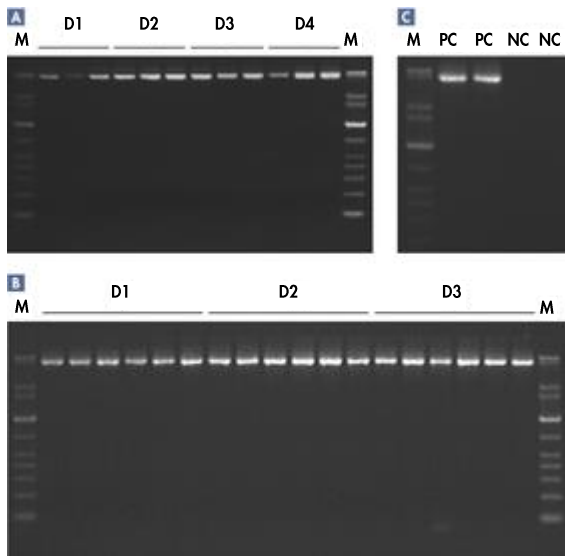


Figure 4. Test d'intégrité de l'ADN par long-range PCR. M = QIAGEN GelPilot 1 kb Plus Ladder. **A** Le sang total a été prélevé sur 4 donneurs sains (D) dans des tubes BD K2E. L'ADN génomique pour la long-range PCR a été purifié à partir de fractions aliquotes de 200 µl en triplicat en utilisant le kit QIASymphony DSP DNA Mini et le protocole DSP Blood 200 avec un volume d'élution de 200 µl. D1 = Donneur 1, D2 = Donneur 2, D3 = Donneur 3 et D4 = Donneur 4. **B** Le sang total a été prélevé sur 3 donneurs sains dans des tubes BD K2E, après quoi la couche leuco-plaquettaire était préparée. L'ADN génomique a été purifié à partir de fractions aliquotes de 200 µl en six réplicats en utilisant le kit QIASymphony DSP DNA Mini et le protocole DSP Buffy coat 200 avec un volume d'élution de 200 µl. D1 = donneur 1, D2 = donneur 2 et D3 = Donneur 3. **C** Contrôles : PC = contrôle positif et NC = contrôle négatif.

Répétabilité et reproductibilité

L'ADN a été extrait selon le protocole DSP blood 200 avec un volume d'élution de 200 µl. La répétabilité a été évaluée par un seul technicien qui a lancé trois cycles indépendants (96 échantillons chacun) sur trois jours différents, chaque cycle se composant de 4 lots de 24 échantillons (tableaux 3 et 4, page 8).

La reproductibilité a été évaluée en lançant trois cycles indépendants (96 échantillons chacun) sur trois jours différents par trois techniciens différents sur des appareils QIASymphony SP différents, chaque cycle se composant de 4 lots de 24 échantillons (tableaux 5 et 6, pages 8 et 9).

Tableau 3. Résultats de l'évaluation de la répétabilité

Cycle	Lot	N	Rendement moyen d'ADN (µg)	SD	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
Total	–	288	4,96	–	–

* N = Nombre de répliqués ; SD = Écart type ; CV = coefficient de variation.

Tableau 4. Données de précision pour l'évaluation de la répétabilité

	SD	CV
Lot à lot au cours du même cycle	0,25	4,95
Précision globale de la répétition	0,26	5,18

* SD = Écart type ; CV = Coefficient de variation.

Tableau 5. Résultats de l'évaluation de la reproductibilité

Cycle	Lot	N	Rendement moyen d'ADN (µg)	SD	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
Total	–	288	5,38	–	–

* N = Nombre de répliqués ; SD = Écart type ; CV = coefficient de variation.

Tableau 6. Données de précision pour l'évaluation de la reproductibilité

	SD	CV
Lot à lot au cours du même cycle	0,25	4,73
Précision globale de la répétition	0,38	7,03

* SD = Écart type ; CV = Coefficient de variation.

Plage linéaire

Les plages linéaires des applications sur sang et couche leuco-plaquettaire QIASymphony DSP DNA ont été évalué en utilisant des échantillons de sang et de couche leuco-plaquettaire présentant six numérations leucocytaires (WBC) différentes pour chaque type d'échantillon. Pour le sang total, les numérations WBC se situent dans la plage de 4×10^6 cellules/ml à $11,6 \times 10^6$ cellules/ml et pour la couche leuco-plaquettaire, les numérations se situent dans la plage de $2,2 \times 10^7$ cellules/ml à $5,6 \times 10^7$ cellules/ml. Les rendements d'ADN ont été déterminé par analyse spectroscopique et tracé en fonction de la numération WBC (figure 5).

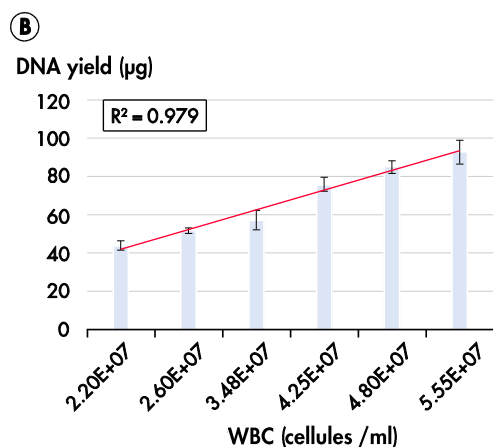
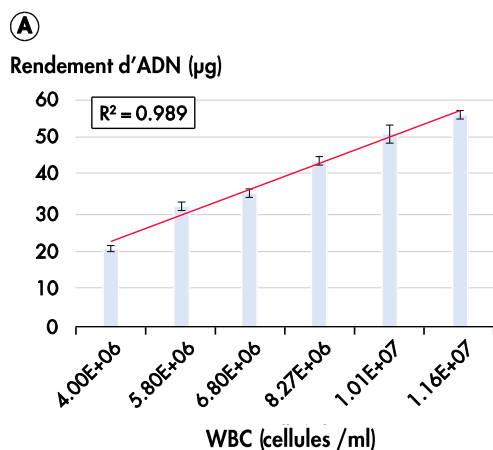


Figure 5. Plage linéaire de l'ADN extrait à partir de sang et de couche leuco-plaquettaire. A L'ADN génomique a été purifié à partir de 1 ml de sang total humain en utilisant le kit QIAAsymphony DSP DNA Midi et le protocole DSP Blood 1000 avec un volume d'éluion de 500 µl. Les barres montrent le rendement absolu d'ADN avec écart type. B L'ADN génomique a été purifié à partir de 400 µl de couche leuco-plaquettaire en utilisant le kit QIAAsymphony DSP DNA Midi et le protocole DSP Buffy Coat 400 avec un volume d'éluion de 400 µl. Les barres montrent le rendement absolu d'ADN avec écart type.

Performance comparative

La performance du système QIAAsymphony DSP DNA Blood a été analysé par comparaison avec le système EZ1® DSP DNA Blood et avec la procédure de préparation manuelle du kit QIAamp® DNA Blood Mini. L'ADN a été purifié à partir de différents échantillons de sang, analysé pour le rendement d'ADN (figure 6) et utilisé dans l'analyse avec le kit estampillé CE *artus*® MTHFR LC PCR (24) CE (tableau 7, page 12).

Rendement d'ADN (µg)

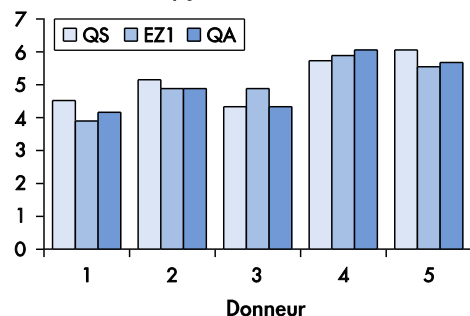


Figure 6. Comparaison des rendements d'ADN entre divers systèmes de purification d'ADN du sang. Le sang total a été prélevé sur 5 donneurs sains dans des tubes BD K2E. Dans tous les procédés, des volumes d'échantillons d'entrée de 200 µl et des volumes d'éluion de 200 µl ont été utilisés. QS = Kit QIAasymphony DSP DNA Mini et protocole DSP blood 200 ; EZ1 = EZ1 Advanced XL avec le kit EZ1 DSP DNA Blood ; QA = kit QIAamp DNA Blood Mini. Les barres montrent le rendement absolu d'ADN pour chaque échantillon.

Tableau 7. Détection de polymorphismes sur le nucléotide (nt) 677 et le nt 1298 du gène MTHFR en utilisant le kit artus MTHFR LC PCR

Donneur	Procédé	nt 677	nt 1298	Résultat génotypique
1	QS	Type sauvage homozygote wt677/wt677	Variant hétérozygote wt1298/var1298	wt677/wt677 wt1298/var1298 Variant hétérozygote
	EZ1	Type sauvage homozygote wt677/wt677	Variant hétérozygote wt1298/var1298	
	QA	Type sauvage homozygote wt677/wt677	Variant hétérozygote wt1298/var1298	
2	QS	Variant hétérozygote wt677/var677	Variant hétérozygote wt1298/var1298	wt677/var677 wt1298/var1298 Variant hétérozygote
	EZ1	Variant hétérozygote wt677/var677	Variant hétérozygote wt1298/var1298	
	QA	Variant hétérozygote wt677/var677	Variant hétérozygote wt1298/var1298	
3	QS	Type sauvage homozygote wt677/wt677	Variant hétérozygote wt1298/var1298	wt677/wt677 wt1298/var1298 Variant hétérozygote
	EZ1	Type sauvage homozygote wt677/wt677	Variant hétérozygote wt1298/var1298	
	QA	Type sauvage homozygote wt677/wt677	Variant hétérozygote wt1298/var1298	
4	QS	Variant homozygote var677/var677	Type sauvage homozygote wt1298/wt1298	var677/var677 wt1298/wt1298 variant homozygote
	EZ1	Variant homozygote var677/var677	Type sauvage homozygote wt1298/wt1298	
	QA	Variant homozygote var677/var677	Type sauvage homozygote wt1298/wt1298	
5	QS	Variant hétérozygote wt677/var677	Variant hétérozygote wt1298/var1298	wt677/var677 wt1298/var1298 variant hétérozygote
	EZ1	Variant hétérozygote wt677/var677	Variant hétérozygote wt1298/var1298	
	QA	Variant hétérozygote wt677/var677	Variant hétérozygote wt1298/var1298	

Donneur	Procédé	nt 677	nt 1298	Résultat génotypique
6	QS	Variant hétérozygote wt677/var677	Variant hétérozygote wt1298/var1298	wt677/var677 wt1298/var1298 variant hétérozygote
	EZ1	Variant hétérozygote wt677/var677	Variant hétérozygote wt1298/var1298	
	QA	Variant hétérozygote wt677/var677	Variant hétérozygote wt1298/var1298	
7	QS	Type sauvage homozygote wt677/wt677	Type sauvage homozygote wt1298/wt1298	wt677/wt677 wt1298/wt1298 Type sauvage homozygote
	EZ1	Type sauvage homozygote wt677/wt677	Type sauvage homozygote wt1298/wt1298	
	QA	Type sauvage homozygote wt677/wt677	Type sauvage homozygote wt1298/wt1298	
8	QS	Type sauvage homozygote wt677/wt677	Type sauvage homozygote wt1298/wt1298	wt677/wt677 wt1298/wt1298 Type sauvage homozygote
	EZ1	Type sauvage homozygote wt677/wt677	Type sauvage homozygote wt1298/wt1298	
	QA	Type sauvage homozygote wt677/wt677	Type sauvage homozygote wt1298/wt1298	
9	QS	Variant hétérozygote wt677/var677	Variant hétérozygote wt1298/var1298	wt677/var677 wt1298/var1298 variant hétérozygote
	EZ1	Variant hétérozygote wt677/var677	Variant hétérozygote wt1298/var1298	
	QA	Variant hétérozygote wt677/var677	Variant hétérozygote wt1298/var1298	
10	QS	Type sauvage homozygote wt677/wt677	Type sauvage homozygote wt1298/wt1298	wt677/wt677 wt1298/wt1298 Type sauvage homozygote
	EZ1	Type sauvage homozygote wt677/wt677	Type sauvage homozygote wt1298/wt1298	
	QA	Type sauvage homozygote wt677/wt677	Type sauvage homozygote wt1298/wt1298	

La variance génétique du gène de la méthyltétrahydrofolate réductase (MTHFR) a été analysé au niveau de deux positions nucléotidiques (nt 677 et nt 1298) par le biais d'une analyse de courbe de fusion sur un instrument LightCycler®. Le sang total a été prélevé sur 10 donneurs sains dans des tubes BD K2E. Dans tous les procédés, des volumes d'échantillons d'entrée de 200 µl et des volumes d'éluion de 200 µl ont été utilisés.

QS = Kit QIASymphony DSP DNA Mini et protocole DSP blood 200 ; EZ1 = EZ1 Advanced XL avec le kit EZ1 DSP DNA Blood ; QA = kit QIAamp DNA Blood Mini. wt = allèle de type sauvage sur la position respective du gène MTHFR ; var = allèle de type variant sur la position respective du gène MTHFR.

Sang contenant un virus

Les caractéristiques de performance pour des applications sur du sang contenant un virus ont été déterminé en utilisant des échantillons provenant de donneurs de sang présentant une numération leucocytaire dans la plage de 4,0 à 11,0 x 10⁶ cellules/ml.

Récupération de l'ADN viral

Le sang total a été prélevé sur 3 donneurs sains dans des tubes BD K2E, puis dopé avec un étalon dérivé du CMV (titre de 3,7 log copies/ml).L'ADN viral a été purifié à partir de 7

réplicats, en utilisant pour chacun le kit QIAAsymphony DSP DNA Mini et le protocole DSP Virus Blood 200 avec 4 volumes d'élution différents (Figure 7).

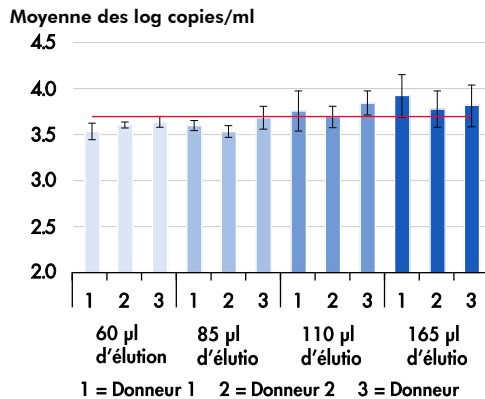


Figure 7. Comparaison de la quantification d'ADN viral pour différents volumes d'élution. Les éluats de chaque échantillon de donneur et le volume d'élution (60 µl, 85 µl, 110 µl et 165 µl) ont été analysés avec le kit *artus* CMV RG PCR. La ligne rouge représente le titre cible et les barres montrent la moyenne des log copies par millilitre avec écart type.

Substances inhibitrices

L'influence de substances inhibitrices, qui peuvent être présentes dans le sang total, sur la performance du protocole DSP virus blood 200 a été testée en ajoutant les substances suivantes : Pour l'hémoglobine (200 g/l) et les protéines (120 g/l), les niveaux présents dans l'échantillon de sang ont été déterminés, puis une quantité supplémentaire d'hémoglobine ou de protéines a été respectivement ajoutée pour atteindre les concentrations indiquées de 200 g/l ou 120 g/l. Pour la bilirubine (200 mg/l) et les triglycérides (30 g/l), la quantité totale de chaque substance a été ajoutée aux échantillons pour atteindre les concentrations indiquées.

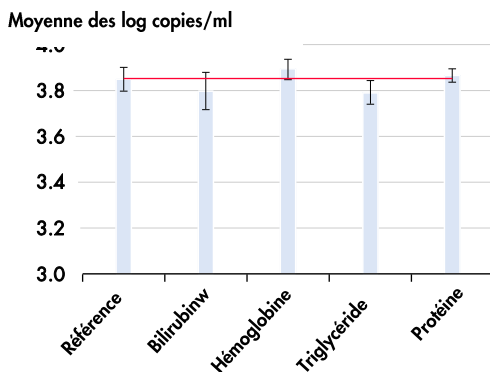


Figure 8. Test sur les substances inhibitrices. Le sang total a été prélevé sur 1 donneur sain dans des tubes BD K2E, puis dopé avec un étalon dérivé du CMV (titre de 4,0 log copies/ml). Cinq échantillons ont été testés en ajoutant les inhibiteurs potentiels et l'ADN viral a été purifié à partir de quatre réplicats de chaque échantillon en utilisant le kit QIAAsymphony DSP

DNA Mini et le protocole DSP Virus Blood 200 avec un volume d'éluat de 165 µl. Les éluats ont été analysés avec le kit *artus* CMV RG PCR. La ligne rouge représente le titre déterminé pour les échantillons de référence, qui n'ont pas été dopés avec une substance inhibitrice quelconque et les barres montrent la moyenne des log copies par millilitre avec écart type.

Sensibilité

Des études de taux de dépistage ont été réalisées en diluant un étalon pré-quantifié de l'OMS, dérivé du CMV, dans du sang total humain négatif pour le CMV. Un taux de détection de 100 % a été observé pour les échantillons ayant des charges virales de 90 UI de CMV par millilitre.

Tableau 8. Sensibilité de l'application QIASymphony DSP Virus Blood

CMV (UI/ml)	Réplicats	Occurrences	% d'occurrence
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

Le sang total humain a été prélevé sur 1 donneur sain négatif pour le CMV dans des tubes BD K2E, puis dopé avec un étalon de l'OMS, dérivé du CMV, en utilisant différents titres. L'ADN viral a été purifié en utilisant le kit QIASymphony DSP DNA Mini et le protocole DSP Virus Blood 200 avec un volume d'éluat de 60 µl. Les éluats ont été analysés avec le kit *artus* CMV RG PCR.

Pour obtenir les dernières informations sur la licence et les clauses de responsabilité spécifiques aux produits, consulter le manuel du kit ou le manuel d'utilisation QIAGEN respectif. Les manuels des kits et manuels d'utilisation QIAGEN sont disponibles à l'adresse www.qiagen.com ou peuvent être demandés auprès des Services techniques QIAGEN ou du distributeur local.

