

Mentype® DIPscreen

Kullanım Talimatları

Kantitatif bir kimerizm analizine giriş

İn-vitro tanısal kullanım için



DISIFU01v1tr
Nisan 2021



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



Parti Kodu



Biotype GmbH
Moritzburger Weg 67
D-01109 Dresden
Almanya

Üretim yeri: Almanya

Biotype GmbH, PCR tabanlı, hızlı Mentype® tespit kitlerini geliştirir, üretir ve piyasaya sunar. Ürünlerimiz profesyonel medikal tanılar için hızlı ve güvenilir test yöntemlerini müşterilerimize sunmaktadır.

Mentype® test kitlerimiz, klinik araştırma ve tanı için en yüksek kalite standartlarını garanti eder.

Mentype® **DIPscreen** ile ilgili daha fazla bilgi ve sorularınız için lütfen iletişim kurmaktan çekinmeyiniz ya da şu web sitesini ziyaret edebilirsiniz:

www.biotype.de

Ürün Tanımı

Mentype® **DIPscreen**, donör ya da alıcıda bireysel olarak meydana gelen ve bilgilendirici lokusları içeren DIP polimorfizmlerini belirlemek üzere geliştirilmiş, çok katmanlı bir PCR uygulamasıdır. Tekli bir çok katmanlı PCR'de 33 DIP-lokus eşzamanlı olarak cinsiyete özgü lokus amelogenin ile birlikte ekrana gelebilir.

Mentype® **DIPscreen** kök hücre transplantasyonu sonrasında kimerizm numunelerinin izlenmesine aracılık eden bir çok katmanlı PCR uygulamasıdır. Esnek tahlil formatı, bireysel tanıların da istenen zamanda yapılabilmesini sağlar.

Allojenik kök hücre transplantasyonundan kaynaklanan moleküler kimerizm analizi, transplantasyon greftinin seyrini kontrol etmek ve tehdit edici nüks riskini değerlendirmek için iyi bilinen bir yöntem haline gelmiştir. Moleküler kimerizm analizi, bialelik kısa ekleme/silme polimorfizmlerinin (DIP'ler, INDEL'ler) önemli yararlar sağladığı çeşitli DNA dizisi motifleri üzerinde gerçekleştirilebilir. DIP markörlerinin polimeraz aracılı amplifikasyonu, net analizleri engelleyebilecek stutter piklerin oluşumuyla sonuçlanmaz. Ayrıca, bu polimorfizmler allele özgü kantitatif yaklaşımlar için en uygun olanlardır. Mentype® **DIPscreen**, DIP tabanlı bir kimerizm analizidir ve bu nedenle açık bir donör / alıcı farklılaşması ve oldukça net bir kimerizm takibi sağlar.

Mentype® **DIPscreen** ile belirlenen 33 DIP lokus, 18 kromozom üzerinde dağılır ve her biri en az 10 Mbp ile ayrılır (bkz. Tablo 1). Mentype® **DIPscreen** tespit limiti yaklaşık **200 pg genomik DNA'dır**. Standart şartlar altında optimum aralık 1.0-2.0 ng DNA'dır. Hızlı ve hassas parça uzunluğu analiz primerleri, **6-FAM, BTG**, ya da **BTY ile flüoresan etiketlidir**.

Test kiti 36 cm kılcal dizin ve POP4® polimeri ile çalıştırılan GeneAmp® 9700 Silver, Eppendorf Mastercycler ep-S, Biometra T1 ve ABI PRISM® 3130 Genetik Analizör kullanılarak doğrulanmış ve değerlendirilmiştir.

İçindekiler

1.	Mentype® DIPscreen Nedir?.....	5
2.	PCR amplifikasyonu.....	9
2.1	Temel karışımın hazırlanması.....	9
2.2	PCR amplifikasyonu parametreleri.....	11
3.	Kılcak Jel Elektrofrezisi.....	12
3.1	PCR ürünlerinin hazırlanması.....	12
3.2	Parça Uzunluğu Analizi.....	12
4.	Analiz.....	14
4.1	Biotype® şablon dosyaları.....	15
4.2	Kontroller.....	16
4.3	Parça ve allel uzunlukları.....	17
5.	Sonuçların yorumlanması.....	22
6.	Referanslar.....	23
7.	Sembol Açıklamaları.....	24
A	Analitik Doğrulama.....	25
A a)	Standart Reaksiyon ve partiye özgü toleransın belirlenmesi.....	25
A a)	Genotipleme Doğruluğu.....	25
A b)	Analitik Özgünlük (Spesifisite).....	26
A c)	Analitik Hassasiyet (Sensitivite).....	26
A d)	Farklı PCR Isıl döngüleyicilerin tahlil performansları.....	26
A e)	Karma DNA numuneleri.....	27
A f)	PCR Tavlama Sıcaklıkları.....	27
A g)	PCR tampon partilerdeki dalgalanmalar.....	27
A h)	Kullanım sırasında stabilite.....	28
B	Klinik performans verileri.....	28
B a)	Çalışma tasarımı, etik ve düzenleyici yönler.....	28
B b)	Referans Yöntemler.....	28
B c)	DNA Ekstraksiyonu ve Saflaştırılması.....	28
B d)	Sonuçlar.....	29
B e)	Referanslar.....	31

1. Mentype® DIPscreen Nedir?

Tablo 1. Mentype® DIPscreen lokusa özgü bilgiler

DIP lokus	Kromozomal pozisyonu	Motif (-DIP / +DIP)
FAM Panel		
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	-GGTAGTATGGCCT
HLD163	12q24.31	-AACTACGGCACGCC
BTG Panel		
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	-ATGATGGTCTTCAGA
HLD305	20q11.22	-CAAGGTCCCACCACACTCGCGTGGGA
BTY Panel		
HLD48	2q11.2	-GACTT
HLD114	17p13.2	-TCCTATTCTACTCTGAAT
HLD304	9q34.3	-GAGCTGCTCAAGAGAGAGG
HLD131	7q36.2	-TTGGGCTTATT
HLD38	1q32.2	-TAGTT
HLD82	7q21.3	-ACCTCTACTCCTTGGTCTATTCTGGTACATGTACT

Kısaltmalar: HLD = İnsan Lokus DIP, -DIP = Silme, +DIP = Ekleme

Tablo 1, Mentype® DIPscreen ile belirlenen DIP-lokusların kromozomal pozisyonlarını, motiflerini ve görel referans allellerini göstermektedir.

Kit içeriği

Mentype® **DIPscreen** (100 reaksiyon)

		25 reaksiyon	100 reaksiyon	400 reaksiyon
Nuclease-Free Water	Nükleaz içermeyen su	1,5 mL	2 x 1,5 mL	6 x 1,5 mL
Reaction Mix A	Reaksiyon karışımı A	125 µL	500 µL	2 x 1,0 mL
Mentype® DIPscreen PrimerMix	Primer karışım	125 µL	500 µL	4 x 500 µL
Multi Taq 2 DNA Polymerase	Multi Taq 2 DNA polimerazı	15 µL	60 µL	4 x 60 µL
Mentype® DIPscreen Control DNA XY13 (2 ng/µL) ya da Control DNA XY82 (2 ng/µL)	Kontrol DNA XY5 (2 ng/µL) ya da Kontrol DNA XY82 (2 ng/µL)	10 µL	10 µL	10 µL
DNA Size Standard 550 (BTO)	Size Standard DNA 550 (BTO)	13 µL	50 µL	200 µL
Mentype® DIPscreen Allelic Ladder	Allel merdiveni	25 µL	25 µL	4 x 25 µL

Sipariş bilgileri

Tablo 2. Mentype® **DIPscreen** kiti için Sipariş Bilgileri

Ürün	Reaksiyon	Sipariş numarası
Mentype® DIPscreen	25 reaksiyon	45-45410-0025
Mentype® DIPscreen	100 reaksiyon	45-45410-0100
Mentype® DIPscreen	400 reaksiyon	45-45410-0400

Depolama

Bütün bileşenleri -25 °C ila -15 °C'de muhafaza edin ve tekrarlayan eritme ve dondurma işleminden kaçının. Primer karışım ve allel merdiveni ışıktan uzak şekilde muhafaza edilmelidir. DNA numuneleri ve PCR sonrası reaktifler (Allel merdiveni ve Size Standard DNA), PCR reaktiflerinden ayrı bir şekilde saklanmalıdır. Son kullanma tarihleri, kit kapağı üzerinde belirtildiği gibidir.

Ek olarak istenen reaktifler

Biotype® PCR Amplifikasyon Kitini kullanmak için gereken diğer reaktifler şunlardır:

Tablo 3. Mentype® **DIPscreen** kiti için gereken ek reaktifler

Reaktif	Tedarikçi	Sipariş numarası
Hi-DI™ Formamid, 25 mL	Applied Biosystems	4311320
Matrix Standards BT5 Tekli kılcal araç (5 x 25 µL)	Biotype GmbH	00-10411-0025
Matrix Standards BT5 Çoklu kılcal araç (25 µL)	Biotype GmbH	00-10421-0025
Matrix Standards BT5 Çoklu kılcal araç (2 x 25 µL)	Biotype GmbH	00-10421-0050

Uyarılar ve güvenlik talimatları

Bütün Biotype® ürünleri için talep üzerine tarafınıza iletilen materyal güvenliği veri belgelerini (MSDS) inceleyin. Ek olarak gereken diğer reaktiflerin Materyal Güvenliği Veri Belgelerinin (MSDS) nüshaları için, lütfen ilgili üretici ile irtibata geçin.

Bitiş parti LEUK01086 (Reaction Mix A parti CH2000163)

PCR Amplifikasyon Kiti, aşağıdaki potansiyel olarak tehlikeli kimyasalları içerir:

Kit bileşeni	Kimyasal	Tehlikeleri
Reaction Mix A	Sodyum azid NaN ₃	Yutulması halinde zehirlidir, asitlerle teması halinde zehirli gazlar üretir

Kalite güvence

Bütün kit bileşenleri, Biotype GmbH'de yoğun bir kalite güvence sürecinden geçer. Test kitlerinin kalitesi sürekli takip edilerek, kısıtsız bir kullanımlarının olması sağlanır. Kalite güvence ile ilgili sorularınızın olması halinde lütfen bizimle irtibata geçin.

Ticari marka ve patentler

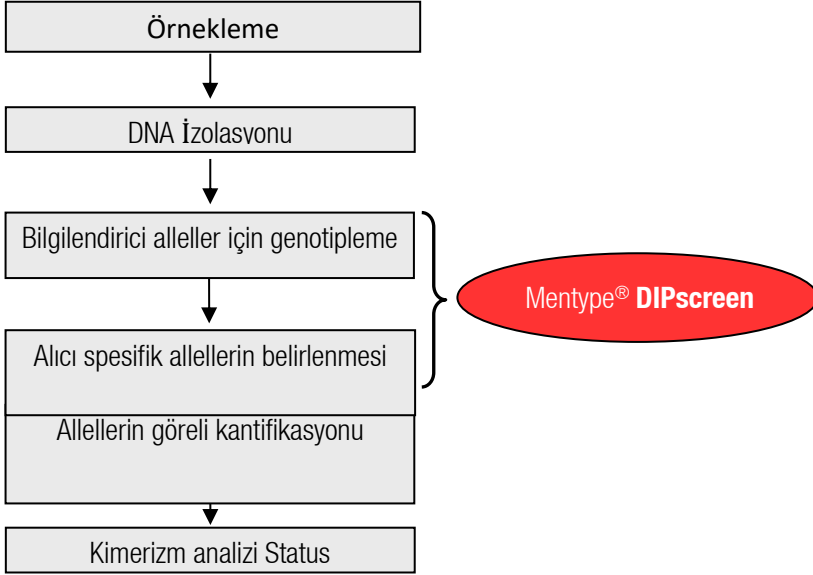
Mentype® ve **Chimera**®, Biotype GmbH'nin tescilli ticari markalarıdır.

ABI PRISM®, GeneMapper®, GeneAmp® ve Applied Biosystems® Applied Biosystems LLC'nin tescilli ticari markalarıdır.

Avrupa kanunlarına göre POP-4®, Applied Biosystems LLC'nin tescilli ticari markasıdır. POP-4® Amerika'da ise Life Technologies Corporation şirketinin ticari markası olarak tescillenmiştir.

PCR, patentlidir. Patent sahipleri Hoffmann-La Roche Inc. ve F. Hoffmann-La Roche (Roche) şirketleridir.

Mentype® DIP- ürünleri ile gerçekleştirilen çalışma adımlarının taslağı



Örneklemeden analize - Mentype® **DIPscreen** ile kimerizm takibi

PCR amplifikasyonu, elektroforez ve analiz için protokoller

2. PCR amplifikasyonu

2.1 Temel karışımın hazırlanması

Aşağıdaki tabloda, her bir 25 µL reaksiyon hacmi için bütün PCR reaktiflerinin hacimleri, 1.0 µL (şablon DNA) numune hacim dahil üzere gösterilmektedir. Düzenlenecek olan reaksiyon sayısı, pozitif ve negatif kontrol reaksiyonları göz önüne alınarak belirlenmelidir. Pipetleme hatasını tazmin etmek üzere bu sayıya bir ya da iki reaksiyon ekleyin.

Tablo 4. Mentype® DIPscreen için Temel karışımın hazırlanması

Bileşen	Hacim
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)	0.6 µL
Temel karışım hacmi	24.0 µL

* Mg²⁺, dNTPs, BSA içerir

Bütün bileşenler karıştırılmalı ve (vorteks) temel karışım hazırlanmadan önce yaklaşık 10 saniye santrifüjlenmelidir. Tahlilde kullanılacak DNA hacmi, konsantrasyonuna bağlıdır. Referans numuneler için en uygun hacim 1 µL'dir. Kritik hasta numuneleri için şablon miktarı uygun oranda artırılabilir. Nihai reaksiyon hacmini, nükleaz içermeyen su ile 25 µL'ye tamamlayın.

Genel olarak DNA şablonları nükleaz içermeyen suda ya da seyreltilmiş TE tamponda saklanabilir (10 mM Tris HCl, pH 8.0 ve 1 mM EDTA), örneğin 0.1 x TE tamponu.

Primer karışımlar, **28 PCR döngüsünde** ve 25 µL reaksiyon hacmindeki **1 ng Kontrol DNA XY13 veya XY82**'te dengeli bir pik yükseklik elde edecek şekilde hazırlanır. Daha fazla DNA şablonu uygulanırsa, küçük PCR parçaları için daha yüksek ve büyük parçalar için de görece daha düşük pikler beklenebilir. Bu dengesizliği düzeltmek için DNA şablonu miktarını azaltın.

Pozitif kontrol

Not: LEUK01087 parti numarası itibarıyla kit yeni bir pozitif kontrol **DNA XY82**'sine sahip olacaktır. Bu, şimdiye kadarki kontrol DNAXY13'siyle kıyaslandığında genetik profil yönünden farklılık göstermektedir. Konsantrasyon ve buna bağlı deneysel süreç aynı bırakılmıştır. Kiti parti numarası ve içerik dökümü yardımıyla (kit kutusunun etiketinde bulunmaktadır), kit içerisinde hangi kontrol DNA'sının bulunduğunu tespit edebilirsiniz. Yeni genetik profil ve kanıtlanması gereken aleller şekil 2B ve tablo 8 içerisinde gösterilmiştir.

Pozitif amplifikasyon kontrolü için, Kontrol DNA XY13 veya XY82'ü 1 ng/µL olarak şekilde seyreltin.

Şablon DNA yerine, seyreltik Kontrol DNA'yı PCR temel karışımını içeren reaksiyon tüpüne damlatın.

Negatif kontrol

Negatif amplifikasyon kontrolü için, şablon DNA yerine PCR temel karışımını içeren reaksiyon tüpüne nükleaz içermeyen su damlatın.

Şablon DNA

Bazen ölçülen DNA konsantrasyonu, kullanılan kantifikasyon yöntemine göre değişir. Bundan dolayı, optimum sonuçlar elde etmek için DNA miktarını ayarlamak gerekebilir.

2.2 PCR amplifikasyonu parametreleri

Multi Taq 2 DNA polimerazi aktive etmek ve spesifik olmayan amplifikasyon ürünlerinin oluşmasını önlemek için "otomatik başlatma" ile PCR gerçekleştirin.

PCR döngülerinin sayısı, uygulanan DNA miktarına bağlıdır. Bütün numuneler için 28 PCR döngüsü tavsiye edilir.

Standart yöntem

Bütün DNA numuneleri için tavsiye edilir.

Tablo 5. Mentype® DIPscreen için PCR amplifikasyon protokolü

Sıcaklık	Zaman	
94 °C	4 dakika	(Multi Taq2 DNA polimerazi aktivasyonu için otomatik başlatma)
94 °C	30 s	
60 °C	120 s	28 döngü
72 °C	75 s	
68 °C	60 dakika	
10 °C	∞	tutma

Not: Optimum kit dengesini sağlamak için ısı döngüleyicilerde artış oranı 4-5 °C/s şeklinde ayarlanmalıdır.

Çok az miktarlardaki DNA, istatistiksel düşüslere ve pik noktalarda dengesizliğe neden olabilir. PCR döngüsü sayısının artması, minimal miktarlarda bulunan safsızlıkların neden olduğu çapraz -kontaminasyon riskini yükseltir. Ayrıca, spesifik olmayan amplifikasyon ürünleri ortaya çıkabilir.

3. Kılcal Jel Elektrofrez

3.1 PCR ürünlerinin hazırlanması

PCR tamamlandıktan sonra numuneleri döngüleyiciden çıkartın ve kısaca santrifüjleyin. Hi-Di™ Formamid (kıtte yer almaz) ve DNA Size Standard 550 (BTO) reaktiflerini çözdürün, karıştırın ve tüpleri kısa bir süre santrifüjleyin. Hi-Di™ Formamid ve DNA Size Standard 550 (BTO)'dan oluşan ve Tablo 6'da tanımlanan yaklaşımı hazırlayın, pipetleme değışkenliklerini tazmin etmek üzere, yaklaşıma bir ya da iki reaksiyon ekleyin.

Tablo 6. Hi-Di Formamid ve Size Standard 550 (BTO) içeren denatürasyon karışımı yaklaşımı

Bileşen	Reaksiyon başına hacim
Hi-Di™ Formamid	12.0 µL
DNA Size Standard 550 (BTO)	0.5 µL

Formamid ve DNA Size Standard 550 (BTO) denatürasyon karışımının 12 µL'sini bir PCR plakasının uygun sayıda yuvasına (Genetik Analizörde kullanım için uygun sayıda) pipetleyin. Daha sonra 1 µL PCR ürünü veya Mentype® **DIPscreen**'in 1 µL allel merdivenini yuvaya ekleyin. PCR plakasını uygun bir folyo ile kaplayın, vorteksleyin ve plakayı kısa bir süre santrifüje edin.

Not: Allel merdiveni, veri analizi sırasında analiz edilen parçaları doğru bir şekilde belirlemek için kullanılır. Başarılı veri analizini sağlamak için her bir parça uzunluğu analizi sırasında, allel merdiveni en az bir kez analiz edilmelidir.

Not: Jel elektrofrez cihazının kılcal kısımları asla kuru çalıştırılmamalıdır. Numuneler tüm kılcal pozisyonları kaplamıyor ise, plakanın diğer yuvalarını, kılcal sayısına göre 12 µL Hi-Di™ Formamid ile doldurun.

Hazırlanan PCR ürünlerini bir PCR döngüleyicide 95 °C'de 3 dakika denatüre edin ve ardından numuneleri, döngüleyicide 4 °C'de soğutun. Parça uzunluğu analizi öncesinde numuneleri kısa bir süre santrifüjleyin.

3.2 Parça Uzunluğu Analizi

Kılcal jel elektrofrez cihazının Matrix Standard BT5 (Biotype GmbH) reaktifi ile spektral kalibrasyonu başarıyla yürütüldükten sonra, aşağıdaki parametrelerle spesifik bir çalıştırma modülü (ABI 310, ABI 3130) veya cihaz protokolü (ABI 3500) oluşturun:

Tablo 7. Çalıştırma modülü için spesifik parametreler, kılcal jel elektrofrez cihazının araç protokolü

	ABI 310	ABI 3130	ABI 3500
Enjeksiyon voltajı [kV]	15.0	3.0	3.0
Çalışma süresi	26 dakika	1500 s	1500 s
Enjeksiyon süresi [s]	5	10	10

Tablo 7'de verilen deęerlerden farklı olarak alıřtırma süresi, DNA Size Standard 550'nin bütün paralarını (60-550 bp) analiz edecek şekilde ayarlanabilir.

Not: Spesifik alıřma parametrelerini kurmak için kılcal jel elektroforez cihazının üreticisinin kullanım talimatlarını izleyin.

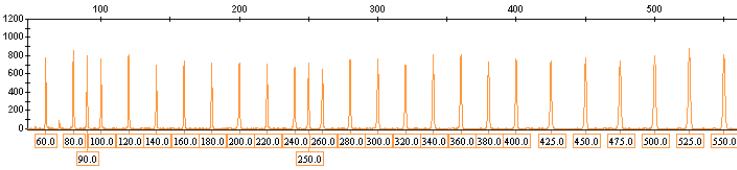
Not: Aynı zamanda, kılcal jel elektroforez cihazlarında bulunan Mentype® ürünlerinin kalibrasyonu ve uygulaması için ek bilgi brořürlerine bakın. Bunlar support@biotype.de üzerinden talep edildiğinde Biotype GmbH tarafından temin edilir.

4. Analiz

Otomatik numune analizi konusundaki genel talimatlar için bkz. *GeneMapper® ID ya da GeneMapper® ID-X Software Kullanıcı Kılavuzu*.

Not: Mentype® **DIPscreen**'de, kırmızı panel soluk olmalıdır.

Yükseltilmiş ürünlerin asıl uzunluklarının bulunması, cihaz türüne, elektroforez şartlarına ve kullanılan Standart Boyutta DNA'ya bağlıdır. Bu nedenle aşağıdaki uzunlukta bulunan parçalar için Size Standard DNA 550 BTO kullanılmalıdır: **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, ve 550** bp.



Şekil. 1 DNA Size Standard 550 (BTO) elektroferogramı, parça uzunlukları bp olarak verilmiştir.

Not: Size Standard DNA SST-BTO_60-450bp için sunulan şablon dosyaları, GeneMapper® ID ya da ID-X yazılımı kullanılarak Mentype® **DIPscreen** değerlendirme ve analizi için uygulanabilir.

4.1 Biotype® şablon dosyaları

Allel tahsisi, uygun bir analiz yazılımı ile gerçekleştirilmelidir, örneğin GeneMapper® ID/ID-X yazılımı, Biotype GmbH'nin Mentye® **DIPscreen** şablon dosyaları ile birlikte kullanılabilir. Biotype® şablon dosyaları web sitemizden (www.biotype.de) yüklenebilir ya da talep üzerine CD-ROM olarak temin edilebilir.

GeneMapper® ID/ID-X yazılımları için tavsiye edilen Biotype® şablonları şunlardır:

Paneller	DIPscreen_Panels_v0/v0X#	Ya da daha ileri versiyonları
BinSets	DIPscreen_Bins_v0/v0X#	Ya da daha ileri versiyonları
Size Standard	SST-BT0_60-450bp	
Analiz yöntemi	Analysis_DIPscreen_310_200rfu Analysis_DIPscreen_310_1000rfu Analysis_DIPscreen_3130_200rfu Analysis_DIPscreen_3130_1000rfu	
Grafik ayarları	PlotsBT5_4dyes	
Tablo ayarları	2 allel için tablo	

Yeni pozitif kontrolü sebebiyle **LEUK01087** parti numarasından itibaren verilerin değerlendirilmesi için panel ve kutu seti **v1/v1X** kullanılmak zorundadır.

Paneller ve BinSets her zaman kullanılmalıdır, diğer şablon dosyalar ise opsiyoneldir. GeneMapper® ID/ID-X yazılımı için hazırlanan Biotype® şablonları POP4® çalışmaları için üretilir. Diğer polimer türlerinin kullanılması halinde Panel ev Bin'lerde değişiklik gerekebilir ya da veri analizinden önce Analiz Yönteminin değiştirilmesi gerekebilir. Detaylı talimatlar için, GeneMapper® için Biotype® Şablon dosyaları talimatları sayfasını inceleyiniz, bu talimatları web sitemizden de indirebilirsiniz (www.biotype.de).

Önemli Not: Temin edilen şablon dosyalar ile içe aktarım ve allel alımı ancak GeneMapper® ID/ID-X yazılımı kullanıldığı zaman garanti edilir. GeneMapper® yazılımı uygulanırken bazı şablon dosyalarında içe aktarım problemleri yaşayabilirsiniz. Spesifik araç mekanizmanız üzerinde bir ya da daha fazla allel merdiveni çalıştırarak Panel ve Bin ayarlaması yapmanız gerekebilir. Destek için bizimle irtibata geçin (support@biotype.de).

Analiz için genel prosedür

1. Size Standard DNA kontrolü
2. Allel merdiveni kontrolü
3. Pozitif kontrolün kontrolü
4. Negatif kontrolün kontrolü
5. Numune verinin analizi ve yorumlanması

4.2 Kontroller

Test kitinin ve aynı zamanda standart hücre hatlarından elde edilen diğer ticari olarak bulunabilir DNA'ların bir parçası olan Kontrol DNA XY13 veya XY82, aşağıdaki allelleri temsil eder:

Tablo 8. Mentype® DIPscreen için Allel belirlemesi, -DIP = Silme , +DIP = Ekleme

Lokus	Kontrol- DNA XY82	Kontrol- 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	+/+	+/+	+/+	+/+	-/+	+/+

Referans DNA K-562, ATCC'den elde edilebilir. DNA 9947A, 9948 ve 3657 Coriell Cell Repositories'den temin edilebilir.

4.3 Para ve allel uzunlukları

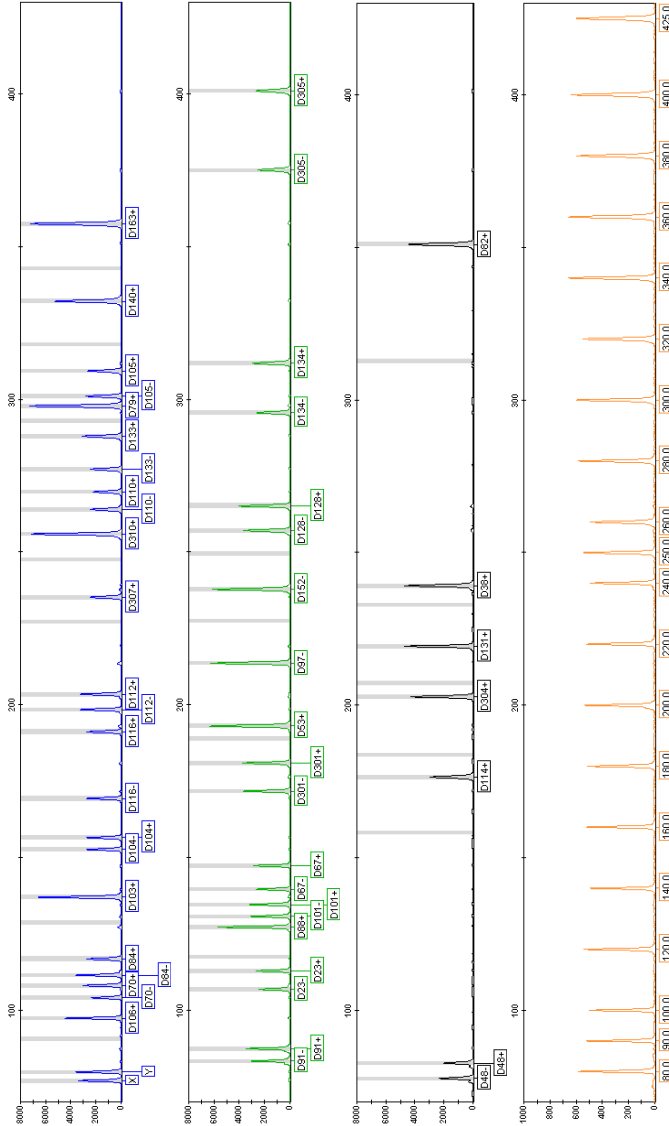
Tablo 9, DNA Size Standard 550 (BTO)'ya giden bireysel allellerin para uzunluklarını gstermektedir. Bütün analizler, ABI PRISM® 3130 Genetik Analizör üzerinde POP-4® polimer ile yapılmıřtır. Farklı analiz araçları, DNA boyut standartları ya da polimerler, farklı para uzunlukları verebilir. Buna ek olarak Allel merdiveni ile görsel olarak bir hizalama yapılması tavsiye edilir.

Ölekleme

Yatay: 70-430 bp (bkz. Şekiller 2A, 2B ve 3)

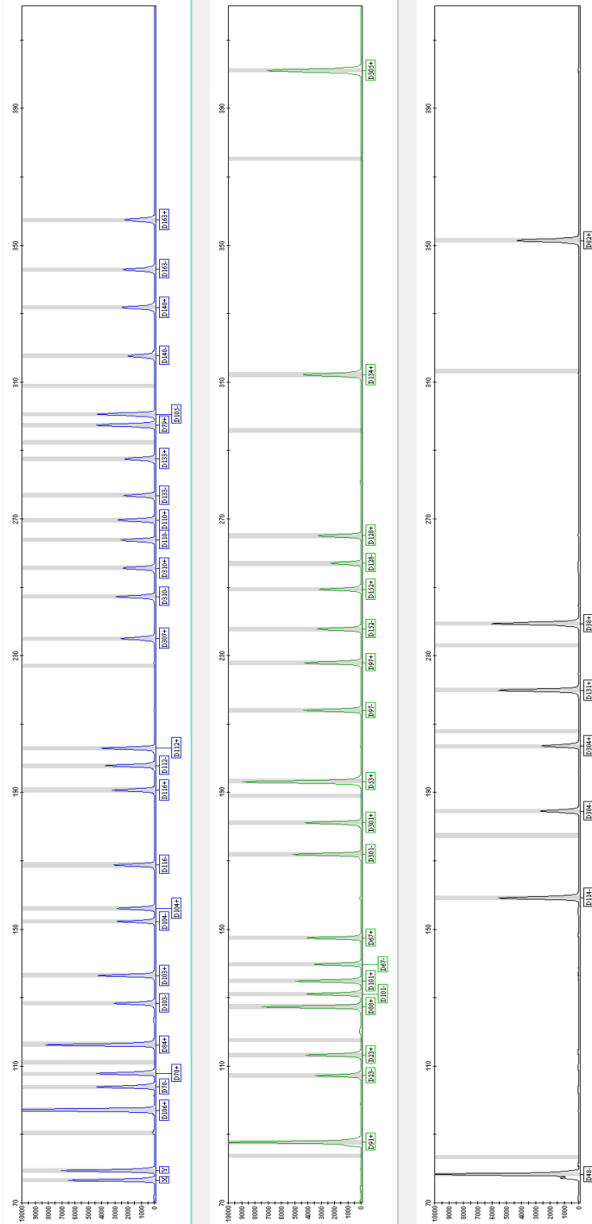
Dikey: sinyal yoğunluđuna bađlı olarak

Şekil 2A

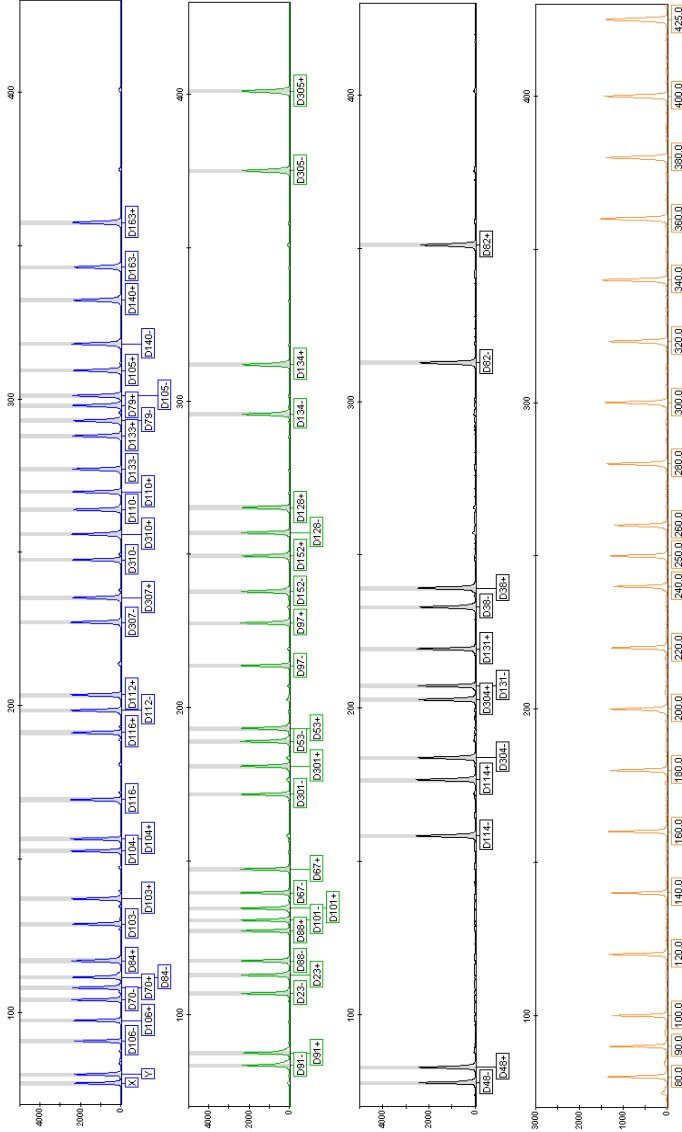


Şekil 2: 1 ng kontrol DNA (A) XY13 veya (B) XY82 kullanılan Mentype® DIPscreen elektrofogramı. Analiz, DNA Size Standard 550 (BTO) kullanılarak bir ABI PRISM® 3130 Genetik Analizör üzerinde yapılmıştır. Allel tahsisi, GeneMapper® ID yazılımı ve Mentype® DIPscreen şablon dosyası kullanılarak yapılmıştır.

Şekil 2B



Şekil 3



Şekil 3. Mentype® **DIPscreen** allel merdiveni elektrofogramı. Analiz, DNA Size Standard 550 (BTO) kullanılarak bir ABI PRISM® 3130 Genetik Analizör üzerinde yapılmıştır. Allel tahsisi, GeneMapper® ID yazılımı ve Mentype® **DIPscreen** şablon dosyası kullanılarak yapılmıştır.

Tablo 9. POP-4® polimer kullanılarak ABI PRISM® 3130 Genetik Analizörde analiz edilen Mentype® **DIPscreen** Allel merdiveni parça uzunlukları (**FAM, BTG, BTY panel**)

Marker/FAM	-DIP [bp]*	+DIP [bp]*	Marker/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	Marker/BTY	-DIP [bp]*	+DIP [bp]*
HLD140	318	333	HLD48	78	83
HLD163	344	358	HLD114	159	177
			HLD304	184	203
			HLD131	208	220
			HLD38	234	240
			HLD82	314	352

* tamsayıya yuvarlanmıştır.

5. Sonuçların yorumlanması

Yukarıda bahsedildiği gibi, PCR sonrası analiz ve uygun analiz yazılımıyla otomatik allel tahsisi, allellerin kesin ve güvenilir bir şekilde ayırt edilmesini sağlar.

Pull-up peaks

Pull-up pikleri, doğrusal tespit aralığının (> 3 000 RFU) dışında pik yüksekliklerinin oluşması ya da yanlış bir matris uygulanması durumunda ortaya çıkabilir. Tipik olarak daha düşük sinyal yoğunluğu ile diğer renk kanallarındaki spesifik piklerde görünürler. Pull-up piklerini önlemek için pik yükseklikleri 3 000 RFY'yu aşmamalıdır.

Şablondan bağımsız olarak nükleotid eklenmesi

Terminal transferaz aktivitesi nedeniyle, Multi Taq 2 DNA polimerazı, yükseltilmiş DNA parçalarının 3'- ucuna, bir adenosin radikalini ekleme eğilimindedir. Neden olunan bu pik, beklenenden daha kısa bir bazdır (-1 bp pik). Tüm Biotype® primerleri, bu artefaktları en aza indirecek şekilde tasarlanmıştır. Artefakt oluşumu, PCR protokolünün 68°C'de 60 dakika devam eden son uzatma aşaması ile daha da azaltılır. Artefakt pik yüksekliği, DNA miktarı ile ilişkilidir. Laboratuvarlar, piklerin analiz edilmesi için kendi limitlerini tanımlamalıdır.

Artefaktlar

Oda sıcaklığı, çoklu kılcal araçlar üzerinde PCR ürünlerinin performansını etkileyebilir ve omuz pikler ya da bölünmüş pikler meydana gelebilir. Ayrıca bazı durumlardan, otomatik tahsis de etkilenebilir. Bu etkiler ortaya çıkarsa, numunenin daha yüksek bir oda sıcaklığında tekrar enjekte edilmesini ve her bir çalıştırma başına birden fazla allel merdiveni numunesi kullanılmasını tavsiye ederiz.

Polimerlerin etkisi

Mentype® **DIPscreen**, POP-4® polimeri analizleri için doğrulanmış ve onaylanmıştır. Diğer polimerlerin kullanılması (örneğin, POP-7™ veya POP-6™), spesifik PCR ürünlerinin çalışma davranışını etkileyebilir. Ayrıca, serbest floresan boyaların farklı davranışları nedeniyle arka plan gürültüsü artabilir.

6. Referanslar

Alizadeh M, Bernard M, Danic B, Dauriac C, Birebent B, Lapart C, Lamy T, Le Prise PY, Beauplet A, Bories D, Semana G, Quevennec 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. Sembol Açıklamaları



Üretici



Parti kodu



<N> test için yeterli sayıda reaktif içerir



Kullanım talimatlarını (el kitabını) inceleyiniz



İle birlikte kullanın



Sıcaklık sınırlılıkları



Katalog numarası



İn-Vitro-Tanı



Işıktan koruyun



Kuru muhafaza edin

Mentype® DIPscreen PCR-Amplifikasyon Kiti Teknik Özellikleri

A Analitik Doğrulama

A a) Standart Reaksiyon ve partiye özgü toleransın belirlenmesi

B **Amaç:** Çok katmanlı PCR'nin sinyal yükseklikleri dengesi ve taban çizgisinin, mutlak sinyal yükseklikleri (RFU) açısından standart reaksiyonda ce partiye özgü toleranslar varlığında belirlenmesi.

Metodoloji: Test kiti, sağlıklı bir donöre ait Kontrol DNA XY13 içerir, bu DNA 17 DIP sistemi ve amelogenin (AM) içinde heterozigodur. Standart reaksiyon, 1 ng'lik nominal konsantrasyonda Kontrol DNA'sı ile dörtlü belirlenmelerde gerçekleştirilmiştir (28 PCR söngüsü). DNA'sız dört boş değer (şablon kontrolü olmayan, NTC) ek olarak uygulanmıştır.

Sonuçlar: PCR primerlerinin partiye özgü karışımları için aşağıdaki özellikler belirlenmiştir: ABI PRISM® 3130 Genetik Analizör kullanılarak 1 000-5 000 RFU sinyal yükseklikleri. Heterozigot sistemlerin sinyal yüksekliklerindeki dalgalanmalar, rehber değerlerin en fazla % 50'sine kadar olabilir. Ölçekleme aralığında, spesifik olmayan sinyaller 200 RFU, boş değerler için belirlenmemiştir.

A a) Genotipleme Doğruluğu

Amaç: Allel tahsisinin doğruluğu standart koşullar altında istatistiksel olarak kanıtlanmalıdır. Test, Allel merdiveni kullanılarak otomatik alel çağrısının doğruluğunu inceler. Ayrıca GeneMapper ID yazılımı kullanarak diğer yöntemler aracılığıyla (diğer PCR kiti, doğrudan sekanslama ve benzeri) test DNA'larının ön tiplemesine kıyasla allel tahsisinin uygunluğunu kontrol eder. Sonuçlara dayanarak, kılcal jel elektroforezi (bin ve paneller) yoluyla genotipleme için teste özgü cihaz ayarları ve DNA dizicisinin analiz şablonları için stutter piklerin oranı tanımlanmıştır.

Yöntem: Tekli belirlenmelerde, farklı kaynaklardan alınan (tam kan, yanak smear) 100 adet ön tipleme insan DNA'sı test edilmiştir. Buna ek olarak boş bir test de (DNA olmayan) yapılmıştır. Kabul kriterleri, ≥ 200 RFU pik yüksekliğe sahip tam profiller olarak tanımlanmıştır (manuel değerlendirme). [3; 4].

Sonuçlar: Teste özgü cihaz ayarlarının belirlenmesinden sonra, tüm HLD sistemleri ve amelogenin markörü için, tüm DNA numunelerine doğru genotip atanmıştır.

A b) Analitik Özgünlük (Spesifisite)

Amaç: Çalışmanın amacı, seçilen insan dışı DNA numuneleri ile çapraz reaktivite sonucu ortaya çıkabilecek yanlış pozitif sonuçları dışlamaktır. Ancak klinik uygulamada, insan dışı DNA'lar steril örnekleme nedeniyle büyük ölçüde hariç tutulabilir.

Yöntem: *Bos Taurus* (sığıır), *Sus scrofa domestica* (domuz), *Canis lupus familiaris* (köpek), *Felis catus* (kedi) ve *Oryctolagus cuniculus* (evcil tavşan) kaynaklı 2.5 ng genomik DNA test edilmiştir. Bu hayvan DNA'ları, veterinerlik çalışmalarının artık materyali olarak temin edilen kan numunelerinden elde edilmiştir

Sonuçlar: Allel alanında çapraz reaktivite tespit edilmemiştir (< 200 RFU).

A c) Analitik Hassasiyet (Sensitivite)

Amaç: Analitik tespit sınırının belirlenmesi (sensitivite).

Yöntem: 1 ng ila 65 pg referans DNA içeren bir seyreltik serisi, dörtlü gruplar halinde test edilmiştir. Kabul kriteri olarak ≥ 100 RFU olan komple DNA profilleri tanımlanmıştır.

Sonuçlar: 200 pg genomik DNA tespit limiti belirlenmiştir.

A d) Farklı PCR Isıl döngüleyicilerin tahlil performansları

Amaç: Farklı üreticilere ait PCR ısıl döngüleyicilerin teknik özellikleri de farklı olmaktadır. Özellikle farklı ısıtma ve soğutma oranları ile farklı sıcaklık kontrol teknikleri gözlemlenebilmektedir (histeretik yöntemlere karşı asıl değerlerin ayar noktası ile simetrik olarak düzenlenmesi).

Yöntem: Aynı temel karışım ve 2 boş numune (DNA olmayan) ile dörtlü gruplar halinde şu ısıl döngüleyiciler kullanılarak, 1 ng nominal konsantrasyondaki Kontrol DNA ile standart reaksiyonun test edilmesi. Ayrıca DNA olmayan iki boş numune incelenmiştir.

GeneAmp 9700 with Silverblock (Applied Biosystems®, Life Technology GmbH, Darmstadt), GeneAmp 9700 with Alu block (Life Technology GmbH, Darmstadt) and Eppendorf Mastercycler ep-S (Eppendorf AG, Hamburg)

Sonuçlar: **Allel bölgesinde** Spesifik bir yan ürün ≥ 200 RFU tespit edilmemiştir. Standart reaksiyona kıyasla ortalama pik yüksekliğinden sapma, ≥ 2 °C/saniye tanımlı artışta % 20'dir.

A e) Karma DNA numuneleri

Amaç: Allojenik kan kök hücre transplantasyonu sonrası kimerizm analizin amacı, donör ve alıcı DNA fraksiyonlarının tespiti ve göreceli kantifikasyonudur. Minimal kalıntı hastalığı saptamak için, mümkün olan en küçük miktardaki donör veya alıcı DNA, karışık bir numunede tespit edilmelidir. Bu nedenle farklı genotiplere sahip iki tanımlı DNA'nın farklı karışımları Analitik Doğrulama ile üretilmiştir.

Yöntem: % 0, % 1, % 5, % 10, % 30, % 50 ve % 70 şeklinde eksik DNA kullanılarak iki bağımsız DNA'nın 10 bağımsız karışımı hazırlanmıştır. Karışımlarsa iki DNA arasına, ortalama 13 DIP-lokus (12.8 ± 2.22) ve bilgilendirici alleller değerlendirme amacıyla ilave edilmiştir. Her durumda DNA karışımlarından 2 ng standart reaksiyonda test edilmiştir. En az 50 RFU olan sinyal yükseklikleri değerlendirilmiştir.

Sonuçlar: Eksik DNA için % 1 tespit limitine ulaşılabilmiştir. Bu da kimerizm analizlerinde kullanıldığı zaman, konvansiyonel, adli STR kitleri ile elde edilen % 1-5 değere karşılık gelmektedir [8-11].

A f) PCR Tavlama Sıcaklıkları

Amaç: PCR'nin sağlamlığını belirlemek amacıyla, çok katmanlı PCR'de primer bağlama aşaması (tavlama) için sıcaklık dalgalanmaları simüle edilir. Bu sıcaklık adımı, PCR'nin hassasiyeti ve özgünlüğü için kritiktir.

Yöntem: Kite özgü tavlama sıcaklığı olan 60 °C, standart reaksiyon ortamında Kontrol DNA ve 500 ng nominal konsantrasyon ile ± 1 °C ve ± 2 °C değiştirilmiştir. Aynı temel karışım ile üçlü tespit yapılmıştır.

Sonuçlar: ± 1 °C için spesifik olmayan bir yan ürün ≥ 200 RFU tespit edilmemiştir. ± 1 °C'de ortalama pik yükseklikler standart reaksiyondan en fazla ± 30 sapmıştır. + 2 °C'de bazı sistemlerde (HLD 84, 103, 116, 112, 133, 105, 40, 67, 48) performans düşüklüğü görülmüştür. Bir sistemde, bu sıcaklıkta komple profil kaybı (HLD 91) meydana gelmiştir.

A g) PCR tampon partilerdeki dalgalanmalar

Amaç: Çok katmanlı PCR'lerde, hassasiyet, özgünlük ve sinyal dengesi açısından PCR tamponu reaksiyon karışımı A'nın içeriklerinin konsantrasyon oranları (dNTP'ler, iyon konsantrasyonları, özellikle Mg^{2+}) kritik öneme sahiptir. Bu nedenle, testin sağlamlığı, temin edilen PCR tamponundaki parti dalgalanmalarına karşı belirlenir.

Yöntem: Kontrol DNA ve 1 ng nominal konsantrasyon ile standart reaksiyondaki performansını görmek için 4 bağımsız reaksiyon karışımı A partisi test edilmiştir.

Sonuçlar: Spesifik olmayan bir yan ürün ≥ 200 RFU tespit edilmemiştir. Standart reaksiyona kıyasla, ortalama pik yükseklikler standart reaksiyondan en fazla % 20 saptmıştır.

A h) Kullanım sırasında stabilite

Amaç: PCR kitindeki reaktiflerin stabilitesi, tekrarlayan dondurma ve eritme işlemlerinden sonra test edilmiştir.

Yöntem: Kit reaktifleri, 20-katlı bir dondurma ve eritme döngüsüne tabi tutulmuştur. Dondurma işlemi, en az 1 saat boyunca -20 °C'de yapılmıştır. Karışım, oda sıcaklığında eritilmiş ve reaktifler de kullanımdan önce çalkalama yoluyla homojenize edilmiştir. Bunun ardından 500 ng nominal konsantrasyonda Kontrol DNA ve DNA içermeyen ek boş değerler ile standart reaksiyon, üçlü belirlemeler halinde gerçekleştirilmiştir. Değerlendirme, dondurma ve eritme döngüleri uygulanmadan önceki standart reaksiyon ile kıyaslanarak yapılmıştır.

Sonuçlar: Standart reaksiyona kıyasla ortalama pik yüksekliklerin saptması en fazla % 20 'dir (özellikle sinyal kaybı). Boş değerler için ölçekleme aralığında ek pikler > 200 RFU bulunmuştur; ancak kitin allel aralığında pik meydana gelmemiştir(BTG panelindeki serbest flüoresan boyalar).

B Klinik performans verileri

B a) Çalışma tasarımı, etik ve düzenleyici yönler

German Medizinproduktegesetz'in §§ 20-24'üne göre bir klinik performans çalışması yapılmıştır. Protokol, German Verordnung über klinische Prüfungen von Medizinprodukten, 7 maddesine uygun olarak ulusal yetkili kurum BfArM tarafından ve kurumun etik komitesi tarafından onaylanmıştır. Tüm katılımcıların yazılı rızası alınmıştır.

B b) Referans Yöntemler

Kitin performansı, Kısa Tandem Tekrarları (STR) temel alan CE-IVD Mentype® **Chimera** PCR-Amplifikasyon kiti (Biotype GmbH, Dresden, DE) ile kıyaslanmıştır [12]. Bunun yanı sıra, yerinde hibridizasyon ile flüoresan kullanılarak (FISH) donör ve alıcı lökositlerin sitogenetik farklılaşması, kıyaslama için bir test olarak kullanılmıştır. Cinsiyet kromozomuna özgü CE-IVD CEP® X SpectrumOrange™ / Y SpectrumGreen™ Doğrudan Etiketli Floresan DNA Prob Kiti (Abbott GmbH & Co KG, Wiesbaden, Almanya) üreticinin talimatlarına göre kullanılmıştır. [11].

B c) DNA Ekstraksiyonu ve Safflaştırılması

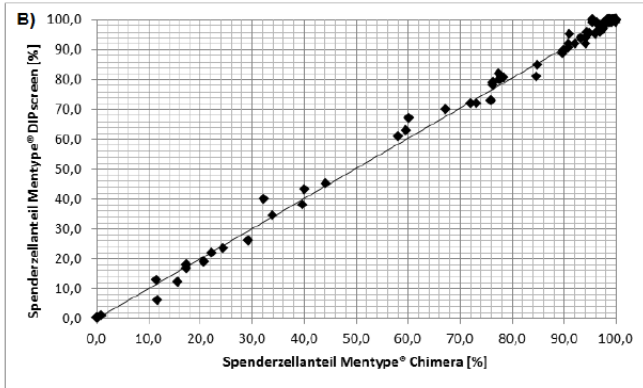
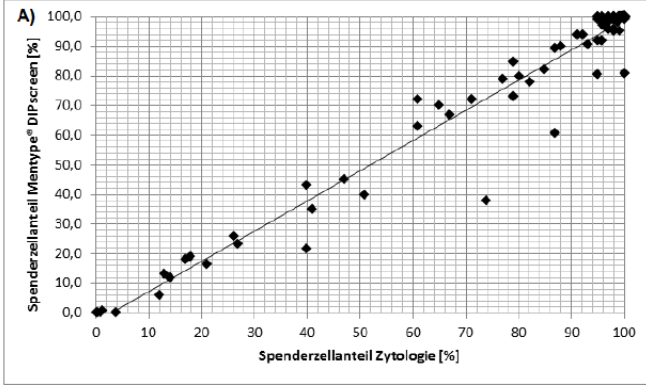
Heparinli tam kan örneklerinden DNA ekstraksiyonu, QIAamp® DNA Blood Mini Kit (Qiagen GmbH, Hilden) ile üretici talimatlarına uygun olarak yapılmıştır.

B d) Sonular

Allojeneik kan kk hresi ya da kemik ilięi nakli sonrası farklı gnlerde, toplam 98 veri seti yetiřkin hastalardan toplanmıřtır. Donr-alıcı iftleri genetik cinsiyet aısından farklılık gstermektedir ve bu nedenle cinsiyet kromozomuna zg FISH iin uygun bulunmuřtur. [10] Her bir PCR iin en az 1.5 ng genomik DNA kullanılmıřtır. İlk olarak, donr alıcı iftlerin tm bilgilendirici STR sistemleri belirlenmiř ve ok katmanlı PCR'nin bir parası olan amelogenin markrnn genotiplenmesiyle cinsiyet doęrulanmıřtır. PCR sonuları iin, btn bilgilendirici STR- ya da DIP sinyal yksekliklerinin ortalama deęerleri kullanılmıřtır (en az 2). Uyumluluk analizi sonuları, Őekil 1'de zetlenmiřtir

Sitogenetik ile kıyaslandığında, Mentype® **DIPscreen** ile analiz edilen 11 numune, donr tarafından % 5'ten fazla bir sapma gstermiřtir (mutlak) (bkz. Őekil 4A). Bu numunelerin 5'inde, hcre sayıları 200'n nemli derecede altında olanlar sitogenetik olarak sayılmıřtır. Ancak FISH kiti reticilerinin tavsiyelerine gre en az 200 hcre sayılmalıdır. Uygulama nerilerine gre, daha yksek mutlak hcre sayıları (500-1 000), daha iyi sitogenetik sonular vermektedir [11, 13]. Sitogenetięin aksine Mentype® **DIPscreen** ile STR tabanlı ok katmanlı PCR kiti Mentype® **Chimera**® arasındaki fark % 7.9'dur (bkz. Őekil 4B). 98 lm verisi setinin sadece 3 tanesi % 5'in zerinde bir sapma gstermiřtir.

Şekil 4: Sitoloji (A) ve çok katmanlı PCR Mentype® Chimera® (B) ile kıyasla çok katmanlı PCR Mentype® DIPscreen uygunluk analizi



B e) Referanslar

- 1) **Wenz H, Robertson JM, Menchen S, Oaks F, Demorest DM, Scheibler D, Rosenblum BB, Wike C, Gilbert DA, Efcavitch JW.** High-precision genotyping by denaturing capillary electrophoresis. *Genome Res* 1998; 8: 69-80.
- 2) **Sguedglia JB, Geiger S, Davis J.** Precision studies using the ABI prism 3100 genetic analyzer for forensic DNA analysis. *Anal Bioanal Chem* 2003; 376: 1247-54.
- 3) **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.
- 4) **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.
- 5) **Wheeler DL, Barrett T, Benson DA, Bryant SH, Canese K, Chetvernin V, Church DM, DiCuccio M, Edgar R, Federhen S, Geer LY, Kapustin Y, Khovayko O, Landsman D, Lipman DJ, Madden TL, Maglott DR, Ostell J, Miller V, Pruitt KD, Schuler GD, Sequeira E, Sherry ST, Sirotkin K, Souvorov A, Starchenko G, Tatusov RL, Tatusova TA, Wagner L, Yaschenko E.** Database resources of the National Center for Biotechnology Information. *Nucleic Acids Res* 2007; 35 (Database issue): D5-12.
- 6) **Haas-Rochholz H, Weiler G.** Additional primer sets for an amelogenin gene PCR-based DNA-sex test. *Int J Legal Med* 1997; 110: 312-5.
- 7) **Peakall R and Smouse PE.** GenAEx 6.5: Genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research-an update. *Bioinformatics* 2012; 28: 2537-2539.
- 8) **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.
- 9) **Thiede C.** Diagnostic chimerism analysis after allogeneic stem cell transplantation: new methods and markers. *Am J Pharmacogenomics* 2004; 4: 177-87.
- 10) **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.

- 11) **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.
- 12) **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.
- 13) **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

Tel. +49 351 8838 400

Fax +49 351 8838 403

info@biotype.dewww.biotype.de