

# Mentype<sup>®</sup> DIPscreen

## Istruzioni per l'uso

**Il primo passo verso la quantificazione di campioni di chimerismo**

Prodotto medico per diagnostica in vitro



DISIFU01v3it  
Marzo 2022



45-45410-0025  
45-45410-0100  
45-45410-0400



Lotto



Biotype GmbH  
Moritzburger Weg 67  
01109 DRESDEN  
GERMANY

Made in Germany

Biotype GmbH sviluppa, produce e commercializza applicazioni basate su PCR per la medicina diagnostica.

I nostri kit per test Mentype® garantiscono il più alto standard di qualità per la clinica e la ricerca.

Siamo a vostra disposizione per informazioni e suggerimenti. Contattateci o visitate la nostra homepage [www.biotype.de](http://www.biotype.de)

## Descrizione del prodotto

Mentype® **DIPscreen** è un test PCR multiplex per l'identificazione di loci DIP per la differenziazione donatore/ricevente successivamente a trapianto allogenico di cellule staminali. Questo test consente lo screening dello stato degli alleli per un totale di 33 loci DIP biallelici e del marcatore sessuale amelogenina.

L'analisi molecolare del chimerismo è decisiva per monitorare la crescita delle cellule staminali trapiantate e per riconoscere tempestivamente eventuali reazioni di rigetto. L'analisi molecolare del chimerismo può essere eseguita su diverse sequenze di DNA. Lo studio dei polimorfismi di inserzione/delezione del DNA (considderati DIP/INDEL) presenta un grande vantaggio rispetto ad altri motivi di sequenze del DNA, grazie al fatto che l'amplificazione dei primi evita la formazione di artefatti "stutter peak" (picchi aspecifici); inoltre, i polimorfismi DIP sono molto adatti per l'analisi quantitativa mediante la tecnologia qPCR. Una diagnosi basata sui DIP è quindi in grado di consentire un'analisi precisa e altamente quantitativa dello stato del chimerismo.

I 33 loci DIP esaminati sono distanziati di almeno 10 Mbp l'uno dall'altro e sono distribuiti in 18 cromosomi (Tabella 1). Il limite di rilevazione del Mentype® **DIPscreen** è di **200 pg di DNA genomico**. L'intervallo ottimale per l'analisi, nelle condizioni standard, è tra 1,0 e 2,0 ng di DNA. I primer sono marcati con fluorocromi **6-FAM**, **BTG** e **BTY**.

La validazione e la valutazione del test sono state effettuate sui dispositivi GeneAmp® 9700 Silver (modalità MAX), Eppendorf Mastercycler ep-S, Biometra T1, ABI PRISM® 3130 Genetic Analyzer con l'utilizzo di capillari di 36 cm e il polimero POP4®.

## Indice

|   |           |
|---|-----------|
| <b>1. Descrizione del Mentype® DIPscreen .....</b>  | <b>5</b>  |
| <b>2. Amplificazione PCR.....</b>   | <b>9</b>  |
| 2.1 Composizione della miscela master .....   | 9         |
| 2.2 Parametri di amplificazione PCR.....  | 10        |
| <b>3. Elettroforesi capillare su gel .....</b>  | <b>11</b> |
| 3.1 Preparazione dei prodotti per PCR.....  | 11        |
| 3.2 Analisi della lunghezza dei frammenti .....   | 11        |
| <b>4. Analisi.....</b>  | <b>13</b> |
| 4.1 File templatato Biotype® .....  | 14        |
| 4.2 Controlli.....  | 15        |
| 4.3 Lunghezze dei frammenti e alleli .....  | 16        |
| <b>5. Interpretazione dei risultati.....</b>  | <b>21</b> |
| <b>6. Bibliografia.....</b>   | <b>22</b> |
| <b>7. Spiegazione dei simboli.....</b>  | <b>23</b> |
| <b>Specifiche del kit di amplificazione PCR Mentype® DIPscreen .....</b>                  | <b>24</b> |
| <b>A Validazione analitica .....</b>  | <b>24</b> |
| A a) Determinazione della reazione standard e delle tolleranze specifiche del lotto<br>24 |           |
| A b) Test della precisione di genotipizzazione .....                                      | 24        |
| A c) Test della specificità analitica.....  | 25        |
| A d) Test della sensibilità analitica.....  | 25        |
| A e) Test di diversi termociclatori per PCR .....   | 25        |
| A f) Test con campioni di DNA misto.....  | 26        |
| A g) Test dell'influenza di diverse temperature di annealing nella PCR .....              | 26        |
| A h) Test di diversi lotti di buffer per PCR.....   | 26        |
| A i) Test della stabilità a breve termine .....   | 27        |
| <b>B Dati di efficacia clinica.....</b>   | <b>27</b> |
| B a) Prelievo dei campioni: aspetti etici e normativi .....                               | 27        |
| B b) Test di comparazione .....   | 27        |
| B c) Estrazione e purificazione del DNA .....   | 28        |
| B d) Risultati .....  | 28        |
| B e) Bibliografia .....   | 30        |

## 1. Descrizione del Mentype® DIPscreen

**Tabella 1.** Informazioni specifiche dei loci indagati da Mentype® DIPscreen

| Locus DIP           | Posizione cromosomica | Motivo (-DIP / + DIP)                       |
|---------------------|-----------------------|---|
| <b>Pannello FAM</b> |                       |   |
| AM X                | Xp22.1-22.3           |   |
| AM Y                | Yp11.2                |   |
| HLD106              | 16q13                 | -/AATGCGT                                   |
| HLD70               | 6q16.1                | -/AGCA                                      |
| HLD84               | 8q24.12               | -/CTTTC                                     |
| HLD103              | 12q23.1               | -/GCTTATAA                                  |
| HLD104              | 13q32.1               | -/ACTC                                      |
| HLD116              | 18p11.22              | -/AGGTGTCGAACAACATGATAC                     |
| HLD112              | 17p12                 | -/TTGTA                                     |
| HLD307              | Xp11.23               | -/TCAACCAA                                  |
| HLD310              | 2p22.3                | -/GTCTGGTT                                  |
| HLD110              | 16q22.1               | -/TCCCTG                                    |
| HLD133              | 3p22.1                | -/CAACCTGGATT                               |
| HLD79               | 7q31.2                | -/AATCT                                     |
| HLD105              | 14q24.3               | -/ATAGACAA                                  |
| HLD140              | 3q23                  | -/GGTAGTAGGGCCT                             |
| HLD163              | 12q24.31              | -/AACTACGGCACGCC                            |
| <b>Pannello BTG</b> |                       |   |
| HLD91               | 11q14.1               | -/GATA                                      |
| HLD23               | 18p11.32              | -/CTTTAA                                    |
| HLD88               | 9q22.33               | -/CCACAAAGA                                 |
| HLD101              | 15q26.1               | -/GTAG                                      |
| HLD67               | 5q33.3                | -/CTACTGAC                                  |
| HLD301              | 17q21.32              | -/CAGGGGCTC                                 |
| HLD53               | 3q22.1                | -/ATGT                                      |
| HLD97               | 13q13.1               | -/AGAGAAAGCTGAAG                            |
| HLD152              | 16p13.2               | -/TGGTCAAAGGCA                              |
| HLD128              | 1q31.3                | -/ATTAATA                                   |
| HLD134              | 5q11.2                | -/ATGATGGTTCTTCAGA                          |
| HLD305              | 20q11.22              | -/CAAGGTCCCACCACACTCGCGTGGGA                |
| <b>Pannello BTY</b> |                       |   |
| HLD48               | 2q11.2                | -/GACTT                                     |
| HLD114              | 17p13.2               | -/TCCTATTCTACTCTGAAT                        |
| HLD304              | 9q34.3                | -/GAGCTGCTCAAGAGAGAGG                       |
| HLD131              | 7q36.2                | -/TTGGGCTTATT                               |
| HLD38               | 1q32.2                | -/TAGTT                                     |
| HLD82               | 7q21.3                | -<br>ACCTCCTACTCCTTGGTCTATTCTCTGGTCACATGACT |

Abbreviazioni: HLD = locus DIP umano, -DIP = delezione, +DIP = inserzione

La tabella 1 mostra la posizione cromosomica, la sequenza e l'allele di riferimento dei loci DIP rilevati con Mentype® DIPscreen.

## Indice

### Mentype® DIPscreen

| Descrizione   | Componente   | 25 reazioni | Volume 100 reazioni | 400 reazioni |
|---|--|-------------|---------------------|--------------|
| Nuclease-Free Water   | Acqua priva di nucleasi  | 1,5 mL      | 2x 1,5 mL           | 6x 1,5 mL    |
| Reaction Mix A  | Miscela di reazione A  | 125 µL      | 500 µL              | 2x 1,0 mL    |
| Mentype® DIPscreen PrimerMix  | Miscela primer   | 125 µL      | 500 µL              | 4x 500 µL    |
| Multi Taq 2 DNA Polymerase (hot start, 2,5 U/µL) <b>o</b> Polymerase N*           | Multi Taq 2 DNA polimerasi <b>o</b> polimerasi N*                        | 15 µL       | 60 µL               | 4x 60 µL     |
| Mentype® DIPscreen Control DNA XY13 (2 ng/µL) <b>o</b> Control DNA XY82 (2 ng/µL) | DNA di controllo XY13 (2 ng/µL) <b>o</b> DNA di controllo XY82 (2 ng/µL) | 10 µL       | 10 µL               | 10 µL        |
| DNA Size Standard 550 (BTO)   | Standard di lunghezza del DNA 550 (BTO)                                  | 13 µL       | 50 µL               | 200 µL       |
| Mentype® DIPscreen Allelic Ladder   | Ladder allelico  | 25 µL       | 25 µL               | 4x 25 µL     |

\* Dal kit con numero di lotto LEUK01107 in poi, i kit contengono il nuovo Polymerase N.

Attenzione: non mischiare i componenti di diversi kit. Una panoramica dei numeri di lotto è indicata sull'etichetta situata all'interno dell'aletta della scatola. Non è consentita un'aliquotazione dei componenti del kit in altri contenitori per reazioni.

## Informazioni per l'ordine

**Tabella 2.** Informazioni per l'ordine dei kit Mentype® DIPscreen

| Nome del prodotto  | Confezionamento | Codice di ordinazione |
|--------------------|-----------------|-----------------------|
| Mentype® DIPscreen | 25 reazioni     | 45-45410-0025         |
| Mentype® DIPscreen | 100 reazioni    | 45-45410-0100         |
| Mentype® DIPscreen | 400 reazioni    | 45-45410-0400         |

## Conservazione

La conservazione deve avvenire ad una temperatura tra -25 °C e -15 °C. Si devono evitare lo scongelamento e il congelamento ripetuti. La miscela del primer e il ladder allelico devono essere conservati al riparo dalla luce. Il DNA di controllo e i reagenti post-PCR (ladder allelico e standard di lunghezza del DNA) devono essere conservati separatamente dai reagenti PCR. La data di scadenza del kit è indicata sull'etichetta della confezione.

## Reagenti aggiuntivi

Per l'amplificazione del PCR e la preparazione dei campioni sono necessari, oltre ai componenti del kit, i seguenti reagenti:

**Tabella 3.** Reagenti aggiuntivi necessari per il Mentype® DIPscreen

| Reagente  | Fornitore          | Codice di ordinazione |
|---|--------------------|-----------------------|
| Formamide Hi-Di™, 25 mL                                       | Applied Biosystems | 4311320               |
| Matrix Standards BT5 single-capillary instruments (5 x 25 µL) | Biotype GmbH       | 00-10411-0025         |
| Matrix Standards BT5 multi-capillary instruments (25 µL)      | Biotype GmbH       | 00-10421-0025         |
| Matrix Standards BT5 multi-capillary instruments (2 x 25 µL)  | Biotype GmbH       | 00-10421-0050         |

### Avvertenze e indicazioni per la sicurezza

Consultare la scheda tecnica di sicurezza.

Le schede di sicurezza dei componenti del kit sono disponibili su richiesta. Rivolgersi ai rispettivi produttori per le schede di sicurezza dei reagenti che non sono contenuti nel kit.

### A lotto LEUK01086 (Reaction Mix A lotto CH2000163)

In questo kit sono contenute le seguenti sostanze potenzialmente pericolose:

| Elemento del kit | Sostanza chimica                  | Pericolo  |
|------------------|-----------------------------------|---|
| Reaction Mix A   | Azoturo di sodio NaN <sub>3</sub> | Tossico se ingerito, forma gas velenosi in caso di contatto con acidi |

### Assicurazione di qualità

Il contenuto completo del kit è sottoposto ad approfonditi controlli di qualità da parte della Biotype GmbH. La qualità del kit è costantemente controllata per offrire un impiego senza limitazioni. Vi preghiamo di contattarci per qualsiasi domanda sull'assicurazione di qualità.

### Marchi e brevetti

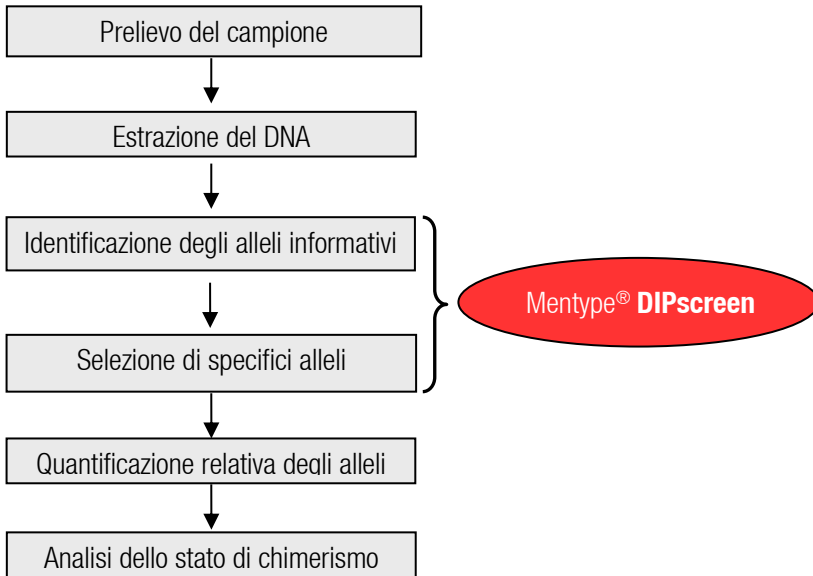
Mentype® è marchio registrato della Biotype GmbH.

ABI PRISM®, GeneMapper®, GeneAmp® e Applied Biosystems® sono marchi registrati della Applied Biosystems LLC.

POP4® è un marchio registrato in Europa della Applied Biosystems LLC.

La PCR è protetta da brevetto. I titolari del brevetto sono le aziende Roche Molecular Systems e F. Hoffmann-La Roche (Roche).

## Panoramica dell'analisi del chimerismo con Mentype® DIP



Dal prelievo dei campioni all'analisi – l'analisi del chimerismo con l'utilizzo dell'applicazione Mentype® **DIPscreen**



## Protocollo per l'amplificazione PCR, l'elettroforesi e l'analisi

### 2. Amplificazione PCR

#### 2.1 Composizione della miscela master

La seguente tabella mostra i volumi dei componenti del kit impiegati per l'allestimento di una reazione di 25 µL con 1,0 µL di DNA templatato. Tenere conto del controllo positivo e negativo nel calcolo del numero di reazioni PCR da allestire. Aggiungere una o due reazioni al numero totale per compensare gli errori di pipettaggio.

**Tabella 4.** Composizione della miscela master Mentype® DIPscreen

| Componenti  | Volume         |
|---|----------------|
| Nuclease-Free Water   | 13,4 µL        |
| Reaction Mix A*   | 5,0 µL         |
| Mentype® DIPscreen PrimerMix                                    | 5,0 µL         |
| Multi Taq 2 DNA Polymerase (hot start, 2,5 U/µL) o Polymerase N | 0,6 µL         |
| <b>Volume totale della miscela master</b>                       | <b>24,0 µL</b> |
| Inserimento del DNA stampo dei controlli                        | 1,0 µL         |

\* Contiene Mg<sup>2+</sup>, dNTP, BSA

Tutti i reagenti devono essere mescolati bene (con il vortex) e brevemente centrifugati (circa 10 s) prima dell'allestimento della miscela master.

La quantità del DNA impiegato è calcolata in base alla sua concentrazione. È generalmente sufficiente 1 µL per i campioni critici con una ridotta concentrazione di DNA è possibile aumentare relativamente la quantità dello stampo. Il volume di acqua priva di nucleasi deve essere corretto in modo che il volume totale della reazione PCR sia sempre di 25 µL.

I campioni di DNA devono essere conservati in acqua priva di nucleasi o in un tampone diluito di TE (10 mM Tris HCl, pH 8,0 e 1 mM EDTA), per es. 0,1 x TE.

La miscela primer è preparata in modo che in **28 cicli di PCR con 1 ng di DNA di controllo XY13 o DNA XY82** in un volume di reazione di 25 µL sia raggiunta un'altezza del picco equilibrata. Se si utilizza più DNA stampo, si possono osservare picchi molto alti nei frammenti di PCR corti e picchi proporzionalmente più bassi nei frammenti di PCR più lunghi. Ridurre la quantità di DNA per correggere questo squilibrio.

#### DNA stampo

La quantità ottimale di DNA è pari a **1-2 ng per reazione**. Il valore misurato della concentrazione di DNA può variare secondo il metodo di quantificazione utilizzato, perciò la quantità ottimale di DNA deve essere eventualmente adattata.

#### Controllo positivo

**Nota:** Dal kit con numero di lotto LEUK01087 in poi, i kit contengono il nuovo DNA di controllo positivo XY82, il quale si differenzia dal DNA di controllo XY13 precedente in merito al profilo genetico. La concentrazione e la relativa procedura sperimentale sono rimaste invariate. È possibile utilizzare il numero di lotto del kit e l'indice (che si trova

sull'etichetta della confezione del kit) per determinare quale DNA di controllo è incluso nel kit. Il nuovo profilo genetico e gli alleli da rilevare si trovano nella Figura 2B e nella Tabella 8.

Per il controllo positivo diluire il DNA di controllo XY13 o XY82 a 1 ng/μL nel volume corrispondente. Pipettare il DNA di controllo diluito al posto del DNA stampo nel recipiente di reazione con la miscela master PCR presente.

### Controllo negativo

Come controllo negativo pipettare l'acqua priva di nucleasi, al posto del DNA template, nella provetta di reazione con la miscela master PCR presente.

## 2.2 Parametri di amplificazione PCR

Per attivare la DNA polimerasi e sopprimere la formazione di prodotti aspecifici di amplificazione è assolutamente necessario eseguire un "hot start".

Il numero di cicli dipende dalla quantità di DNA. Si consigliano 28 cicli di PCR per tutti i campioni.

### Metodo standard

Consigliato per tutti i campioni di DNA

**Tabella 5.** Protocollo di amplificazione standard per l'esecuzione di Mentype® DIPscreen

| Temperatura  | Tempo        |  |
|--------------|--------------|--|
| 94 °C        | 4 min        | (hot start per l'attivazione della DNA polimerasi) |
| 94 °C        | 30 s         |  |
| <b>60 °C</b> | <b>120 s</b> | <b>28 cicli</b>                                    |
| 72 °C        | 75 s         |  |
| 68 °C        | 60 min       |  |
| 10 °C        | ∞            | fino alla fine                                     |

**Osservazione:** per un equilibrio ottimale si consiglia di impostare le velocità di riscaldamento e raffreddamento del dispositivo PCR a circa 4-5 °C/s.

In caso di quantità insufficiente di DNA si possono verificare errori statistici (allelic dropout) e altezze del picco non bilanciate. Inoltre, potrebbe aumentare la possibilità di prodotti di amplificazione aspecifici. Aumentando il numero di cicli possono inoltre verificarsi contaminazioni incrociate dovute a quantità minime di DNA estraneo.

### 3. Elettroforesi capillare su gel

#### 3.1 Preparazione dei prodotti per PCR

Al termine della PCR rimuovere i campioni dal cyclor e centrifugarli brevemente. Scongellare i reagenti formamide Hi-Di™ (non contenuti nel kit) e DNA Size Standard 550 (BTO), miscelare brevemente le provette e centrifugarle brevemente. Preparare la miscela descritta nella Tabella 6 con formamide Hi-Di™ e il DNA Size Standard 550 (BTO), quindi aggiungere una o due reazioni per compensare gli errori di pipettaggio.

**Tabella 6.** Composizione della miscela di denaturazione

| Componenti                  | Volumi per reazione |
|-----------------------------|---------------------|
| Formamide Hi-Di™            | 12,0 µL             |
| DNA Size Standard 550 (BTO) | 0,5 µL              |

Pipettare 12 µL della miscela di denaturazione con formamide e DNA Size Standard 550 (BTO) nel numero corrispondente di pozzetti di una piastra per PCR (compatibile col sequenziatore). Quindi aggiungere 1 µL di prodotto PCR o 1 µL di ladder allelico di Mentype® **DIPscreen** in ogni pozzetto. Chiudere la piastra per PCR con una pellicola adatta, miscelare nel vortice e centrifugare brevemente. Rimuovere la pellicola e chiudere la piastra con il setto del produttore del dispositivo.

**Nota:** il ladder allelico è usato per determinare correttamente i frammenti analizzati durante l'analisi dei dati. In ogni corsa di analisi della lunghezza dei frammenti il ladder allelico deve essere inserito almeno una volta per assicurare il successo dell'analisi dei dati.

**Nota:** i capillari del dispositivo per elettroforesi su gel non devono funzionare a secco. Se le sonde dei capillari non pescano in tutte le posizioni, riempire gli altri pozzetti della piastra con 12 µL di formamide Hi-Di™ secondo il numero di capillari.

Denaturare i prodotti per PCR preparati su un cyclor per PCR per 3 minuti a 95 °C, quindi raffreddare i campioni nel cyclor fino a 4 °C. Centrifugare brevemente i campioni prima dell'analisi della lunghezza dei frammenti.

#### 3.2 Analisi della lunghezza dei frammenti

Le istruzioni generali per il dispositivo di analisi, la creazione della matrice e l'uso del software GeneMapper™ sono reperibili nel relativo manuale di istruzioni *ABI PRISM® Genetic Analyzer User's Manual*.

Dopo avere eseguito con successo la calibrazione spettrale del dispositivo per elettroforesi capillare su gel con il reagente Matrix Standard BT5 (Biotype GmbH), creare uno specifico modulo di corsa (ABI 310, ABI 3130) o un protocollo strumentale (ABI 3500) con i seguenti parametri:

**Tabella 7.** Parametri di corsa specifici per l'analisi della lunghezza dei frammenti del Mentype® DIPscreen

|                         | ABI 310 | ABI 3130 | ABI 3500 |
|-------------------------|---------|----------|----------|
| Injections Voltage [kV] | 15.0    | 3.0      | 3.0      |
| Run Time                | 26 min  | 1500 s   | 1500 s   |
| Injection Time [s]      | 5       | 10       | 10       |

Diversamente dai valori riportati nella Tabella 7, il tempo di corsa può essere adattato per analizzare tutti i frammenti (60-550 bp) del size standard 550.

**Nota:** seguire le istruzioni del produttore del dispositivo di elettroforesi capillare su gel per impostare gli specifici parametri di corsa.

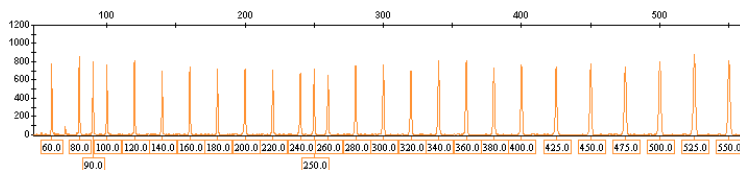
**Nota:** osservare anche le ulteriori informazioni per la calibrazione e uso dei prodotti Mentype® sui dispositivi di elettroforesi capillare su gel, disponibili su richiesta tramite [support@biotype.de](mailto:support@biotype.de) da Biotype GmbH.

#### 4. Analisi

Le istruzioni generali per la valutazione automatica sono reperibili nei rispettivi manuali di istruzioni dei software *GeneMapper® ID/ID-X Software User's Manual*.

**Osservazione:** nell'interpretazione del Mentype® **DIPscreen** è necessario nascondere il pannello rosso.

La determinazione della lunghezza esatta dei frammenti dei prodotti amplificati dipende dal tipo di dispositivo, dalle condizioni dell'elettroforesi e dallo standard di lunghezza del DNA utilizzato. Per garantire un'analisi accurata si deve utilizzare il maggior numero possibile di punti di taratura distribuiti uniformemente per la determinazione delle lunghezze. A tale scopo utilizzare il DNA standard di lunghezza 550 (BTO) con frammenti di lunghezza **60, 80, 90, 100, 120, 140, 160, 180, 200, 220, 240, 250, 260, 280, 300, 320, 340, 360, 380, 400, 425, 450, 475, 500, 525 e 550** bp.



**Fig. 1** Elettroferogramma dello standard di lunghezza del DNA 550 (BTO), lunghezze dei frammenti in bp

**Osservazione:** per la valutazione e l'analisi del Mentype® **DIPscreen** con il software *GeneMapper® ID/ID-X* può essere utilizzato il file template dello standard di lunghezza del DNA SST-BTO\_60-450 bp.

## 4.1 File template Biotype

L'assegnazione degli alleli di tutti i prodotti PCRseparati (genotipizzazione) può avvenire con l'aiuto di un software adatto per la valutazione, per es. con GeneMapper® ID/ID-X insieme ai file templati Mentype® **DIPscreen** di Biotype.

I file templati Biotype (Template Files) sono reperibili sulla nostra homepage ([www.biotype.de](http://www.biotype.de)). Su richiesta potremo inviare anche un CD-ROM.

I modelli Biotype consigliati per il software GeneMapper® sono:

|                 |                                 |                      |
|-----------------|---------------------------------|----------------------|
| Panels          | DIPscreen_Panels_v0/v0X#        | o versione superiore |
| BinSets         | DIPscreen_Bins_v0/v0X#          | o versione superiore |
| Size Standard   | SST-BTO_60-450bp                |                      |
| Analysis Method | Analysis_DIPscreen_310_1000rfu  |                      |
|                 | Analysis_DIPscreen_310_200rfu   |                      |
|                 | Analysis_DIPscreen_3130_1000rfu |                      |
|                 | Analysis_DIPscreen_3130_200rfu  |                      |
| Plot Settings   | PlotsBT5_4dyes                  |                      |
| Table Settings  | Table for 2 alleles             |                      |

#A causa del nuovo controllo positivo, il pannello e il set di contenitori **v1/v1X** devono essere utilizzati per la valutazione dei dati a partire dal kit con numero di lotto **LEUK01087**.

I pannelli e BinSets devono essere sempre usati, mentre gli altri file templati sono opzionali. I templati Biotype per il software GeneMapper® ID/ID-X sono stati generati per le corse con POP4®. Per l'utilizzo di altri tipi di polimeri devono essere apportate eventuali modifiche al pannello e ai BinSet così come al metodo di analisi prima che i dati siano analizzati. Istruzioni dettagliate sono reperibili nella nostra homepage ([www.biotype.de](http://www.biotype.de)) come download (Biotype Template File for GeneMapper®).

**Nota importante:** l'importazione e l'assegnazione degli alleli con i file templati forniti può essere garantita solamente per il software GeneMapper® ID/ID-X: se si utilizza GeneMapper® possono presentarsi problemi durante l'importazione di alcuni file templati. In questo caso, i pannelli e i Bin devono essere calibrati con uno o più corse dell ladder allelico per l'aggiustamento alla specifica configurazione del dispositivo in uso. Contattare il nostro supporto per ottenere assistenza ([support@biotype.de](mailto:support@biotype.de)).

### Metodi di procedimento generali per l'analisi

1. Controllo dello standard di lunghezza (size standard)
2. Controllo del ladder allelico (allelic ladder)
3. Verifica del controllo positivo
4. Verifica del controllo negativo
5. Analisi e interpretazione dei dati del campione

## 4.2 Controlli

Il DNA di controllo XY13 o DNA di controllo XY82 contenuto nel Mentype® **DIPscreen** così come i DNA disponibili sul mercato rappresentano i seguenti alleli:

**Tabella 8.** Determinazione degli alleli del Mentype® **DIPscreen**, - = delezione, + = inserzione

| Locus  | Control DNA XY82 | Control DNA XY13 | ATCC K-562 | CCR 9947A | CCR 9948 | CCR 3657 |
|--------|------------------|------------------|------------|-----------|----------|----------|
| AM     | XY               | XY               | XX         | XX        | XY       | XY       |
| HLD106 | +/+              | +/+              | -/-        | +/+       | +/+      | +/+      |
| HLD70  | -/+              | -/+              | -/+        | +/+       | -/+      | -/-      |
| HLD84  | +/+              | -/+              | +/+        | -/-       | -/+      | -/-      |
| HLD103 | -/+              | +/+              | -/-        | -/+       | +/+      | -/+      |
| HLD104 | -/+              | -/+              | -/-        | -/+       | +/+      | -/-      |
| HLD116 | -/+              | -/+              | +/+        | -/-       | -/+      | -/-      |
| HLD112 | -/+              | -/+              | +/+        | -/+       | -/+      | -/+      |
| HLD307 | +/+              | +/+              | +/+        | -/+       | +/+      | +/+      |
| HLD310 | -/+              | +/+              | -/+        | -/+       | -/-      | -/+      |
| HLD110 | -/+              | -/+              | -/+        | -/+       | -/+      | -/+      |
| HLD133 | -/+              | -/+              | -/-        | +/+       | +/+      | -/+      |
| HLD79  | +/+              | +/+              | +/+        | +/+       | -/+      | +/+      |
| HLD105 | -/-              | -/+              | -/-        | -/+       | -/+      | -/+      |
| HLD140 | -/+              | +/+              | +/+        | -/-       | -/+      | +/+      |
| HLD163 | -/+              | +/+              | -/+        | -/+       | +/+      | -/+      |
| HLD91  | +/+              | -/+              | -/+        | -/-       | -/-      | -/+      |
| HLD23  | -/+              | -/+              | +/+        | -/-       | -/+      | -/+      |
| HLD88  | +/+              | +/+              | -/-        | -/-       | -/+      | +/+      |
| HLD101 | -/+              | -/+              | -/+        | -/+       | -/+      | -/+      |
| HLD67  | -/+              | -/+              | -/+        | +/+       | +/+      | +/+      |
| HLD301 | -/+              | -/+              | -/+        | -/+       | -/+      | -/-      |
| HLD53  | +/+              | +/+              | -/-        | -/+       | +/+      | -/-      |
| HLD97  | -/+              | -/-              | -/-        | -/+       | -/+      | +/+      |
| HLD152 | -/+              | -/-              | +/+        | +/+       | -/+      | +/+      |
| HLD128 | -/+              | -/+              | -/+        | -/+       | -/-      | -/+      |
| HLD134 | +/+              | -/+              | -/-        | +/+       | +/+      | -/-      |
| HLD305 | +/+              | -/+              | -/+        | -/+       | +/+      | -/+      |
| HLD48  | -/-              | -/+              | +/+        | +/+       | -/+      | +/+      |
| HLD114 | -/-              | +/+              | -/-        | -/-       | +/+      | -/+      |
| HLD304 | -/+              | +/+              | -/-        | -/+       | -/+      | -/-      |
| HLD131 | +/+              | +/+              | -/+        | -/-       | -/+      | +/+      |
| HLD38  | +/+              | +/+              | -/+        | -/+       | +/+      | +/+      |
| HLD82  | +/+              | +/+              | +/+        | +/+       | -/+      | +/+      |

Il DNA di riferimento K-562 è disponibile presso ATCC. I DNA 9947A, 9948 e 3657 possono essere acquistati presso Coriell Cell Repositories

### 4.3 Lunghezze dei frammenti e alleli

I valori riportati nella Tabella 9 per la lunghezza dei frammenti di ogni singolo allele si riferiscono al DNA standard di lunghezza 550 (BTO) all'analisi sull'ABI PRISM® 3130 Genetic Analyzer con polimero POP4®. In caso di utilizzo di altri dispositivi per l'analisi, standard di lunghezza del DNA o polimeri, possono esserci divergenze nella lunghezza dei frammenti.

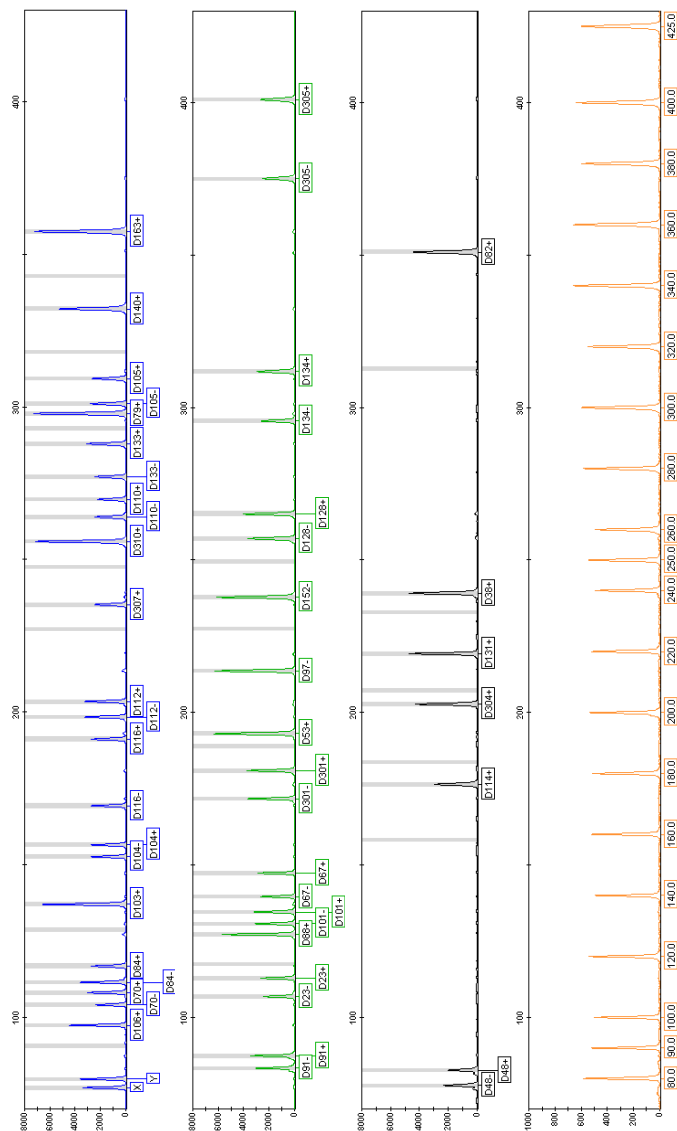
Inoltre, si consiglia un controllo visivo del ladder allelico.

#### Scala

Orizzontale: 70-430 bp (v. Fig. 2A, 2B e 3)  
Verticale: secondo l'intensità di segnale del campione



Figura 2A



**Fig. 2A** Elettroferogramma del Mentype® **DIPscreen** con l'utilizzo di 1 ng di DNA di controllo **(A)** XY13 o **(B)** XY82. L'analisi è stata eseguita su un ABI PRISM® 3130 Genetic Analyzer con POP4® e lo standard di lunghezza del DNA BTO 550. L'assegnazione degli alleli è stata eseguita con il software GeneMapper® ID-X e il Template File Mentype® **DIPscreen**.

Figura 2B

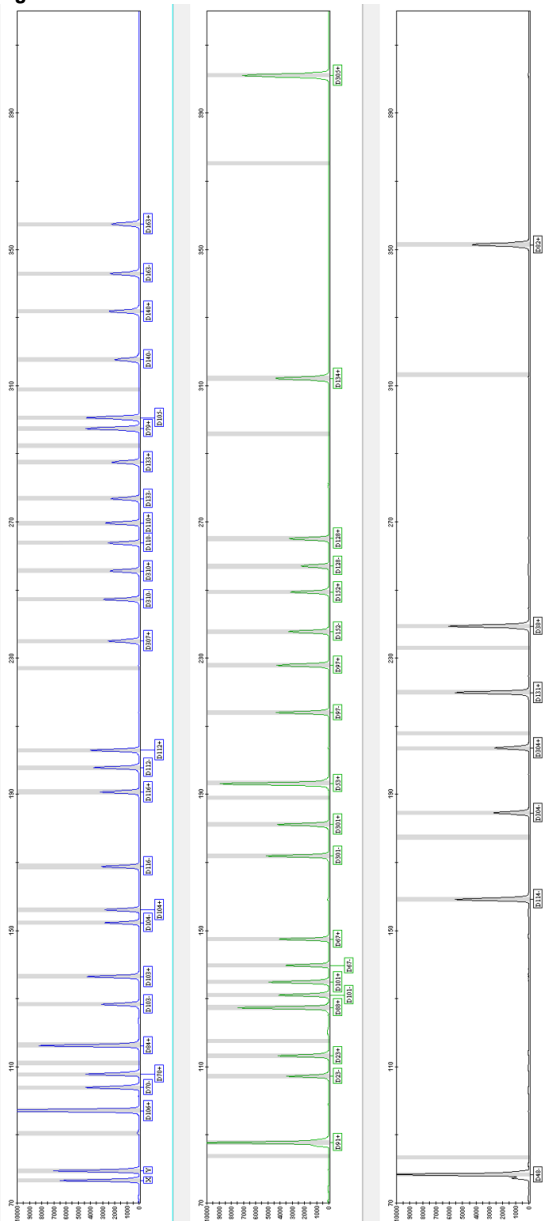
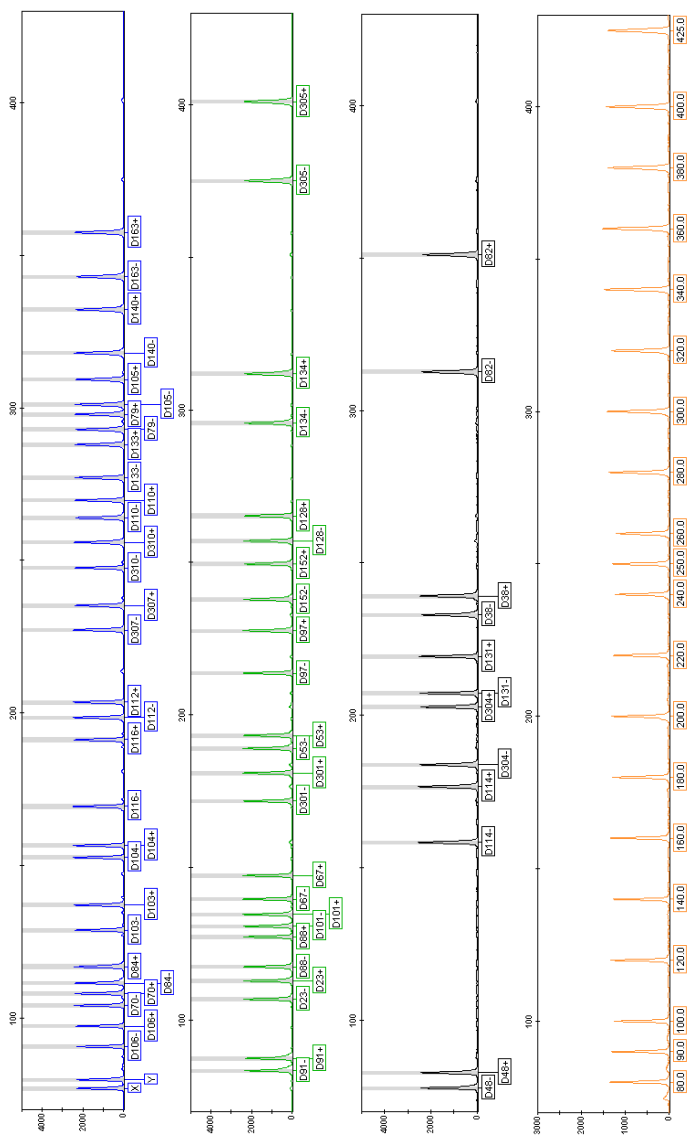


Figura 3



**Fig. 3** Elettroferogramma del ladder allelico Mentype® DIPscreen analizzato su ABI PRISM® 3130 Genetic Analyzer con POP4® e il DNA Size Standard 550 (BTO). L'assegnazione degli alleli è stata eseguita con il software GeneMapper® ID e il Template File Mentype® DIPscreen.

**Tabella 9.** Lunghezze dei frammenti del ladder allelico Mentype® **DIPscreen** ottenute su ABI PRISM® 3130 Genetic Analyzer con polimero POP4® (pannello FAM, BTG, BTY)

| Marcatore/FAM | -DIP [bp]* | +DIP [bp]* | Marcatore/BTG        | -DIP [bp]*        | +DIP [bp]*        |
|---------------|------------|------------|----------------------|-------------------|-------------------|
| AM            | 77 (X)     | 80 (Y)     | HLD91                | 84                | 88                |
| HLD106        | 91         | 98         | HLD23                | 107               | 113               |
| HLD70         | 104        | 108        | HLD88                | 118               | 128               |
| HLD84         | 112        | 117        | HLD101               | 131               | 135               |
| HLD103        | 129        | 138        | HLD67                | 140               | 148               |
| HLD104        | 153        | 1157       | HLD301               | 172               | 182               |
| HLD116        | 170        | 192        | HLD53                | 190               | 194               |
| HLD112        | 199        | 204        | HLD97                | 214               | 228               |
| HLD307        | 228        | 236        | HLD152               | 239               | 250               |
| HLD310        | 248        | 257        | HLD128               | 258               | 266               |
| HLD110        | 264        | 270        | HLD134               | 296               | 312               |
| HLD133        | 278        | 288        | HLD305               | 375               | 401               |
| HLD79         | 294        | 299        |                      |                   |                   |
| HLD105        | 302        | 310        | <b>Marcatore/BTY</b> | <b>-DIP [bp]*</b> | <b>+DIP [bp]*</b> |
| HLD140        | 318        | 333        | HLD48                | 78                | 83                |
| HLD163        | 344        | 358        | HLD114               | 159               | 177               |
|               |            |            | HLD304               | 184               | 203               |
|               |            |            | HLD131               | 208               | 220               |
|               |            |            | HLD38                | 234               | 240               |
|               |            |            | HLD82                | 314               | 352               |

\* Arrotondato ai numeri interi

## 5. Interpretazione dei risultati

L'analisi descritta in precedenza con l'assegnazione automatica degli alleli garantisce una distinzione esatta e affidabile degli alleli.

### Artefatti (picchi pull-up)

Se si utilizza una matrice non adatta per l'analisi oppure se le altezze dei picchi si trovano al di fuori dell'intervallo linearità del dispositivo (> 3 000 RFU) possono verificarsi picchi di pull-up. Essi sono riconoscibili in quanto compaiono nella stessa posizione di picchi specifici, ma in canali di fluorescenza diversi (generalmente con minore intensità di segnale). Le altezze dei picchi dovrebbero superare le 3 000 RFU per prevenire picchi di pull-up.

### Aggiunta di nucleotidi indipendente dal template

La Multi Taq DNA polimerasi, a causa dell'attività terminal transferasica, tende ad aggiungere un'adenosina all', estremità 3' del frammento di DNA amplificato. Questo artefatto è riconoscibile dalla presenza di picco relativo a un frammento più corto di una base (picco -1 bp). Tutti i primer Biotype® sono disegnati in modo da ridurre al minimo la formazione di questi artefatti. Inoltre, questa formazione di artefatti è ridotta grazie alla fase di estensione finale nel protocollo PCR (68 °C per 60 in.). L'altezza del picco artefatto aumenta in caso di elevate quantità di DNA. Per valutare il picco, ogni laboratorio deve stabilire un proprio valore limite.

### Artefatti

La temperatura ambiente può influenzare fortemente la corsa dei prodotti per PCR sui dispositivi multicapillari con l'insorgenza di spalle o picchi doppi (split peak). Inoltre, l'assegnazione automatica degli alleli può risultare compromessa. Qualora si osservino questi effetti, consigliamo un'altra iniezione dei campioni a temperatura ambiente maggiore eventualmente anche con più campioni di ladder allelico per corsa.

### Influenza del tipo di polimero

Mentype® **DIPscreen** è stato validato e certificato su POP4®. L'utilizzo di un altro polimero (per es. POP-7™ o POP-6™) può modificare la corsa dei prodotti specifici di PCR. Inoltre, è stato osservato un maggiore rumore di fondo causato da un diverso comportamento dei residui liberi difluorocromo.

## 6. Bibliografia

**Alizadeh M, Bernard M, Danic B, Dauriac C, Birebent B, Lapart C, Lamy T, Le Prise PY, Beauplet A, Bories D, Semana G, Quelvennec E. (2002)** Quantitative assessment of hematopoietic chimerism after bone marrow transplantation by real-time quantitative polymerase chain reaction. *Blood* 99, 4618-4625.

**Chen DP, Tseng CP, Wang WT, Wang MC, Tsai SH, Sun CF (2011)** Real-time biallelic polymorphism-polymerase chain reaction for chimerism monitoring of hematopoietic stem cell transplantation relapsed patients. *Clin Chim. Acta* 412, 625-630.

**Harries LW, Wickham CL, Evans JC, Rule SA, Joyner MV, Ellard S (2005)** Analysis of haematopoietic chimaerism by quantitative real-time polymerase chain reaction. *Bone Marrow Transplant.* 35, 283-290.

**Masmas TN, Madsen HO, Petersen SL, Ryder LP, Svejgaard A, Alizadeh M, Vindelov LL (2005)** Evaluation and automation of hematopoietic chimerism analysis based on real-time quantitative polymerase chain reaction. *Biol Blood Marrow Transplant.* 11, 558-566.

**Mills RE, Luttig CT, Larkins CE, Beauchamp A, Tsui C, Pittard WS, Devine SE (2006)** An initial map of insertion and deletion (INDEL) variation in the human genome. *Genome Res* 16 (9):1182-1190, 2006.

**Qin XY, Li GX, Qin YZ, Wang Y, Wang FR, Liu DH, Xu LP, Chen H, Han W, Wang JZ, Zhang XH, Li JL, Li LD, Liu KY, Huang XJ (2011)** Quantitative assessment of hematopoietic chimerism by quantitative real-time polymerase chain reaction of sequence polymorphism systems after hematopoietic stem cell transplantation. *Chin Med J (Engl.)* 124, 2301-2308.

**Weber JL, David D, Heil J, Fan Y, Zhao C, Marth G (2002)** Human diallelic insertion/deletion polymorphisms. *Am J Hum Genet* 71(4):854-862.

**Wilhelm J, Reuter H, Tews B, Pingoud A, Hahn M (2002)** Detection and quantification of insertion/deletion variations by allele-specific real-time PCR: application for genotyping and chimerism analysis. *Biol Chem* 383, 1423-1433.

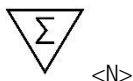
## 7. Spiegazione dei simboli



**Produttore**



**Lotto**



**Sufficiente per <N> test**



**Riferimento alle istruzioni per l'uso in formato elettronico**



**Utilizzabile fino a**



**Limitazione di temperatura**



**Numero di ordinazione**



**Dipositivo medico per diagnostica in vitro**



**Proteggere dalla luce**



**Tenere in un luogo asciutto**

## Specifiche del kit di amplificazione PCR Mentype® DIPscreen

### A Validazione analitica

#### A a) Determinazione della reazione standard e delle tolleranze specifiche del lotto

**Obiettivo:** la reazione standard e le tolleranze specifiche del lotto sono state determinate in riferimento all'altezza assoluta dei segnali (RFU), al bilanciamento delle altezze dei segnali della PCR multiplex e della baseline.

**Metodica:** il kit contiene il DNA di controllo XY13 di un donatore sano che è eterozigote in 17 sistemi DIP e amelogenina. La reazione standard (28 cicli di PCR) è stata eseguita con questo DNA di controllo alla concentrazione nominale di 1 ng in quadruplica determinazione. Sono stati eseguiti anche quattro bianchi (no template control, NTC) senza DNA.

**Risultati:** per le miscele dei primer di PCR lotto-dipendenti sono state stabilite le seguenti specifiche: utilizzando un ABI PRISM® 3130 Genetic Analyzer sono state ottenute altezze di segnale di 1 000-5 000 RFU. Le oscillazioni per le altezze dei segnali di sistemi eterozigoti potevano ammontare a un massimo del 50 % del valore di riferimento. Nell'intervallo di misurazione non è stato osservato alcun segnale aspecifico a 200 RFU (baseline) nei bianchi.

#### A b) Test della precisione di genotipizzazione

**Obiettivo:** la precisione dell'assegnazione degli alleli doveva essere statisticamente assicurata nelle condizioni standard. Il test ha verificato l'*allele calling* automatico del ladder allelico e la concordanza della pretipizzazione del DNA di controllo con altri metodi (altri kit per PCR, sequenziamento diretto, ecc.) mediante il software GeneMapper ID. Inoltre, in base ai risultati sono state determinate le impostazioni del dispositivo per lo specifico test di genotipizzazione mediante elettroforesi capillare su gel (bin e pannelli) relativamente ai file templati di analisi per il sequenziatore di DNA.

**Metodica:** sono stati esaminati, in test singolo, 100 campioni di DNA pretipizzato di donatori umani di origine diversa (sangue intero, tamponi orali). Inoltre, è stato eseguito un bianco senza DNA. Come criterio di accettazione sono stati definiti i profili completi con altezze di picco > 200 RFU (valutazione manuale) [3; 4].

**Risultati:** tutti i campioni di DNA sono stati genotipizzati correttamente grazie alle impostazioni specifiche del dispositivo relativamente a tutti i sistemi HLD e al marcatore dell'amelogenina.



**A c) Test della specificità analitica**

**Obiettivo:** le analisi avevano lo scopo di escludere i falsi positivi dovuti alla reattività crociata con campioni di DNA non umano selezionati. Nella pratica clinica è tuttavia possibile escludere qualsiasi DNA non umano grazie al prelievo sterile dei campioni.

**Metodica:** sono stati testati 2,5 ng di DNA genomico di *Bos taurus* (manzo), *Sus scrofa domestica* (maiale domestico), *Canis lupus familiaris* (cane), *Felis catus* (gatto) e *Oryctolagus cuniculus* (coniglio domestico). I DNA animali provenivano da campioni di sangue che erano stati messi a disposizione come residui di esami veterinari.

**Risultati:** non è stata rinvenuta alcuna reattività crociata (< 200 RFU) nella regione degli alleli in esame.

**A d) Test della sensibilità analitica**

**Obiettivo:** le analisi avevano lo scopo di stabilire il limite di rivelabilità analitica (sensibilità).

**Metodica:** è stata testata una serie di diluizioni contenenti da 1 ng a 65 pg di DNA di riferimento in quadruplica determinazione. Come criterio di accettazione sono stati definiti profili completi di DNA con > 100 RFU.

**Risultati:** è stato determinato un limite di rivelabilità di 200 pg di DNA genomico.

**A e) Test di diversi termociclatori per PCR**

**Obiettivo:** i termociclatori per PCR di produttori diversi differiscono tra loro per quanto riguarda le specifiche. In particolare possono essere presenti diverse velocità di riscaldamento e raffreddamento così come diverse tecniche di regolazione della temperatura.

**Metodica:** sono state eseguite reazioni standard con DNA di controllo alla concentrazione nominale di 1 ng con tutti i termociclatori di seguito indicati. I test sono stati eseguiti in quadruplica determinazione con la stessa miscela master. Inoltre, sono stati esaminati 2 campioni bianchi senza DNA. Termociclatori testati: GeneAmp 9700 con blocco in argento (Applied Biosystems®, Life Technology GmbH, Darmstadt), GeneAmp 9700 con blocco in alluminio (Life Technology GmbH, Darmstadt) ed Eppendorf Mastercycler ep-S (Eppendorf AG, Hamburg)

**Risultati:** non è stato rilevato alcun prodotto secondario aspecifico > 200 RFU nella regione degli alleli in esame.

La differenza tra le altezze dei picchi rispetto alla reazione standard era al massimo del 20 % ad una velocità di ramping definita di  $\geq 2$  °C/s.

#### A f) **Test con campioni di DNA misto**

**Obiettivo:** l'obiettivo dell'analisi del chimerismo a seguito di trapianto allogenico di cellule staminali ematiche è la quantificazione relativa dei distinti DNA di donatore e ricevente. Per rilevare la minima malattia residua si dovrebbe poter misurare la minima quantità possibile di DNA del ricevente nella miscela. Nella validazione analitica sono state allestite a tal fine diverse miscele con due DNA definiti e con genotipi diversi.

**Metodica:** sono state allestite 10 miscele indipendenti con due DNA non imparentati, nelle quali il DNA estraneo era aggiunto in percentuali variabili da 0 %, 1 %, 5 %, 10 %, 30 %, 50 % e 70 %. Tra i due DNA della miscela è stato possibile discriminare mediamente 13 loci DIP ( $12,8 \pm 2,22$ ) con alleli informativi per l'analisi. In ciascun caso, sono stati testati 2 ng della miscela di DNA nella reazione standard (v. paragrafo c). Sono state analizzate altezze di segnale di almeno 50 RFU.

**Risultati:** per il DNA minoritario è stato possibile raggiungere un limite di rivelabilità dell'1 %, nel range dell'1-5 % ottenuto con i kit STR forensici comunemente impiegati nell'analisi del chimerismo [3-6].

#### A g) **Test dell'influenza di diverse temperature di annealing nella PCR**

**Obiettivo:** per la determinazione della robustezza della PCR sono state simulate oscillazioni di temperatura nella fase di legame del primer (annealing) della PCR multiplex. Questa fase termica è critica per la sensibilità e la specificità della PCR.

**Metodica:** la temperatura di annealing di 60 °C, specifica del kit, è stata alterata di  $\pm 1$  °C e  $\pm 2$  °C rispetto alla reazione standard con il DNA di controllo alla concentrazione nominale di 1 ng. Quindi è stata eseguita una triplice determinazione con la stessa miscela master.

**Risultati:** con  $\pm 1$  °C non è stato rilevato alcun prodotto secondario aspecifico > 200 RFU nella regione degli alleli in esame. Le altezze dei picchi determinate divergevano per un massimo del  $\pm 30$  % a  $\pm 1$  °C rispetto alla reazione standard. A  $+ 2$  °C sono state registrate forti cadute del segnale in alcuni sistemi (HLD 84, 103, 116, 112, 133, 105, 140, 67, 48) e un sistema (HLD 91) ha fallito completamente.

#### A h) **Test di diversi lotti di buffer per PCR**

**Obiettivo:** i rapporti delle concentrazioni dei componenti del buffer della miscela A della PCR (dNTP, concentrazioni ioniche, specialmente  $Mg^{2+}$ ) sono decisivi per la sensibilità, la specificità e il bilanciamento dei segnali nella PCR multiplex. Pertanto, è stata analizzata la robustezza del test rispetto alle oscillazioni dei lotti del tampone PCR fornito.

**Metodica:** sono stati testati 4 lotti indipendenti per la miscela di reazione A è nella reazione standard con il DNA di controllo alla concentrazione nominale di 1 ng.

**Risultati:** non è stato rilevato alcun prodotto secondario aspecifico > 200 RFU nella regione degli alleli in esame. La differenza delle altezze dei picchi, rispetto alla reazione standard, era pari al 20 %.

#### **A i) Test della stabilità a breve termine**

**Obiettivo:** la stabilità dei reagenti del kit per PCR è stata testata dopo ripetuti congelamenti e scongelamenti.

**Metodica:** i reagenti del kit sono stati sottoposti a 20 cicli di congelamento e scongelamento. Il congelamento è stato eseguito a -20 °C per almeno 1 ora. Lo scongelamento è avvenuto a temperatura ambiente e i reagenti sono stati miscelati prima dell'uso. Infine è stata effettuata una reazione standard, in triplice determinazione, con il DNA di controllo alla concentrazione nominale di 1 ng oltre ai bianchi senza DNA. La valutazione ha preso come riferimento una reazione standard senza congelamento e scongelamento.

**Risultati:** la differenza delle altezze dei picchi rispetto alla reazione standard, era pari a un massimo del 20 % (dovuta specialmente alla perdita di segnale). Nei bianchi sono stati determinati ulteriori picchi > 200 RFU entro la scala di riferimento, ma sempre al di fuori della regione degli alleli in esame (fluorocromi liberi nel pannello BTG).

### **B Dati di efficacia clinica**

#### **B a) Prelievo dei campioni: aspetti etici e normativi**

È stato eseguito uno studio della valutazione di efficacia secondo gli articoli da 20 a 24 della legge tedesca sui prodotti medicinali. Il protocollo è stato approvato dall'Autorità Nazionale Competente secondo l'articolo 7 del Regolamento sugli studi clinici dei prodotti medicali e del comitato etico istituzionale. Tutti i partecipanti hanno fornito dichiarazioni di consenso informato.

#### **B b) Test di comparazione**

Come test di comparazione è stato utilizzato il kit di amplificazione PCR CE-IVD Mentype® **Chimera**® (Biotype GmbH, Dresda), basato su ripetizioni brevi in tandem (STR) [12]. Inoltre, è stata eseguita una differenziazione citogenetica tra i leucociti del donatore e del ricevente mediante ibridazione a fluorescenza in situ (FISH) [11]. A tale scopo è stato usato il CE-IVD CEP® X SpectrumOrange™/ Y SpectrumGreen™ Direct Labeled Fluorescent DNA Probe Kit (Abbott GmbH & Co KG, Wiesbaden, DE) specifico per i cromosomi sessuali, secondo le istruzioni del produttore.

### B c) Estrazione e purificazione del DNA

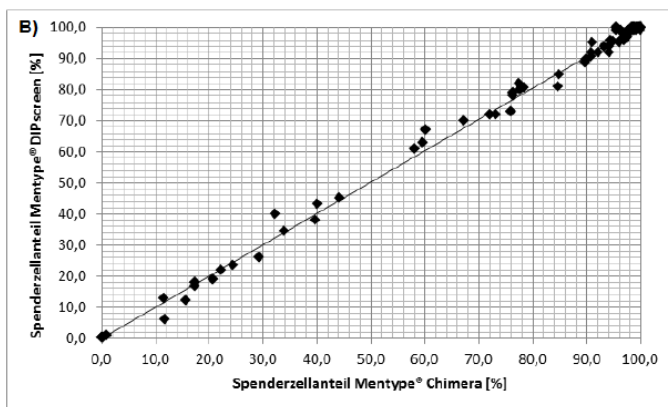
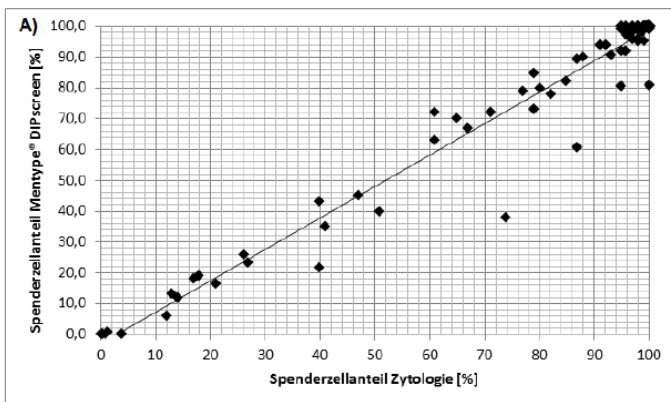
L'estrazione del DNA dal sangue intero eparinizzato è stata effettuata con il *QIAamp® DNA Blood Mini Kit* (Qiagen GmbH, Hilden, DE), secondo le istruzioni del produttore.

### B d) Risultati

In totale sono stati raccolti 98 set di dati da pazienti adulti, in giorni diversi, e successivi a trapianto allogenico di midollo osseo o di cellule staminali ematiche. Le coppie di donatori e riceventi differivano geneticamente per il sesso ed erano perciò idonee alla FISH specifica per i cromosomi sessuali [10]. Sono stati usati almeno 1,5 ng di DNA genomico per ogni PCR. Innanzitutto sono stati determinati tutti i sistemi informativi STR o DIP delle coppie donatore/ricevente, confermandone il sesso per mezzo della genotipizzazione del marcatore dell'amelogenina, che fa parte della PCR multiplex. Per il referto della PCR sono stati impiegati i valori medi delle altezze dei segnali di tutti i sistemi informativi STR o DIP [3]. I risultati dei test di comparazione sono raccolti nella Figura 1.

Per quanto riguarda la citogenetica, 11 campioni analizzati con il Mentype® **DIPscreen** presentavano una differenza nella percentuale del donatore superiore al 5 % (assoluto) (v. Fig. 10A). In 5 di questi campioni il conteggio citogenetico delle cellule era chiaramente inferiore a 200. Secondo le raccomandazioni del produttore del kit FISH il conteggio avrebbe dovuto prevedere almeno 200 cellule. Secondo le raccomandazioni pratiche conteggi cellulari ancora più alti (500-1 000) forniscono migliori risultati citogenetici [6, 8]. Contrariamente alla citogenetica, le differenze tra il Mentype® **DIPscreen** e il kit PCR multiplex Mentype® **Chimera**® basato su STR ammontavano al massimo al 7,9 % (v. Fig. 4B). Solo 3 dei 98 set di dati mostravano una divergenza superiore al 5 %.

**Fig. 4:** Analisi della concordanza tra la PCR Multiplex Mentype® DIPscreen e Mentype® Chimera (B) o tra la prima rispetto alla citologia (A)



**B e) Bibliografía**

- 1) **Gilder JR, Doom TE, Inman K, Krane DE.** Run-specific limits of detection and quantitation for STR-based DNA testing. *J Forensic Sci* 2007; 52: 97-101.
- 2) **Schneider PM, Fimmers R, Keil W, Molsberger G, Patzelt D, Pflug W, Rothämel T, Schmitter H, Schneider H, Brinkmann B.** The German Stain Commission: recommendations for the interpretation of mixed stains. *Int J Legal Med.* 2009; 123: 1-5.
- 3) **Thiede C, Lion T.** Quantitative analysis of chimerism after allogeneic stem cell transplantation using multiplex PCR amplification of short tandem repeat markers and fluorescence detection. Appendix: Method in focus. *Leukemia* 2001; 15: 303–6.
- 4) **Thiede C.** Diagnostic chimerism analysis after allogeneic stem cell transplantation: new methods and markers. *Am J Pharmacogenomics* 2004; 4: 177-87.
- 5) **Thiede C, Lion T.** Quantitative analysis of chimerism after allogeneic stem cell transplantation using multiplex PCR amplification of short tandem repeat markers and fluorescence detection. Appendix: Method in focus. *Leukemia* 2001; 15: 303–6.
- 6) **Buño I, Nava P, Simón A, González-Rivera M, Jiménez JL, Balsalobre P, Serrano D, Carrión R, Gómez-Pineda A, Díez-Martín JL.** A comparison of fluorescent in situ hybridization and multiplex short tandem repeat polymerase chain reaction for quantifying chimerism after stem cell transplantation. *Haematologica* 2005; 90: 1373-9.
- 7) **Henke L, Muche M, Blaauw A, Van Eede PH, Martin W, Helmken C, Budowle B, Henke J.** Validation of a "new" short tandem repeat (STR) fluorescent multiplex system and report of population genetic data. *Clin Lab* 2007; 53:477-82.
- 8) **Mohr B, Koch R, Thiede C, Kroschinsky F, Ehninger G, Bornhäuser M.** CD34+ cell dose, conditioning regimen and prior chemotherapy: factors with significant impact on the early kinetics of donor chimerism after allogeneic hematopoietic cell transplantation. *Bone Marrow Transplant* 2004; 34: 949-54.

**Biotype GmbH**

Moritzburger Weg 67  
01109 DRESDEN / GERMANY  
Tel. +49 351 8838 400  
Fax +49 351 8838 403  
[support@biotype.de](mailto:support@biotype.de)  
[www.biotype.de](http://www.biotype.de)