

MANUAL TÉCNICO

Maxwell[®] CSC Genomic DNA Kit

Instrucciones de uso del producto
AS1850

Precaución: Manipule los cartuchos con cuidado, los bordes del sistema de sellado podrían estar afilados.

Maxwell[®] CSC Genomic DNA Kit

Toda la documentación técnica está disponible en: www.promega.com/protocols/
 Visite el sitio web para verificar que está utilizando la versión más actualizada de este Manual Técnico.
 Si tiene alguna pregunta sobre el uso de este sistema, póngase en contacto Promega Technical Services: techserv@promega.com

1. Descripción	2
2. Componentes del producto, condiciones de almacenamiento y leyenda de símbolos.....	3
3. Finalidad del producto/uso previsto	5
4. Limitaciones de uso del producto	5
5. Antes de empezar	5
5.A. Preparación de muestras de sangre total y capa leucocitaria	6
5.B. Preparación de muestras de aspirado de médula ósea	7
5.C. Preparación de muestras de sedimentos celulares	8
5.D. Preparación de lisados a partir de muestras de sangre total, capa leucocitaria, médula ósea y sedimentos celulares	9
5.E. Preparación de lisados a partir de muestras de tejido	10
5.F. Preparación de lisados a partir de muestras de hisopos bucales	11
5.G. Preparación del Maxwell [®] CSC Genomic DNA Cartridge.....	13
6. Ejecución del Maxwell [®] Instrument.....	15
7. Después de la purificación	17
8. Evaluación del rendimiento analítico	17
8.A. Rendimiento del ADN	17
8.B. Calidad del ADN (pureza).....	23
8.C. Reproducibilidad.....	30
8.D. Amplificabilidad	31
8.E. Inhibición (sustancias interferentes).....	40
8.F. Contaminación cruzada.....	46
9. Evaluación del rendimiento clínico	47
10. Solución de problemas	48
11. Productos relacionados	51



Maxwell® CSC Genomic DNA Kit solo está disponible en algunos países.

1. Descripción

Maxwell® CSC Genomic DNA Kit^(a) se utiliza con los Maxwell® Instruments especificados en la tabla 1 para proporcionar un método fácil para la preparación y purificación eficiente y automatizada de muestras de ADN genómico (ADNg) de una variedad de muestras biológicas humanas. Los Maxwell® CSC Instruments están diseñados para su uso con cartuchos de reactivos predispensados y métodos de purificación preprogramados, que maximizan la simplicidad y la comodidad. El método Maxwell® para CSC Genomic DNA Kit puede procesar desde una hasta el número máximo de muestras de Maxwell® CSC Instrument en 40 minutos. El ADN purificado puede utilizarse directamente en una variedad de aplicaciones posteriores, como los ensayos con base en la PCR.

Tabla 1. Instrumentos compatibles.

Instrumento	Cat.#	Manual técnico	Número máximo de muestras
Maxwell® CSC	AS6000	TM457	16
Maxwell® CSC 48	AS8000	TM623	48

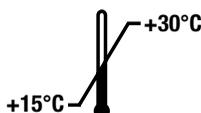
Principio del método

El Maxwell® CSC Genomic DNA Kit purifica el ácido nucleico de muestras mediante partículas paramagnéticas, que proporcionan una fase sólida móvil que optimiza la recogida de muestras, el lavado y la purificación del ADNg. Los Maxwell® Instruments son instrumentos de manipulación de partículas magnéticas que unen eficazmente los ácidos nucleicos a las partículas paramagnéticas en el primer pocillo de un cartucho precargado. Las muestras se procesan a través de una serie de lavados antes de que se eluya el ADNg. Este enfoque de captura magnética evita problemas comunes como puntas obstruidas o transferencias parciales de reactivos que dan lugar a un procesamiento de purificación subóptimo por parte de otros sistemas automatizados de uso común.

2. Componentes del producto, condiciones de almacenamiento y leyenda de símbolos

PRODUCTO	TAMAÑO	CAT.#
Maxwell® CSC Genomic DNA Kit	48 prep	AS1850

Para uso en diagnóstico in vitro. Solo para uso profesional. Contiene suficientes reactivos para 48 aislamientos automatizados de una variedad de muestras biológicas humanas. Los cartuchos son de un solo uso.



Incluye:

- 2 × 1 ml Proteinase K (PK) Solution
- 1 ml RNase A Solution
- 20 ml Lysis Buffer
- 20 ml Lytic Enhancer (LE2)
- 48 Maxwell® CSC Cartridges (CSCQ)
- 50 CSC/RSC Plungers
- 50 Elution Tubes (0,5 ml)
- 20 ml Elution Buffer

Condiciones de almacenamiento: Almacene el Maxwell® CSC Genomic DNA Kit entre +15 °C y +30 °C.



Información de seguridad: Maxwell® CSC Cartridges (CSCQ) contiene etanol e isopropanol. Estas sustancias deben considerarse inflamables, dañinas e irritantes. Consulte la ficha técnica de seguridad (SDS) para ver la información de seguridad detallada. Siga las directrices institucionales para la manipulación y eliminación de todos los residuos químicos utilizados con este sistema.



Los Maxwell® CSC Cartridges (CSCQ) están diseñados para su uso con sustancias potencialmente infecciosas. Debe llevar la protección adecuada (por ejemplo, guantes y gafas de seguridad) al manipular sustancias infecciosas. Siga las directrices institucionales de manipulación y eliminación de todas las sustancias infecciosas utilizadas en el sistema.

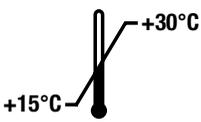


Precaución: Manipule los cartuchos con cuidado, los bordes del sistema de sellado podrían estar afilados.

Información adicional: Los componentes del Maxwell® CSC Genomic DNA Kit son aptos para el uso conjunto y se han sometido a las pruebas de control de calidad pertinentes. No mezcle los componentes del kit entre diferentes lotes del mismo. Utilice únicamente los componentes proporcionados en el kit. Para obtener información de seguridad adicional, consulte la ficha técnica de seguridad disponible en: www.promega.com.

2. Componentes del producto, condiciones de almacenamiento y leyenda de símbolos (continuación)

Leyenda de símbolos

Símbolo	Explicación	Símbolo	Explicación
	Dispositivo médico de diagnóstico in vitro		Representante autorizado
	Se debe almacenar entre +15 °C y +30 °C.		Fabricante
	Riesgo para la salud		Corrosivo
	Irritante		Inflamable
	Conformidad europea		Válido para "n" pruebas
	Advertencia. Peligro de aprisionamiento.		Precaución
	Código de lote		Advertencia. Riesgos biológicos.
	No reutilizar		Número de catálogo

3. Finalidad del producto/uso previsto

Maxwell® CSC Genomic DNA Kit está pensado para su uso, en combinación con los Maxwell® CSC Instruments y los métodos de purificación de Maxwell® CSC Genomic DNA Kit y Maxwell® CSC 48, como un dispositivo médico de diagnóstico in vitro (IVD) para realizar el aislamiento automatizado de ADN genómico a partir de una variedad de muestras biológicas humanas. El ADN genómico purificado es adecuado para su uso en ensayos de diagnóstico in vitro con base en la amplificación.

El Maxwell® CSC Genomic DNA Kit está pensado para ser utilizado a una temperatura entre 15–30 °C. El uso fuera de este rango de temperatura puede dar lugar a resultados subóptimos.

El Maxwell® CSC Genomic DNA Kit está destinado solo a uso profesional. Los resultados diagnósticos obtenidos mediante la purificación del ADN genómico con este sistema deberán interpretarse junto con otros datos clínicos o de laboratorio.

4. Limitaciones de uso del producto

Maxwell® CSC Genomic DNA Kit ha sido validado con muestras de sangre humana completa, capa leucocitaria, médula ósea, hisopos bucales, tejidos y células. El usuario es responsable de validar su uso para extraer ADN de otros tipos de muestras.

Deben incluirse los controles apropiados en cualquier aplicación diagnóstica posterior que utilice ADN genómico purificado mediante el Maxwell® CSC Genomic DNA Kit. El usuario es responsable de validar las características de rendimiento necesarias para las aplicaciones diagnósticas posteriores.

5. Antes de empezar

Materiales que ha de aportar el usuario

- Vórtex de mesa
- Pipeteadores y puntas de pipeta para transferir muestras a cartuchos de reactivos prerrellenados
- Tubos de 1,5–2,0 ml para incubar las muestras (por ejemplo, Microtubes, 1,5 ml [Cat.# V1231]). Otros tipos de tubos deben ser evaluados por el laboratorio.
- Bloque de calor seco, baño de agua o mezclador térmico ajustado a 56 °C
- Agua desionizada o Nuclease-Free Water (Cat.# MC1191) para el sedimento de células (sección 5.C) y las muestras de tejido (sección 5.E)
- Solución salina tamponada con fosfato 1X (PBS) para muestras de sedimentos celulares preparadas a partir de orina (sección 5.C)
- **Opcional:** Columnas de limpieza (Cat.# Z3871) para muestras de hisopos bucales (sección 5.F)
- **Opcional:** Mezclador de tubos giratorios

5.A. Preparación de muestras de sangre total y capa leucocitaria

Capacidad de procesamiento de la muestra

El rendimiento total de ADN genómico de las muestras de sangre total y capa leucocitaria depende del volumen de la muestra y del número de glóbulos blancos (WBC) por milímetro. Para estos tipos de muestras, se puede utilizar un volumen de muestra de 50–300 µl. Durante el desarrollo, se probó la sangre total y la capa leucocitaria preparada a partir de sangre total con un rango de 4×10^6 a 10×10^6 WBC/ml y se encontró que proporcionaba un rendimiento aceptable. Las muestras fuera de este rango pueden ser compatibles con la química de extracción, pero deben ser evaluadas por el laboratorio para comprobar el rendimiento de la extracción y la compatibilidad con los ensayos posteriores.

Para las muestras de sangre totales se puede utilizar un rango de volumen de elución de 50–200 µl. Debido a que las muestras de capa leucocitaria por lo general producen una gran cantidad de ADN genómico, recomendamos eluir con 200 µl para proporcionar la elución más efectiva. Se pueden utilizar volúmenes de elución de 50–200 µl con muestras de capa leucocitaria, pero los volúmenes inferiores a 200 µl pueden no proporcionar resultados óptimos.

Notas:

- a. Este kit ha sido probado con muestras de sangre total humana y capa leucocitaria preparadas a partir de sangre total humana recogida en tubos de EDTA, citrato o heparina. El rendimiento de este kit con otros tipos de tubos de recogida de sangre debe ser evaluado por el usuario.
 - b. Este kit ha sido probado con muestras de sangre y capa leucocitaria almacenadas bajo las siguientes condiciones: almacenadas a 15–30 °C hasta 72 horas, almacenadas a 2–10 °C hasta 7 días o almacenadas a –65 °C o menos antes de la purificación del ADN. Otras condiciones de almacenamiento de las muestras pueden proporcionar un rendimiento aceptable, pero deben ser evaluadas por el laboratorio. Las muestras congeladas deben descongelarse por completo antes de su procesamiento. Todas las muestras de sangre y capa leucocitaria deben mezclarse por completo antes de su uso.
1. Mezcle todas las muestras de sangre o capa leucocitaria durante al menos 5 minutos a 15–30 °C. Esto puede lograrse con un mezclador de tubos giratorio o una mezcla intermitente con un mezclador de vórtice.
 2. Continúe a la sección 5.D para las instrucciones de preparación del lisado.

5.B. Preparación de muestras de aspirado de médula ósea

Capacidad de procesamiento de la muestra

El rendimiento total de ADN genómico de las muestras de aspirado de médula ósea depende del número total de células que se procesen. Durante el desarrollo, se probaron muestras de aspirado de médula ósea en el rango de volumen de 50–300 µl y se encontró que proporcionaban un rendimiento aceptable. Las muestras fuera de este rango pueden ser compatibles con la química de extracción, pero deben ser evaluadas por el laboratorio para comprobar el rendimiento de la extracción y la compatibilidad con los ensayos posteriores.

Debido a que las muestras de aspirado de médula ósea por lo general producen una gran cantidad de ADN genómico, recomendamos eluir con 200 µl para proporcionar la elución más efectiva. Se pueden utilizar volúmenes de elución de 50–200 µl con muestras de médula ósea, pero los volúmenes inferiores a 200 µl pueden no proporcionar resultados óptimos.

Notas:

- a. Este kit ha sido probado con muestras de aspirado de médula ósea humana recogidas en tubos de EDTA, citrato o heparina. El rendimiento de este kit con otros tipos de tubos de recogida de sangre debe ser evaluado por el usuario.
 - b. Este kit ha sido probado con muestras de aspirado de médula ósea almacenadas congeladas (almacenadas a –65 °C o menos) antes de la purificación del ADN. Otras condiciones de almacenamiento de las muestras pueden proporcionar un rendimiento aceptable, pero deben ser evaluadas por el laboratorio. Las muestras congeladas deben descongelarse por completo antes de su procesamiento. Todas las muestras de aspirado de médula ósea deben mezclarse bien antes de su uso.
1. Mezcle todas las muestras de aspirado de médula ósea durante al menos 30 minutos a 15–30 °C con un mezclador de tubo giratorio o mezclando de forma intermitente con un mezclador vórtex.
 2. Continúe a la sección 5.D para las instrucciones de preparación del lisado.

5.C. Preparación de muestras de sedimentos celulares

Capacidad de procesamiento de la muestra

Los sedimentos celulares pueden generarse a partir de varios tipos de muestras, incluidos fluidos biológicos (por ejemplo, orina o líquido amniótico), células purificadas (por ejemplo, células mononucleares de sangre periférica) o células cultivadas. Se centrifuga la muestra para generar un sedimento de células y ese sedimento se resuspende en 300 μ l de Nuclease-Free Water. El rendimiento total de ADN genómico de las muestras de sedimentos celulares depende del número de células presentes en la muestra. Durante el desarrollo, se probaron sedimentos celulares de hasta 5×10^6 células (consulte la tabla 2) y se comprobó que ofrecían un rendimiento aceptable. Las muestras fuera de este rango pueden ser compatibles con la química de extracción, pero deben ser evaluadas por el laboratorio para comprobar el rendimiento de la extracción y la compatibilidad con los ensayos posteriores.

Tabla 2. Los tipos de muestras de sedimentos celulares evaluados.

Tipo de muestra	Rango de muestras analizadas	Volumen de elución sugerido
Orina	15–50 ml	50 μ l
Líquido amniótico	1–5 ml	50 μ l
Células mononucleares de sangre periférica (PBMC)	5×10^4 – 5×10^6 células	50–200 μ l
Células cultivadas	5×10^2 – 5×10^6 células	50–200 μ l

Para las muestras de sedimentos celulares, utilice un volumen de elución de 50–200 μ l. Cuando se procesan muestras que generan un bajo número de células en el sedimento celular, recomendamos utilizar un volumen de elución de 50 μ l. Para las muestras con más células, un volumen de elución mayor puede dar lugar a un mayor rendimiento de ADN genómico. Los laboratorios deben confirmar que el volumen de elución para un determinado tipo de muestra de sedimento celular proporciona una pureza y concentración suficientes para su ensayo posterior.

Notas:

- Este kit ha sido probado con muestras de sedimento de células procesadas de inmediato después de generar un sedimento de células y almacenadas congeladas (almacenadas a -65 °C o menos) antes de la purificación del ADN. Otras condiciones de almacenamiento de las muestras pueden proporcionar un rendimiento aceptable, pero deben ser evaluadas por el laboratorio. Las muestras congeladas deben descongelarse por completo antes de su procesamiento.
- Si se desea congelar la muestra, estas deben almacenarse congeladas después de generar el sedimento de células. Recoja un sedimento celular de una muestra que ha sido congelada y descongelada puede provocar una pérdida de rendimiento.

1. Centrifugue el volumen de muestra deseado a una velocidad de al menos $2000 \times g$ durante 20 minutos para generar un sedimento de células.
 - a. Para las muestras de orina, lave el sedimento celular resuspendiéndolo en 750 μ l de 1X PBS.
 - b. Centrifugue la muestra suspendida en PBS para generar un sedimento de células.
2. Decante o aspire el líquido de las células sedimentadas. Resuspenda el sedimento en 300 μ l de Nuclease-Free Water.
3. Continúe a la sección 5.D para las instrucciones de preparación del lisado.

5.D. Preparación de lisados a partir de muestras de sangre total, capa leucocitaria, médula ósea y sedimentos celulares

1. Prepare y etiquete tubos de incubación que quepan en un bloque térmico ajustado a 56 °C.
2. Añada 30 μ l de una solución de endopeptidasa K (PK) a cada tubo de incubación.
3. Transfiera el volumen de muestra deseado a cada tubo de incubación. Cambie las puntas de las pipetas entre cada transferencia de muestra para evitar la contaminación cruzada.

Nota: La transferencia de material coagulado, graso o de otro tipo de material sólido al tubo de incubación puede dar lugar a una mala lisis de la muestra. Transfiera únicamente muestras líquidas al tubo de incubación.
4. Tape y agite en vórtex cada tubo a máxima velocidad durante 10 segundos.
5. Añada 300 μ l de potenciador lítico (LE2) a cada tubo de incubación. Cambie las puntas de las pipetas cada vez que se dispense el potenciador lítico (LE2) para evitar la contaminación cruzada.

Nota: Continúe al paso 6 sin mezclar ni agitar en vórtex.
6. Añada 300 μ l de tampón lítico a cada tubo de incubación. Cambie las puntas de las pipetas cada vez que se dispense el tampón de lisis para evitar la contaminación cruzada.
7. Tape y agite en vórtex cada tubo a máxima velocidad durante 10 segundos.

Nota: Confirmar que el vortexing ha dado lugar a un lisado homogéneo.
8. Incubar cada tubo en el bloque térmico a 56 °C durante 20 minutos. Durante esta incubación, prepare los Maxwell® CSC Cartridges como se describe en la sección 5.G.
9. Agite con vórtex cada tubo a velocidad máxima durante 10 segundos.
10. Transfiera cada muestra de lisado del tubo de incubación al pocillo n.º 1 de un cartucho separado y mezcle bien con la solución de unión en el pocillo n.º 1 aspirando y dispensando 5–10 veces después de la transferencia para hacer una mezcla homogénea (el pocillo n.º 1 es el más grande del cartucho). Cambie las puntas de las pipetas entre cada transferencia de muestras para evitar la contaminación cruzada de las mismas.

Nota: Si no se consigue una mezcla homogénea de lisado de muestra y solución de unión en el pocillo n.º 1 del cartucho, puede disminuirse el rendimiento y la pureza del eluido final.

5.E. Preparación de lisados a partir de muestras de tejido

Capacidad de procesamiento de la muestra

El rendimiento total de ADN genómico de las muestras de tejido depende de la masa y el tipo de tejido procesado. Para las muestras de tejido, se puede utilizar un rango de muestra de 5–50 mg. Durante el desarrollo, se evaluaron muestras de tejido de corazón, páncreas, cerebro y mama como ejemplos y se comprobó que ofrecían un rendimiento aceptable. Una gama más amplia de tipos de tejidos puede ser compatible con la química de extracción, pero el laboratorio debe evaluar el rendimiento de la extracción y la compatibilidad con los ensayos posteriores.

Para las muestras de tejido se puede utilizar un volumen de elución de 50–200 µl. El volumen de tampón de elución a utilizar dependerá de la masa y el tipo de tejido que se procese. Los laboratorios deben evaluar los volúmenes de elución que proporcionan un rendimiento aceptable en sus ensayos posteriores para la masa y los tipos de tejido que se procesan.

Nota: Este kit ha sido probado con muestras de tejido almacenadas congeladas (a –65 °C o menos) antes de la purificación del ADN. Otras condiciones de almacenamiento de las muestras pueden proporcionar un rendimiento aceptable, pero deben ser evaluadas por el laboratorio. Las muestras congeladas deben descongelarse por completo antes de su procesamiento.

1. Para lisar las muestras de tejido, ajuste la temperatura de un bloque de calor seco, un baño de agua o un mezclador térmico a 56 °C. Prepare y etiquete los tubos de incubación que se ajusten a la opción de calentamiento deseada.
2. Transfiera 5–50 mg de tejido a cada tubo. Cortar el tejido en fragmentos más pequeños puede disminuir el tiempo de lisis. Centrifugue el tubo a máxima velocidad durante 15 segundos para recoger los trozos de tejido en el fondo del tubo.
3. Añada 300 µl de Nuclease-Free Water (Cat.# MC1191 o equivalente) a cada tubo de incubación.
4. Añada 30 µl de una solución de endopeptidasa K (PK) a cada tubo de incubación. Cambie las puntas de las pipetas cada vez que se dispense la solución de proteinasa K (PK) para evitar la contaminación cruzada.
5. Tape y agite en vórtex cada tubo a máxima velocidad durante 10 segundos.
6. Añada 300 µl de potenciador lítico (LE2) a cada tubo de incubación. Cambie las puntas de las pipetas cada vez que se dispense el potenciador lítico (LE2) para evitar la contaminación cruzada.
7. Tape y agite en vórtex cada tubo a máxima velocidad durante 10 segundos.
8. Incube cada tubo a 56 °C mediante una de las siguientes opciones:
 - a. Con un mezclador térmico, utilizar una velocidad de agitación alta (por ejemplo, 1500 rpm) durante un máximo de 2 horas.
 - b. Con un bloque de calor seco o un calentador de baño de agua, utilizar sin agitación durante al menos 16 horas.
9. Agite con vórtex cada tubo a velocidad máxima durante 10 segundos.
10. Centrifugue cada tubo a la máxima velocidad en una microcentrífuga durante 5 minutos para sedimentar cualquier material no digerido.

11. Transfiera todo el sobrenadante de cada tubo de incubación a un nuevo tubo. Evite transferir el material sedimentado. Si aparece una capa de grasa distinta en la parte superior de la muestra después de la centrifugación, no transfiera esa capa al nuevo tubo.
12. Añada 300 µl de tampón de lisis a cada tubo nuevo. Cambie las puntas de las pipetas cada vez que se dispense el tampón de lisis para evitar la contaminación cruzada.
13. Tape y agite en vórtex cada tubo a máxima velocidad durante 10 segundos.
14. Prepare los cartuchos como se describe en la sección 5.G.
15. Transfiera la muestra de lisado tisular de cada tubo al pocillo n.º 1 de un cartucho separado y mezclar bien con la solución de unión en el pocillo n.º 1 aspirando y dispensando al menos 10 veces después de la transferencia para hacer una mezcla homogénea (el pocillo n.º 1 es el más grande del cartucho). Cambie las puntas de las pipetas entre cada transferencia de muestras para evitar la contaminación cruzada de las mismas.

Notas:

- a. Transfiera el sedimento de tejido o la capa de grasa del tubo de incubación al nuevo tubo puede dar como resultado un rendimiento o pureza pobres.
- b. Si no se crea una mezcla homogénea del lisado de la muestra y de la solución de unión en el pocillo n.º 1 del cartucho, puede producirse una disminución del rendimiento y de la pureza en el eluido final.

5.F. Preparación de lisados a partir de muestras de hisopos bucales

Capacidad de procesamiento de la muestra

El rendimiento total de ADN genómico a partir de muestras de hisopos bucales depende de lo bien que se transfieran las células bucales al hisopo. Durante el desarrollo, se probaron los hisopos bucales 1 y 2 y proporcionaron un rendimiento aceptable. Se puede utilizar un volumen de elución de 50–200 µl para las muestras de hisopos bucales. Los laboratorios deben elegir un volumen de elución para las muestras de hisopo bucal que proporcione la suficiente pureza y concentración para su ensayo posterior.

Nota: Este kit ha sido probado con muestras de hisopos bucales secos almacenados a 15–30 °C antes de la purificación del ADN. Otras condiciones de almacenamiento de las muestras pueden proporcionar un rendimiento aceptable, pero deben ser evaluadas por el laboratorio.

1. Prepare y etiquete tubos de incubación de 1,5–2,0 ml que quepan en un bloque térmico ajustado a 56 °C.
2. **Opcional:** Coloque una columna de limpieza (Cat.# Z3871) en cada tubo de incubación.
3. Coloque 1 o 2 cabezas de torunda bucal en cada tubo de incubación o columna de limpieza en cada tubo de incubación. Retire el bastoncillo de las cabezas del hisopo bucal cortando o rompiendo el bastoncillo por encima de la cabeza del hisopo para poder cerrar la tapa del tubo o de la columna de compensación que contiene la cabeza del hisopo.

5.F. Preparación de lisados a partir de muestras de hisopos bucales (continuación)

4. En un tubo separado, combinar 300 µl de potenciador lítico (LE2) con 30 µl de solución de proteinasa K (PK) para cada muestra más una muestra adicional. Consulte la tabla siguiente. Por ejemplo, para procesar 16 muestras, crear un master mix para 17 reacciones combinando 300 µl × 17 = 5100 µl de potenciador lítico (LE2) y 30 µl × 17 = 510 µl de proteinasa K.

Reactivo	Cantidad por reacción	Reacciones (Número de muestras + 1)	Total
Potenciador lítico (LE2)	300 µl	n+1	300 × (n+1) µl
Solución de proteinasa K (PK)	30 µl	n+1	30 × (n+1) µl

5. Mezcle le potenciador lítico (LE2)/solución de proteinasa K (PK) invirtiendo el tubo al menos 10 veces.
6. Añada 330 µl de potenciador lítico (LE2)/solución de proteinasa K (PK) a cada muestra y cerrar el tubo. Cambie las puntas de las pipetas cada vez que se dispense le potenciador lítico (LE2)/solución de proteinasa K (PK) para evitar la contaminación cruzada.
7. Incube cada tubo a 56 °C durante 20 minutos. Durante esta incubación, prepare los cartuchos como se describe en la sección 5.G.
8. Utilice una de las siguientes opciones para retirar las cabezas del hisopo del tubo:
- Si se utiliza una columna de limpieza, coloque el tubo en una microcentrífuga y centrifugar a velocidad máxima durante 2 minutos. Retire el tubo de la microcentrífuga. Abra el tubo; retirar y desechar la columna de limpieza que contiene las cabezas del hisopo.
 - Si no se utiliza una columna de limpieza, utilice unas pinzas para retirar las cabezas de la torunda del tubo, exprimiendo con cuidado el lisado restante de las cabezas del hisopo. Deseche las cabezas del hisopo. Limpie las pinzas y cambiar los guantes entre cada extracción de la cabeza del hisopo para evitar la contaminación cruzada.
9. Añada 300 µl de tampón de lisis al pocillo n.º 1 de cada cartucho que vaya a utilizar (el pocillo n.º 1 es el más grande del cartucho).
10. Transfiera cada muestra de lisado de hisopo del tubo de incubación al pocillo n.º 1 de un cartucho separado y mezclarlo con el tampón de lisis y la solución de unión en el pocillo n.º 1 aspirando y dispensando de 5 a 10 veces después de la transferencia para conseguir una mezcla homogénea (el pocillo n.º 1 es el más grande del cartucho). Cambie las puntas de las pipetas entre cada transferencia de muestras para evitar la contaminación cruzada de las mismas.

Nota: Si no se consigue una mezcla homogénea de lisado de muestra, tampón de lisis y solución de unión en el pocillo n.º 1, el rendimiento y la pureza del eluido final pueden verse reducidos.

5.G. Preparación del Maxwell® CSC Genomic DNA Cartridge

1. Cambie de guantes antes de manipular los cartuchos, los CSC/RSC Plungers y los tubos de elución (0,5 ml). Los cartuchos se colocan en las bandejas de plataforma fuera del instrumento antes de transferir las bandejas de plataforma que contienen los cartuchos y las muestras al instrumento para la purificación. Coloque cada cartucho en las bandejas de plataforma con el pocillo n.º 1 (el pocillo de mayor tamaño del cartucho) lo más lejos posible de los tubos de elución (figura 2). Presione hacia abajo el cartucho para encajarlo en su sitio. Asegúrese de que los dos extremos del cartucho estén totalmente asentados en la bandeja de plataforma. Tire cuidadosamente del sistema de sellado para retirarlo por completo de la parte superior del cartucho. Asegúrese de haber eliminado toda la cinta de sellado y el adhesivo residual del cartucho.



Precaución: Maneje los cartuchos con cuidado. Los bordes del sistema de sellado podrían estar afilados.

2. Añada 15 µl de solución de RNasa A en el pocillo n.º 3 del Maxwell® CSC Cartridge (CSCQ).
3. Coloque un émbolo en el pocillo n.º 8 de cada cartucho.
4. Coloque un tubo de elución vacío en la posición de tubo de elución de cada cartucho en las bandejas de plataforma.

Nota: Utilice únicamente los tubos de elución suministrados en el Maxwell® CSC Genomic DNA Kit. Otros tubos de elución pueden ser incompatibles con los Maxwell® CSC Instruments y afectar al rendimiento de la purificación del ADN.

5. Añada 50–200 µl de tampón de elución en el fondo de cada tubo de elución.

Nota: Utilice únicamente el tampón de elución suministrado en el Maxwell® CSC Genomic DNA Kit. El empleo de otros tampones de elución puede afectar al rendimiento de purificación del ADN.

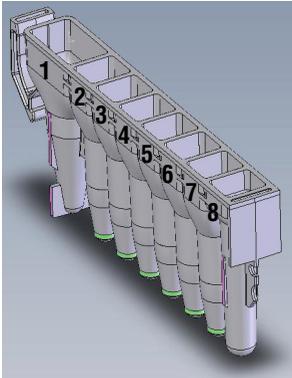
6. Continúe en la sección 6, Ejecución del Maxwell® Instrument.

5.G. Preparación del Maxwell® CSC Genomic DNA Cartridge (continuación)

Notas sobre la preparación del Maxwell® CSC Genomic DNA Cartridge:



Los derramamientos de muestras o reactivos en cualquier parte de la bandeja de plataforma deberán limpiarse con una solución de agua y detergente y, posteriormente, con un spray o paño bactericida seguidos por agua. No utilice lejía en ninguna parte del instrumento.



Adiciones del usuario a los pocillos

1. Muestra lisada
3. 15 µl de solución de RNasa A
8. Émbolo CSC/RSC

Figura 1. Maxwell® CSC Cartridge. La muestra lisada se añade al pocillo n.º 1, se añaden 15 µl de solución de RNasa A al pocillo n.º 3 y se añade un émbolo al pocillo n.º 8.



Figura 2. Preparación y configuración de las bandejas de plataforma. Se añade tampón de elución a los tubos de elución de la manera indicada. La bandeja de plataforma se muestra desde el Maxwell® CSC Instrument (Cat.# AS6000).

6. Ejecución del Maxwell® Instrument

Para obtener información detallada, consulte el manual técnico específico de su Maxwell® CSC Instrument. Consulte la tabla 1.

1. Encienda el Maxwell® Instrument y el Tablet PC. Regístrese en el Tablet PC e inicie el software del Maxwell® en modo IVD tocando dos veces el ícono del escritorio. El instrumento realizará las autocomprobaciones y colocará todas las piezas en la posición de inicio.
2. Seleccione **Iniciar** en la pantalla “Inicio”.
3. Escanee o introduzca el código de barras que figura en la esquina superior derecha de la etiqueta del Maxwell® CSC Genomic DNA Kit y pulse **Aceptar** para seleccionar automáticamente el método para ejecutar (figura 3).

Nota: Se requiere el código de barras del método del Maxwell® CSC Genomic DNA Kit para la purificación de ADN en los Maxwell® CSC Instruments. La etiqueta del kit contiene dos códigos de barras. El código de barras del método se indica en la figura 3. Si no puede escanearse el código de barras, póngase en contacto con Promega Technical Services.



Figura 3. Etiqueta del kit que indica el código de barras que debe escanearse. El código de barras que debe escanearse para iniciar una purificación se muestra en el cuadro rojo, en la esquina superior derecha de la etiqueta del kit.

4. En la pantalla “Configuración de cartucho”, confirme que el método Maxwell® CSC Genomic DNA aparezca en la parte superior de la pantalla. Toque las posiciones de cartuchos para seleccionar cualquier posición que se utilizará para esta extracción o para anular su selección. Introduzca cualquier información de seguimiento de muestras necesaria y pulse el botón **Continuar** para seguir.

Nota: Al usar el Maxwell® CSC 48 Instrument, presione el botón **Parte frontal** o **Parte trasera** para seleccionar las posiciones de los cartuchos en la bandeja de plataforma adecuada o anular su selección.

6. Ejecución del Maxwell® Instrument (continuación)

- Una vez abierta la puerta, confirme que se hayan realizado todos los elementos de la lista de comprobación de extracción. Verifique que las muestras se hayan añadido al pocillo n.º 1 de los cartuchos, que los cartuchos estén cargados en el instrumento, que los tubos de elución sin tapar estén presentes con el tampón de elución y que los émbolos estén en el pocillo n.º 8. Transfiera las bandejas de plataforma que contengan los cartuchos preparados a la plataforma del Maxwell® Instrument.

Introducción de las bandejas de plataforma Maxwell®: Sostenga la bandeja de plataforma por los laterales para evitar que los cartuchos se salgan de esta. Asegúrese de que la bandeja de plataforma esté colocada en el Maxwell® Instrument con los tubos de elución próximos a la puerta. Dirija la parte posterior de la bandeja de plataforma hacia abajo y colóquela en el instrumento de modo que esta toque la parte posterior de la plataforma del instrumento. Presione hacia abajo en la parte delantera de la bandeja de plataforma para asentar firmemente la bandeja de plataforma en la plataforma del instrumento. Si tiene dificultades para encajar la bandeja en la plataforma, compruebe que esta se encuentre en la orientación correcta. Asegúrese de que la bandeja de plataforma esté nivelada en la plataforma del instrumento y completamente asentada.

Nota: Compruebe el identificador de las bandejas de plataforma Maxwell® de 24 posiciones para determinar si deben colocarse en la parte frontal o trasera del instrumento.

- Toque el botón **Iniciar** para comenzar la extracción. La plataforma se retraerá y se cerrará la puerta.



Advertencia: Peligro de aprisionamiento.

Nota: Al usar un Maxwell® Instrument de 48 posiciones y si se ha activado el sistema de visión, las bandejas de plataforma se escanearán mientras se retrae la plataforma. Cualquier error en la configuración de las bandejas de plataforma (por ejemplo, los émbolos no están en el pocillo n.º 8 o los tubos de elución no están presentes y abiertos) provocará que el software vuelva a la pantalla “Configuración de cartucho” y las posiciones con problemas se marcarán con un signo de exclamación en un círculo rojo. Toque el signo de exclamación para ver una descripción del error y resolver todos los estados de error. Vuelva a tocar el botón **Iniciar** para repetir el escaneo de las bandejas de plataforma y comenzar la ejecución de extracción.

- El Maxwell® Instrument iniciará de forma inmediata la purificación. La pantalla mostrará los pasos realizados y el tiempo aproximado restante de ejecución.

Notas:

- Al tocar el botón **Cancelar**, se abandonará la ejecución. Se perderán todas las muestras de una ejecución cancelada.
 - Si se cancela la ejecución antes de que finalice, puede que se le pida que compruebe si sigue habiendo émbolos cargados en la barra de émbolo. Si hay émbolos presentes en la barra de émbolo, debe ejecutar **Limpiar** cuando se le pida. Si no hay émbolos presentes en la barra de émbolo, puede elegir omitir **Limpiar** cuando se le pida. Se perderán las muestras.
- Cuando haya terminado la ejecución, la interfaz de usuario mostrará un mensaje de que el método ha finalizado.

Fin de la ejecución

9. Para abrir la puerta, siga las instrucciones en pantalla que aparecen al final del método. Verifique que los émbolos se encuentren en el pocillo n.º 8 del cartucho al final de la ejecución. Si no se han retirado los émbolos de la barra de émbolo, siga las instrucciones del manual técnico de su Maxwell® Instrument (consulte la tabla 1) para ejecutar el proceso **Limpiar** para intentar descargar los émbolos.

10. Retire las bandejas de plataforma del instrumento inmediatamente después de la ejecución para evitar que se evaporen los eluados. Retire los tubos de elución que contengan ADN y tape los tubos.

Nota: Tras el procedimiento de purificación automatizada, las bandejas de plataforma estarán calientes. Para extraer una bandeja de plataforma del instrumento, sujétela por los laterales.

Asegúrese de que las muestras se retiren del instrumento antes de ejecutar un protocolo de desinfección por UV para evitar daños al ácido nucleico.

11. Retire los cartuchos y los émbolos de las bandejas de plataforma Maxwell®. Deséchelos como residuos peligrosos siguiendo los procedimientos institucionales. No reutilice Maxwell® CSC Cartridges, los émbolos CSC/RSC ni los tubos de elución.



7. Después de la purificación

Compruebe que el rendimiento y la pureza de la muestra de ADN purificado cumplen los requisitos para el análisis de diagnóstico posterior adecuado antes de usarla en estos análisis.

8. Evaluación del rendimiento analítico

La evaluación del rendimiento analítico se realizó con muestras humanas con el Maxwell® CSC Genomic DNA Kit y los Maxwell® CSC Instruments.

8.A. Rendimiento del ADN

El rendimiento del ADN se evaluó mediante ADN purificado con el Maxwell® CSC Genomic DNA Kit a partir de sangre total fresca y congelada recogida en tubos con EDTA; sangre total congelada recogida en tubos con citrato y heparina; muestras de capas leucocitaria frescas y congeladas generadas a partir de sangre total recogida en tubos con EDTA; muestras de capas leucocitaria congeladas generadas a partir de sangre total recogida en tubos de citrato y heparina; uno y dos hisopos bucales preprocesados con una columna de limpieza; tejidos de corazón, páncreas y cerebro; células de cultivos de tejidos; y aspirados de médula ósea congelados recogidos en tubos de EDTA, citrato y heparina.

Los gráficos y la tabla de esta sección representan el rendimiento de absorbancia de cada réplica que se purificó para cada tipo de muestra. Cada punto en los gráficos representa una medición individual a la izquierda, mientras que la media con desviación estándar está a la derecha. Cada kit de datos incluye un total de 12 réplicas, cuatro réplicas purificadas con Maxwell® CSC Instrument y ocho réplicas purificadas con el Maxwell® CSC 48 Instrument.

Las tablas que se encuentran debajo de las leyendas de las figuras describen la información de las muestras para cada kit de muestras que se muestran en los gráficos asociados.

8.A. Rendimiento de ADN (continuación)

Sangre completa

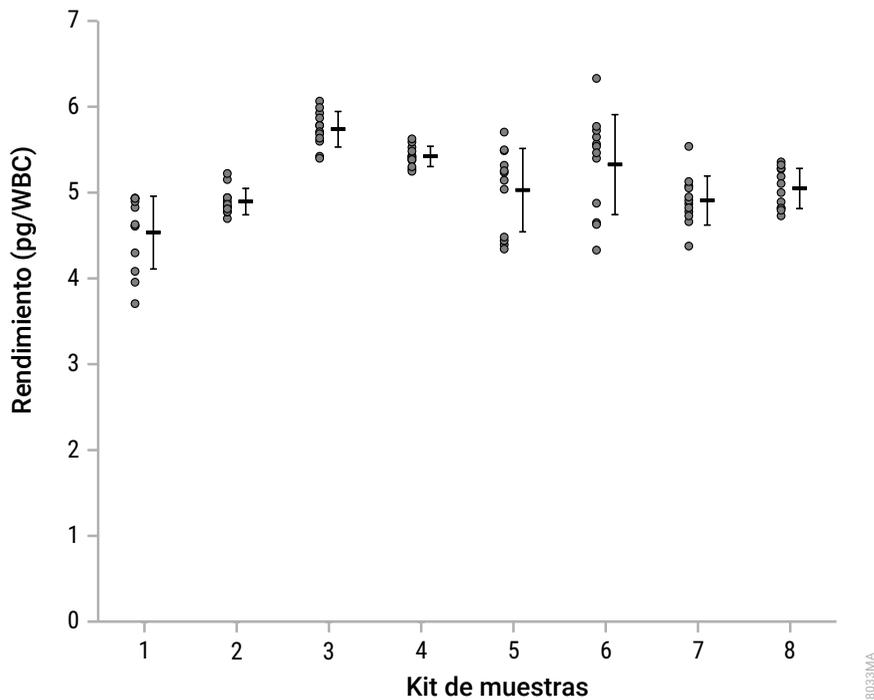


Figura 4. Rendimiento del ADN de la sangre completa. Para 300 μ l de muestras de sangre entera fresca y congelada recogidas en tubos de EDTA y muestras de sangre entera congelada recogidas en tubos de citrato y heparina, los rendimientos medios de ADN estuvieron en el rango de 4,5–5,7 pg/WBC.

Kit de muestras	Anticoagulante	Almacenamiento	Volumen de entrada (μ l)	Volumen de elución (μ l)
1	EDTA	Congelado	300	50
2	EDTA	Congelado	300	200
3	EDTA	Fresco	300	50
4	EDTA	Fresco	300	200
5	Citrato	Congelado	300	50
6	Citrato	Congelado	300	200
7	Heparina	Congelado	300	50
8	Heparina	Congelado	300	200

Capa leucocitaria

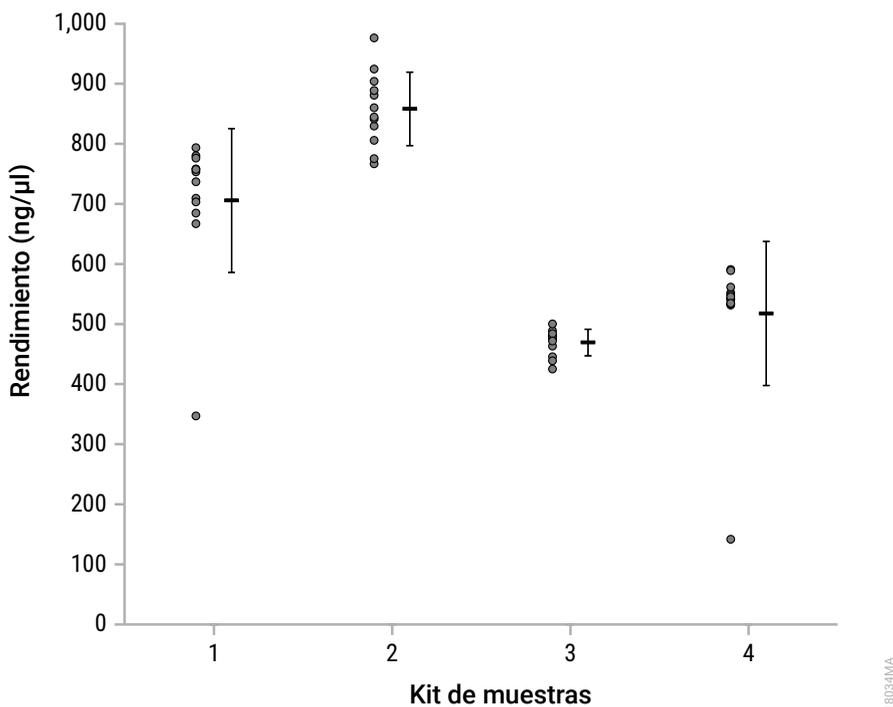


Figura 5. Rendimiento del ADN de la capa leucocitaria. Con un volumen de entrada de muestra de 300 μl y un volumen de elución de 200 μl para las muestras de capas leucocitaria frescas y congeladas generadas a partir de sangre total recogida en tubos con EDTA y las muestras de capas leucocitarias congeladas generadas a partir de sangre total recogida en tubos con citrato y heparina, las concentraciones medias de ADN se situaron en el rango de 469,3–858,2 ng/μl.

Kit de muestras	Anticoagulante	Almacenamiento	Volumen de entrada (μl)	Volumen de elución (μl)
1	EDTA	Congelado	300	200
2	EDTA	Fresco	300	200
3	Citrato	Congelado	300	200
4	Heparina	Congelado	300	200

8.A. Rendimiento de ADN (continuación)

Hisopo bucal

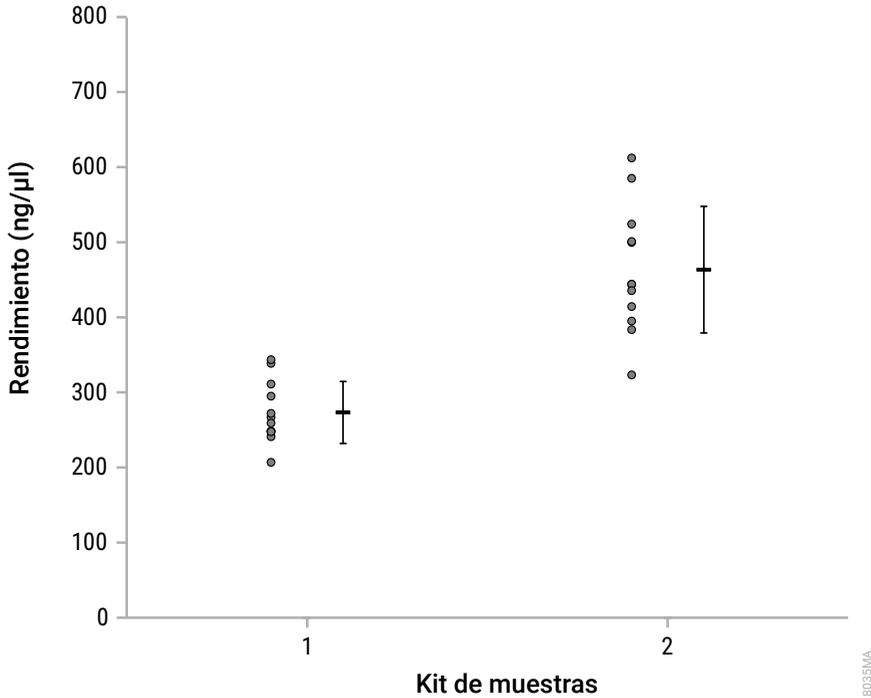


Figura 6. Rendimiento de ADN de los hisopos bucales. Para uno y dos hisopos bucales de entrada preprocesados con una columna de limpieza, las concentraciones medias de ADN estaban en el rango de 273,2–463,5 ng/μl. El kit de muestras 1 se refiere a un hisopo y el conjunto de muestras 2 se refiere a dos hisopos. Se utilizó un volumen de elución de 50 μl para todas las muestras.

Tejido

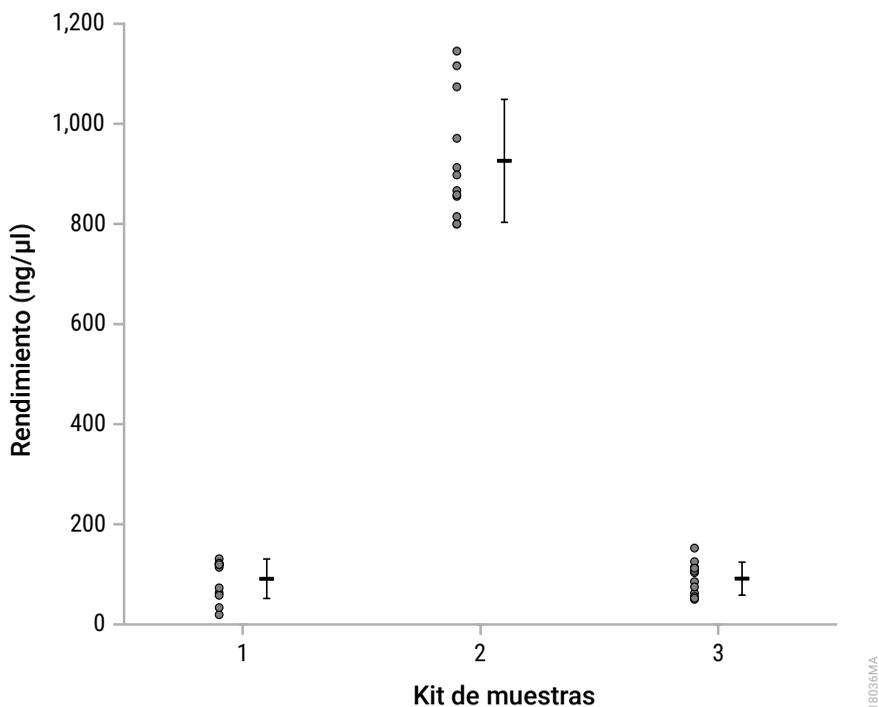


Figura 7. Rendimiento de ADN del tejido. Para los tejidos de corazón, páncreas y cerebro de 50 mg con un volumen de elución de 200 μ l, las concentraciones medias de ADN estaban en el rango de 91,2–926,0 ng/ μ l. El kit de muestras 1 se refiere al tejido del corazón, el conjunto de muestras 2 se refiere al tejido del páncreas y el conjunto de muestras 3 se refiere al tejido del cerebro.

8.A. Rendimiento de ADN (continuación)

Células

Para 5×10^6 células de cultivo de tejidos HEK293 con un volumen de elución de 200 μ l, la concentración media de ADN fue de 550,2 ng/ μ l.

Tipo de célula	Número de células de entrada	Volumen de elución	Concentración (ng/ μ l)
Células de cultivo de tejidos HEK293	5×10^6	200 μ l	523,4
			526,8
			536,1
			650,1
			481,6
			522,9
			530,4
			618,9
			546,5
			550,1
			569,9
545,4			
Promedio			550,2

Médula ósea

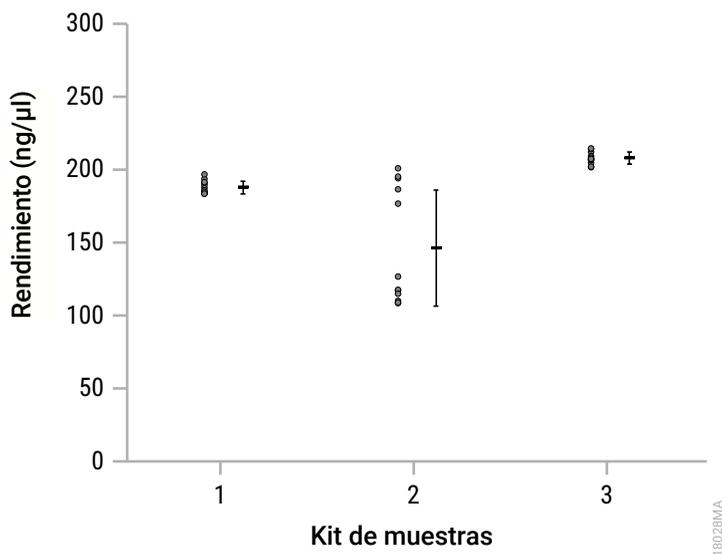


Figura 8. Rendimiento de ADN de médula ósea. Para 300 μl de aspirados de médula ósea congelados recogidos en tubos de EDTA, citrato y heparina y con un volumen de elución de 200 μl, las concentraciones medias de ADN estaban en el rango de 146,3–207,8 ng/μl. El kit de muestras 1 se refiere a los aspirados de médula ósea recogidos en tubos de EDTA, el conjunto de muestras 2 se refiere a los aspirados de médula ósea recogidos en tubos de citrato y el kit de muestras 3 se refiere a los aspirados de médula ósea recogidos en tubos de heparina.

8.B. Calidad del ADN (pureza)

La pureza del ADN se evaluó mediante ADN purificado con el Maxwell® CSC Genomic DNA Kit a partir de sangre total fresca y congelada recogida en tubos con EDTA; sangre total congelada recogida en tubos con citrato y heparina; muestras de capas leucocitaria frescas y congeladas generadas a partir de sangre total recogida en tubos con EDTA; muestras de capas leucocitaria congeladas generadas a partir de sangre total recogida en tubos de citrato y heparina; uno y dos hisopos bucales preprocesados con una columna de limpieza; tejidos de corazón, páncreas y cerebro; células de cultivos de tejidos; y aspirados de médula ósea congelados recogidos en tubos de EDTA, citrato y heparina.

Los gráficos y la tabla de esta sección representan los ratios de pureza A_{260}/A_{280} y A_{260}/A_{230} de cada réplica que se purificó para cada tipo de muestra. Cada punto en los gráficos representa una medición individual a la izquierda, mientras que la media con desviación estándar está a la derecha. Cada kit de datos incluye un total de 12 réplicas, cuatro réplicas purificadas con Maxwell® CSC Instrument y ocho réplicas purificadas con el Maxwell® CSC 48 Instrument.

Las tablas que se encuentran debajo de las leyendas de las figuras describen la información de las muestras para cada kit de muestras que se muestran en los gráficos asociados.

8.B. Calidad del ADN (pureza; continuación)

Sangre completa

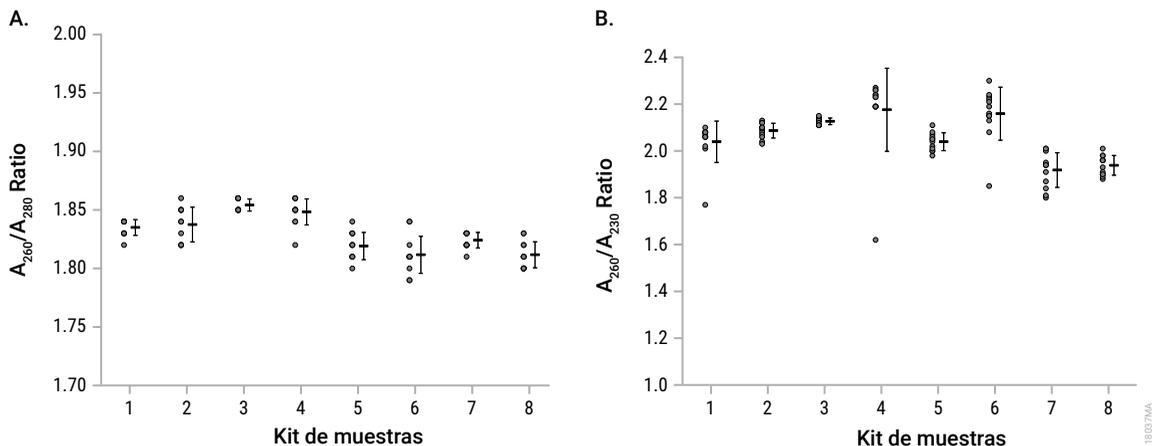


Figura 9. Calidad del ADN de la sangre completa. Para las muestras de sangre completa de 300 μ l frescas y congeladas recogidas en tubos con EDTA y las muestras de sangre completa congelada recogidas en tubos con citrato y heparina, las relaciones medias A_{260}/A_{280} estaban en el rango de 1,8–1,9 (**panel A**) y las relaciones medias A_{260}/A_{230} estaban en el rango de 1,9–2,2 (**panel B**).

Kit de muestras	Anticoagulante	Almacenamiento	Volumen de entrada (μ l)	Volumen de elución (μ l)
1	EDTA	Congelado	300	50
2	EDTA	Congelado	300	200
3	EDTA	Fresco	300	50
4	EDTA	Fresco	300	200
5	Citrato	Congelado	300	50
6	Citrato	Congelado	300	200
7	Heparina	Congelado	300	50
8	Heparina	Congelado	300	200

Capa leucocitaria

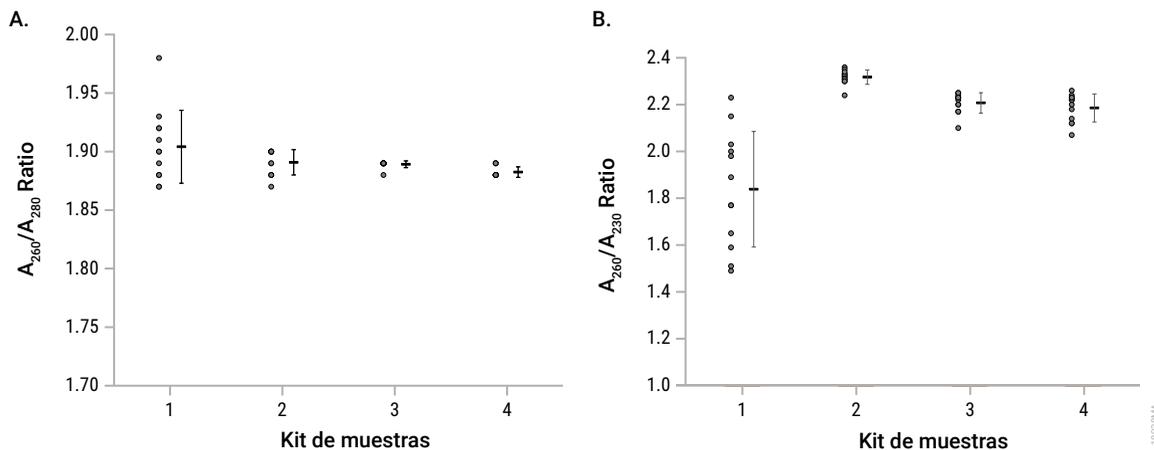


Figura 10. Calidad del ADN de la capa leucocitaria. Con un volumen de entrada de muestra de 300 μ l y un volumen de elución de 200 μ l para las muestras de capas leucocitaria frescas y congeladas generadas a partir de sangre total recogida en tubos con EDTA, y las muestras de capas leucocitarias congeladas generadas a partir de sangre total recogida en tubos con citrato y heparina, las relaciones medias A_{260}/A_{280} se situaron en torno a 1,9 (**panel A**) y las relaciones medias A_{260}/A_{230} se situaron en el rango de 1,8–2,3 (**panel B**).

Kit de muestras	Anticoagulante	Almacenamiento	Volumen de entrada (μ l)	Volumen de elución (μ l)
1	EDTA	Congelado	300	200
2	EDTA	Fresco	300	200
3	Citrato	Congelado	300	200
4	Heparina	Congelado	300	200

8.B. Calidad del ADN (pureza; continuación)

Hisopo bucal

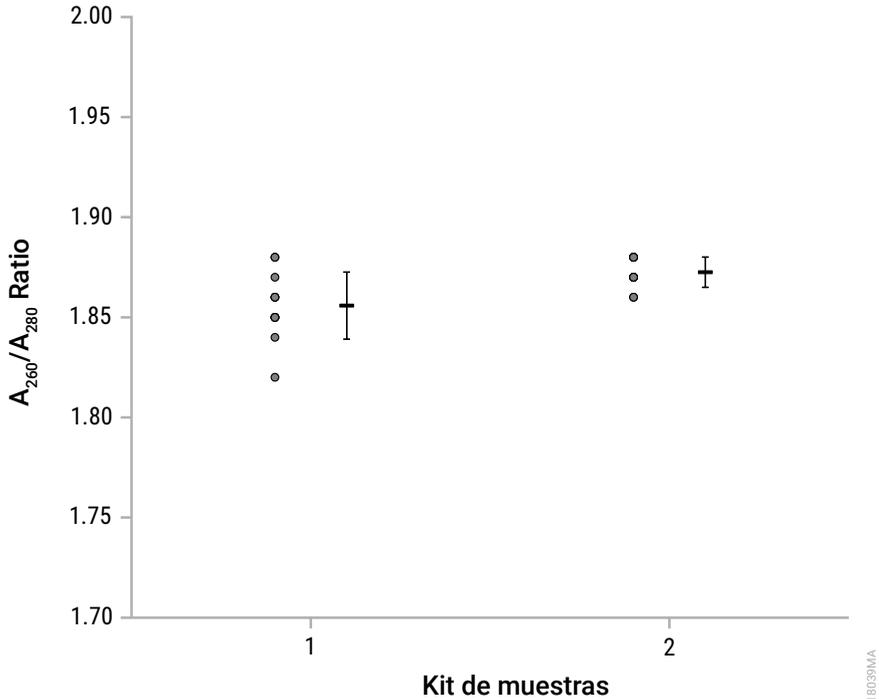


Figura 11. Calidad del ADN del hisopo bucal. Para uno y dos hisopos bucales de entrada preprocesados con una columna de limpieza y con un volumen de elución de 50 μ l, las relaciones medias A_{260}/A_{280} estaban en el rango de 1,8–1,9. En el gráfico, el conjunto de muestras 1 se refiere a un hisopo y el conjunto de muestras 2 a dos hisopos.

Tejido

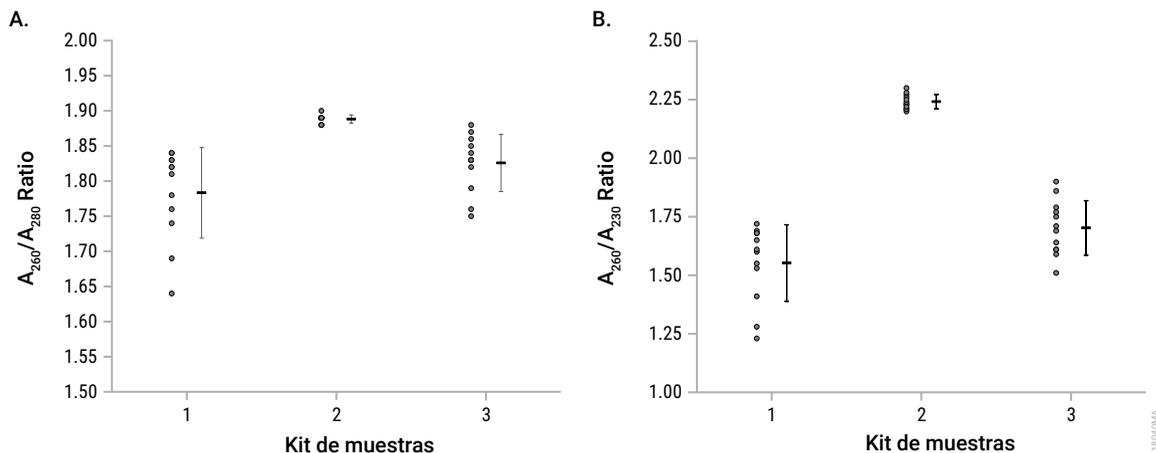


Figura 12. Calidad del ADN de los tejidos. Para 50 mg de tejidos de corazón, páncreas y cerebro con un volumen de elución de 200 μ l, las relaciones medias A_{260}/A_{280} estaban en el rango de 1,7–1,9 (**panel A**) y las relaciones medias A_{260}/A_{230} estaban en el rango de 1,5–2,3 (**panel B**). En el gráfico, el kit de muestras 1 se refiere al tejido cardíaco, el kit de muestras 2 al tejido del páncreas y el kit de muestras 3 al tejido cerebral.

8.B. Calidad del ADN (pureza; continuación)

Células

Para 5×10^6 células de cultivo de tejidos HEK293 con un volumen de elución de 200 μ l, la relación media A_{260}/A_{280} fue de 1,9 y la relación media A_{260}/A_{230} fue de 2,3.

Tipo de célula	Número de células de entrada	Volumen de elución	A_{260}/A_{280}	A_{260}/A_{230}
Células de cultivo de tejidos HEK293	5×10^6	200 μ l	1,9	2,3
			1,9	2,3
			1,9	2,3
			1,9	2,2
			1,9	2,3
			1,9	2,3
			1,9	2,3
			1,9	2,2
			1,9	2,3
			1,9	2,3
			1,9	2,3
			1,9	2,3
		Promedio	1,9	2,3

Médula ósea

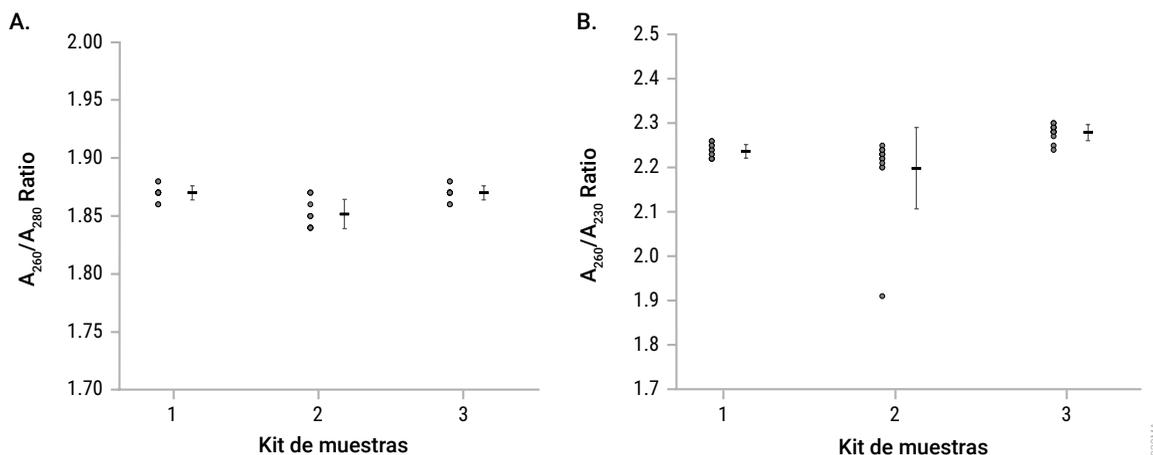


Figura 13. Calidad del ADN de la médula ósea. Para los aspirados de médula ósea de 300 μ l recogidos en tubos de EDTA, citrato y heparina y con un volumen de elución de 200 μ l, las relaciones medias A_{260}/A_{280} estaban en el rango de 1,8–1,9 (**panel A**) y las relaciones medias A_{260}/A_{230} estaban en el rango de 2,2–2,3 (**panel B**). En el gráfico, el conjunto de muestras 1 se refiere a los aspirados de médula ósea recogidos en tubos de EDTA, el kit de muestras 2 se refiere a los aspirados de médula ósea recogidos en tubos de citrato y el kit de muestras 3 se refiere a los aspirados de médula ósea recogidos en tubos de heparina.

8.C. Reproducibilidad

Para evaluar la precisión en la purificación del ADN dentro de cada ciclo de extracción, se purificó el ADN de ocho réplicas de 300 µl de una sola muestra de sangre total humana durante tres ciclos del instrumento 1 y cuatro réplicas de 300 µl de una sola muestra de sangre total humana durante tres ciclos del instrumento 2. El rendimiento de ADN se cuantificó por absorbencia y el coeficiente de variación (porcentaje CV) se calculó para cada una de las tres ejecuciones de cada instrumento. El rendimiento de ADN con el Maxwell® CSC Genomic DNA Kit fue reproducible dentro de cada corrida, con CV porcentuales intracorrientes en el rango de 6–9 % para el Instrumento 1 y CV porcentuales intracorrientes en el rango de 5–12 % para el Instrumento 2.

Para determinar la precisión en la purificación del ADN entre las ejecuciones de extracción, se purificó el ADN de ocho réplicas de 300 µl de una sola muestra de sangre total humana durante tres ejecuciones con el Instrumento 1 y cuatro réplicas de 300 µl de una sola muestra de sangre total humana durante tres ejecuciones con el Instrumento 2. El rendimiento de ADN se cuantificó por absorbencia y el coeficiente de variación (porcentaje CV) se calculó para todas las muestras de las tres corridas para cada instrumento. El rendimiento de ADN con el Maxwell® CSC Genomic DNA Kit fue reproducible en todas las series, con un CV del 7 % entre series para el instrumento 1 y un CV del 8 % entre series para el instrumento 2.

Instrumento	Ejecución n.º	Porcentaje de CV dentro de la ejecución	Porcentaje de CV entre series
1	1 (n = 8)	9 %	7 %
	2 (n = 8)	7 %	
	3 (n = 8)	6 %	
2	1 (n = 4)	12 %	8 %
	2 (n = 4)	7 %	
	3 (n = 4)	5 %	

8.D. Amplificabilidad

La compatibilidad con la amplificación posterior se evaluó mediante ADN purificado a partir de sangre entera fresca y congelada recogida en tubos de EDTA, sangre entera congelada recogida en tubos de citrato y heparina, muestras de capas leucocitarias frescas y congeladas generadas a partir de sangre entera recogida en tubos de EDTA, muestras de capas leucocitaria congeladas generadas a partir de sangre entera recogida en tubos de citrato y heparina, 1 y 2 hisopos bucales con y sin preprocesamiento con una columna de limpieza, tejido cardíaco, pancreático y cerebral, células de cultivo de tejidos, líquido amniótico, orina y PBMC, y aspirados de médula ósea congelados recogidos en tubos de EDTA, citrato y heparina con Maxwell[®] CSC Genomic DNA Kit.

Las purificaciones de ADN se realizaron para cada tipo de muestra con las cantidades de entrada de muestra más altas y más bajas y los volúmenes de elución para cada tipo de muestra. Las células de cultivo de tejidos y las PBMC también incluyeron una serie de dilución del número de células.

El ADN resultante de todas las muestras se cuantificó por absorbancia, se diluyó hasta una concentración dentro de la curva estándar de qPCR y luego se amplificó con un ensayo de qPCR utilizando la diana de 300 pb. Se informa del valor C_q de cada muestra de ADN purificado y del valor C_q medio de tres réplicas del estándar de ADN genómico humano de 0,0032 ng/ μ l suministrado con el ensayo de qPCR.

Los gráficos de esta sección representan los valores C_q de cada réplica que se purificó para cada tipo de muestra. Cada punto en los gráficos representa una medición individual a la izquierda, mientras que la media con desviación estándar está a la derecha. Cada kit de datos incluye un total de 12 réplicas, cuatro réplicas purificadas con Maxwell[®] CSC Instrument y ocho réplicas purificadas con el Maxwell[®] CSC 48 Instrument.

Las tablas que se encuentran debajo de las leyendas de las figuras describen la información de las muestras para cada kit de muestras que se muestran en los gráficos asociados.

8.D. Amplificabilidad (continuación)

Sangre completa

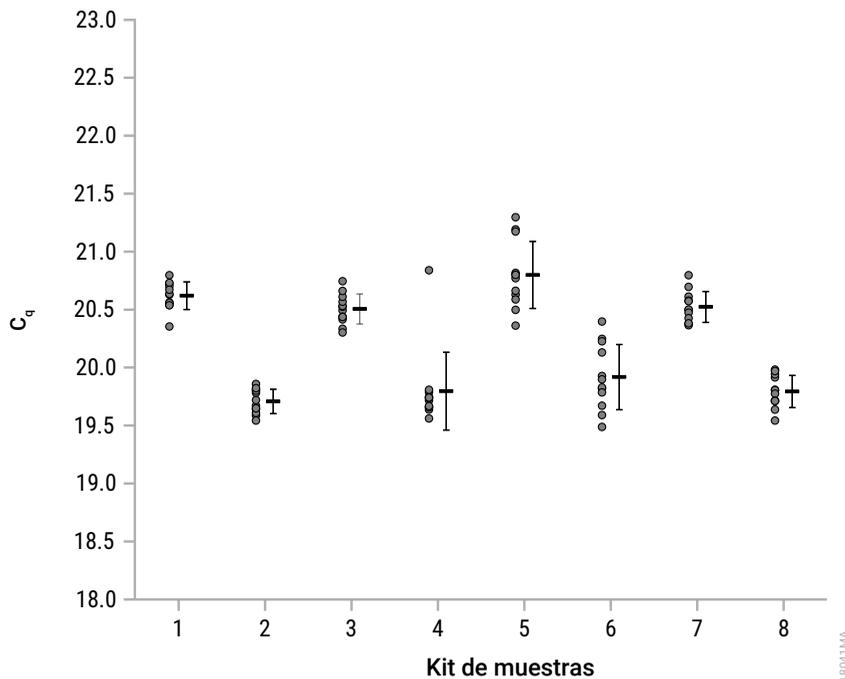


Figura 14. Amplificación del ADN de la sangre total. Para las muestras de sangre entera fresca y congelada recogidas en tubos EDTA, los valores de C_t oscilaron entre 19,54–20,80 ciclos y todos fueron muy inferiores al valor medio de C_t para el estándar de ADN de 0,0032 ng/µl (33,11 ciclos). En el caso de las muestras de sangre total congelada recogidas en tubos de citrato y heparina, los valores de C_t oscilaron entre 19,49–21,30 ciclos y todos fueron muy inferiores al valor medio de C_t para el estándar de ADN de 0,0032 ng/µl (32,88 ciclos).

Kit de muestras	Anticoagulante	Almacenamiento	Volumen de entrada (µl)	Volumen de elución (µl)
1	EDTA	Congelado	50	50
2	EDTA	Congelado	300	200
3	EDTA	Fresco	50	50
4	EDTA	Fresco	300	200
5	Citrato	Congelado	50	50
6	Citrato	Congelado	300	200
7	Heparina	Congelado	50	50
8	Heparina	Congelado	300	200

Capa leucocitaria

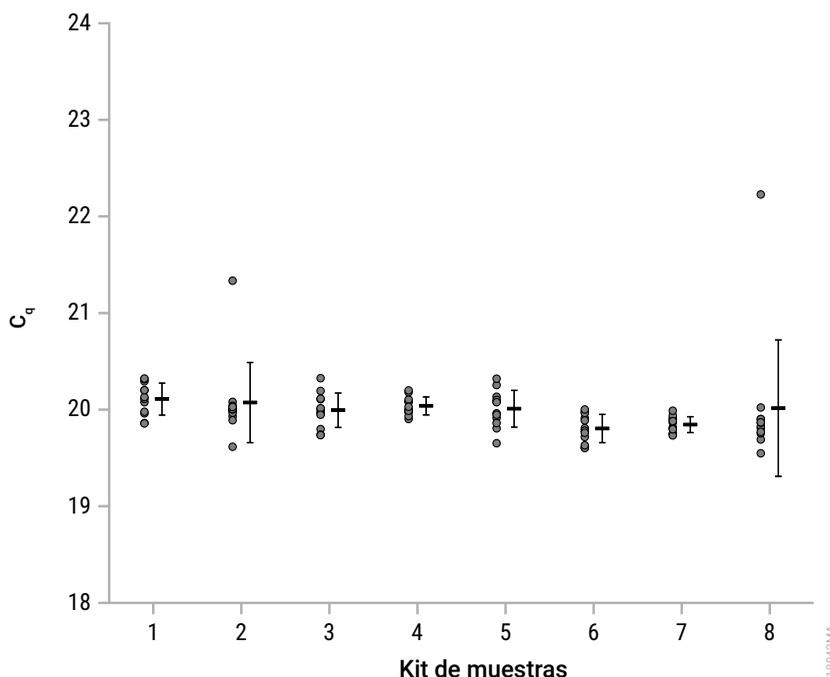


Figura 15. Amplificación de ADN de capa leucocitaria. En el caso de las muestras de capas leucocitarias frescas y congeladas generadas a partir de sangre total recogida en tubos con EDTA, los valores de C_q oscilaron entre 19,62–21,34 ciclos y todos fueron muy inferiores al valor medio de C_q para el estándar de ADN de 0,0032 ng/ μ l (33,09 ciclos). En el caso de las muestras de capas leucocitaria congeladas generadas a partir de sangre total recogida en tubos de citrato y heparina, los valores de C_q oscilaron entre 19,55–22,23 ciclos y todos ellos fueron muy inferiores al valor medio de C_q para el estándar de ADN de 0,0032 ng/ μ l (32,86 ciclos).

Kit de muestras	Anticoagulante	Almacenamiento	Volumen de entrada (μ l)	Volumen de elución (μ l)
1	EDTA	Congelado	50	50
2	EDTA	Congelado	300	200
3	EDTA	Fresco	50	50
4	EDTA	Fresco	300	200
5	Citrato	Congelado	50	50
6	Citrato	Congelado	300	200
7	Heparina	Congelado	50	50
8	Heparina	Congelado	300	200

8.D. Amplificabilidad (continuación)

Hisopo bucal

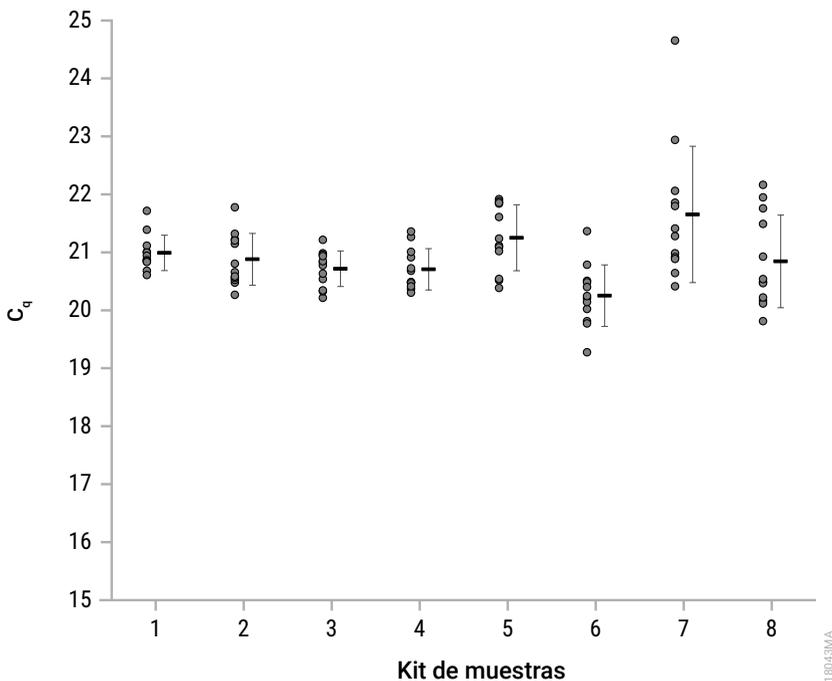


Figura 16. Amplificación del ADN del hisopo bucal. Para uno y dos hisopos bucales de entrada preprocesados con una columna de limpieza, el C_q osciló entre 20,22–21,78 ciclos y todos estuvieron muy por debajo del valor C_q medio para el estándar de ADN de 0,0032 ng/μl (32,45 ciclos). Para los hisopos bucales de una y dos entradas preprocesados sin columna de limpieza, los valores de C_q oscilaron entre 19,28–24,65 ciclos y todos fueron muy inferiores al valor medio de C_q para el estándar de ADN de 0,0032 ng/μl (32,54 ciclos).

Kit de muestras	Número de hisopos	Preprocesamiento	Volumen de elución (μl)
1	1 hisopo	Con columna de limpieza	50
2	1 hisopo	Con columna de limpieza	200
3	2 hisopos	Con columna de limpieza	50
4	2 hisopos	Con columna de limpieza	200
5	1 hisopo	Sin columna de limpieza	50
6	1 hisopo	Sin columna de limpieza	200
7	2 hisopos	Sin columna de limpieza	50
8	2 hisopos	Sin columna de limpieza	200

Tejido

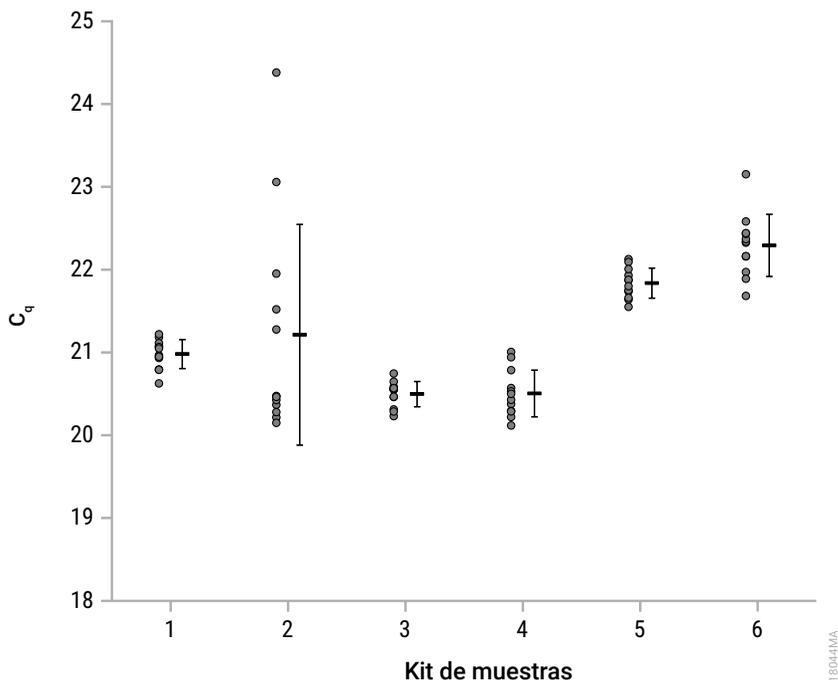


Figura 17. Amplificación de ADN de tejidos. En los tejidos del corazón y del páncreas, los valores C_q oscilaron entre 20,12–24,38 ciclos y todos ellos fueron muy inferiores al valor C_q medio del estándar de ADN de 0,0032 ng/ μ l (32,98 ciclos). En el caso del tejido cerebral, los valores C_q oscilaron entre 21,55–23,15 ciclos y todos fueron muy inferiores al valor C_q medio del estándar de ADN de 0,0032 ng/ μ l (33,68 ciclos).

Kit de muestras	Tipo de tejido	Cantidad de entrada (mg)	Volumen de elución (μ l)
1	Corazón	5	50
2	Corazón	50	200
3	Páncreas	5	50
4	Páncreas	50	200
5	Cerebro	5	50
6	Cerebro	50	200

8.D. Amplificabilidad (continuación)

Células

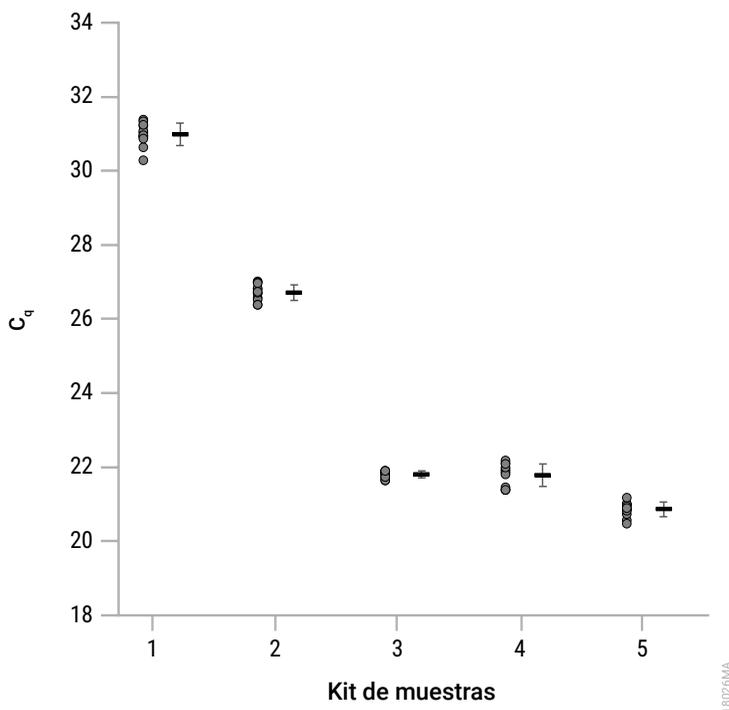


Figura 18. Amplificación del ADN de células de cultivo de tejidos. Para la serie de diluciones de células de cultivo de tejidos HEK293, los valores de C_q oscilaron entre 20,48–31,38 ciclos y todos fueron inferiores al valor medio de C_q para el estándar de ADN de 0,0032 ng/ μ l (33,04 ciclos).

Kit de muestras	Tipo de célula	Número de célula	Volumen de elución (μ l)
1	Células de cultivo de tejidos HEK293	5×10^2	50
2	Células de cultivo de tejidos HEK293	5×10^3	50
3	Células de cultivo de tejidos HEK293	5×10^4	50
4	Células de cultivo de tejidos HEK293	5×10^5	200
5	Células de cultivo de tejidos HEK293	5×10^6	200

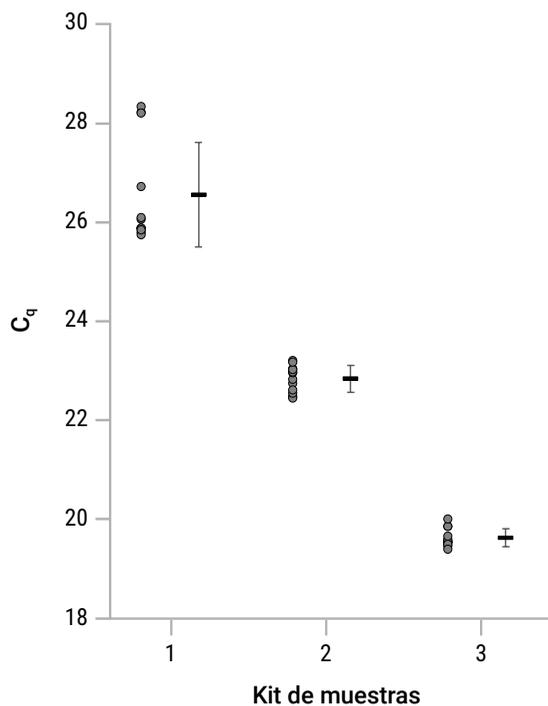


Figura 19. Amplificación del ADN de PBMC. Para la serie de diluciones de PBMC, los valores de C_q oscilaron entre 19,40–28,33 ciclos y todos fueron inferiores al valor medio de C_q para el estándar de ADN de 0,0032 ng/ μ l (32,80 ciclos).

Kit de muestras	Tipo de célula	Número de célula	Volumen de elución (μ l)
1	PBMC	5×10^4	50
2	PBMC	5×10^5	100
3	PBMC	5×10^6	200

8.D. Amplificabilidad (continuación)

Células (continuación)

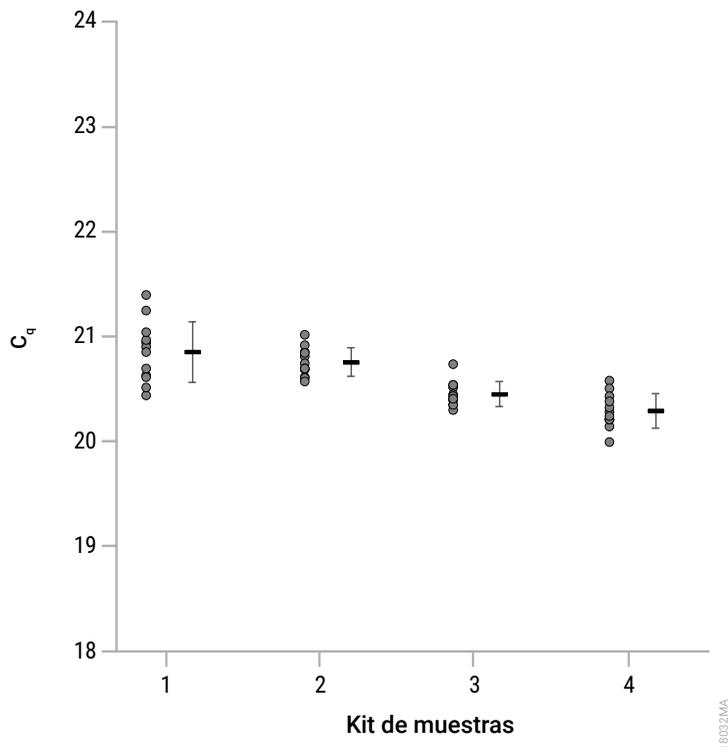


Figura 20. Amplificación del ADN en orina y líquido amniótico. En el caso de las células obtenidas de muestras de orina y líquido amniótico, los valores de C_q oscilaron entre 20,00–21,40 ciclos y todos fueron muy inferiores al valor medio de C_q para el estándar de ADN de 0,0032 ng/ μ l (32,71 ciclos).

Kit de muestras	Tipo de célula	Volumen de entrada (ml)	Volumen de elución (μ l)
1	Orina	15	50
2	Orina	50	50
3	Líquido amniótico	1	50
4	Líquido amniótico	5	50

Médula ósea

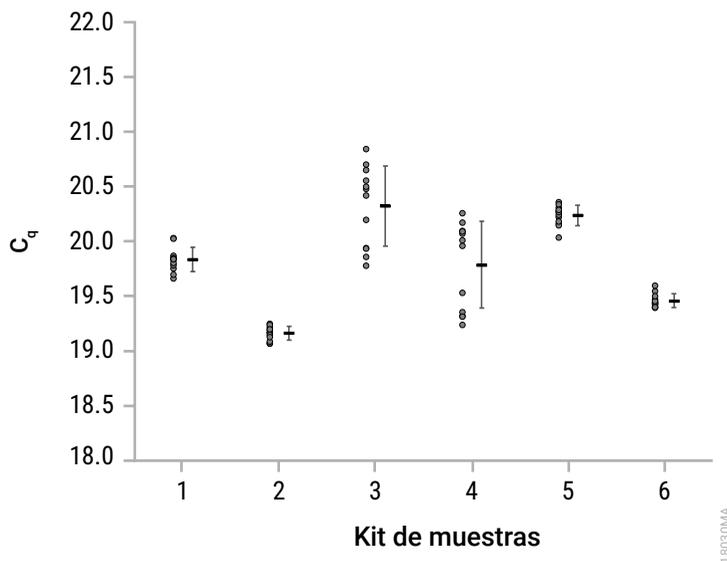


Figura 21. Amplificación del ADN de la médula ósea. Para los aspirados de médula ósea congelados recogidos en tubos de EDTA y citrato, los valores de C_q oscilaron entre 19,07–20,84 ciclos y todos fueron muy inferiores al valor medio de C_q para el estándar de ADN de 0,0032 ng/µl (32,42 ciclos). En el caso de los aspirados de médula ósea recogidos en tubos de heparina, los valores de C_q oscilaron entre 19,40–20,36 ciclos y todos fueron muy inferiores al valor medio de C_q para el estándar de ADN de 0,0032 ng/µl (32,82 ciclos).

Kit de muestras	Anticoagulante	Volumen de entrada (µl)	Volumen de elución (µl)
1	EDTA	50	50
2	EDTA	300	200
3	Citrato	50	50
4	Citrato	300	200
5	Heparina	50	50
6	Heparina	300	200

8.E. Inhibición (sustancias interferentes)

La inhibición de la amplificación se evaluó mediante ADN purificado a partir de sangre entera fresca y congelada recogida en tubos de EDTA, sangre entera congelada recogida en tubos de citrato y heparina, muestras de capas leucocitaria frescas y congeladas generadas a partir de sangre entera recogida en tubos de EDTA, muestras de capas leucocitaria congeladas generadas a partir de sangre entera recogida en tubos de citrato y heparina, uno y dos hisopos bucales con y sin preprocesamiento con una columna de limpieza, tejidos de corazón, páncreas y cerebro, células de cultivo de tejidos, líquido amniótico, orina y PBMC, y aspirados de médula ósea congelados recogidos en tubos de EDTA, citrato y heparina con el Maxwell[®] CSC Genomic DNA Kit.

Se realizaron purificaciones de ADN para cada tipo de muestra. Para este análisis se evaluaron las cantidades de entrada de la muestra y los volúmenes de elución en los que se necesitaría la menor cantidad de dilución para las muestras que se utilizarían en la qPCR.

El ADN se cuantificó y se diluyó hasta una concentración dentro de la curva estándar de la qPCR y a continuación se diluyó una alícuota de cada ADN ocho veces más. Las diluciones iniciales de ADN y las diluciones octogonales se amplificaron mediante un ensayo de qPCR. Se informa de la diferencia en los valores C_q ($|\Delta C_q|$) para la secuencia objetivo de 300 bp. Un $|\Delta C_q|$ de 3 ± 1 ciclos corresponde a la no inhibición de la amplificación del ADN debido a las sustancias endógenas y exógenas que pueden estar presentes en las muestras.

Los gráficos de esta sección representan el $|\Delta C_q|$ de cada réplica que se purificó para cada tipo de muestra. Cada punto en los gráficos representa una medición individual a la izquierda, mientras que la media con desviación estándar está a la derecha. Cada kit de datos incluye un total de 12 réplicas, cuatro réplicas purificadas con Maxwell[®] CSC Instrument y ocho réplicas purificadas con el Maxwell[®] CSC 48 Instrument.

Las tablas que se encuentran debajo de las leyendas de las figuras describen la información de las muestras para cada kit de muestras que se muestran en los gráficos asociados.

Sangre completa

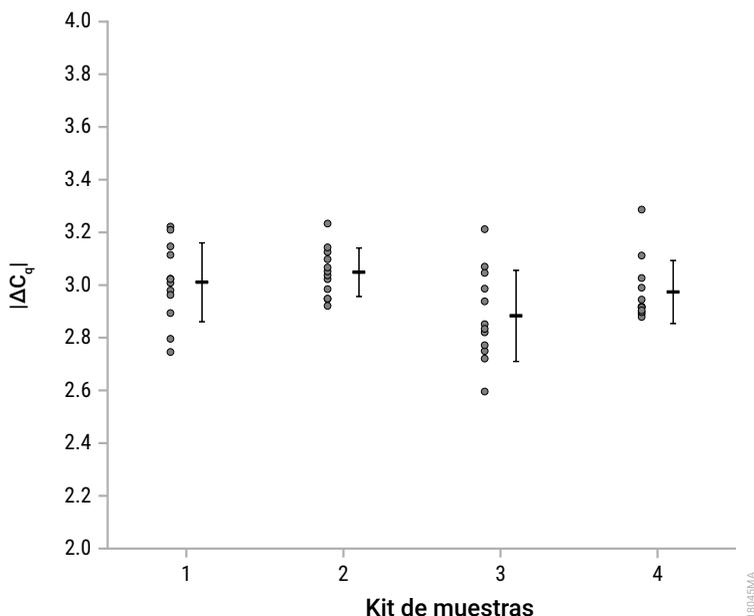


Figura 22. Prueba de inhibición en la amplificación de ADN de sangre total. Para las muestras de sangre entera fresca y congelada recogidas en tubos de EDTA, los valores de $|\Delta C_q|$ oscilaron entre un mínimo de 2,75 ciclos y un máximo de 3,23 ciclos. Para las muestras de sangre entera congelada recogidas en tubos de citrato y heparina, los valores de $|\Delta C_q|$ oscilaron entre un mínimo de 2,60 ciclos y un máximo de 3,29 ciclos.

Kit de muestras	Anticoagulante	Almacenamiento	Volumen de entrada (μl)	Volumen de elución (μl)
1	EDTA	Congelado	50	50
2	EDTA	Fresco	50	50
3	Citrato	Congelado	50	50
4	Heparina	Congelado	50	50

8.E. Inhibición (sustancias interferentes; continuación)

Capa leucocitaria

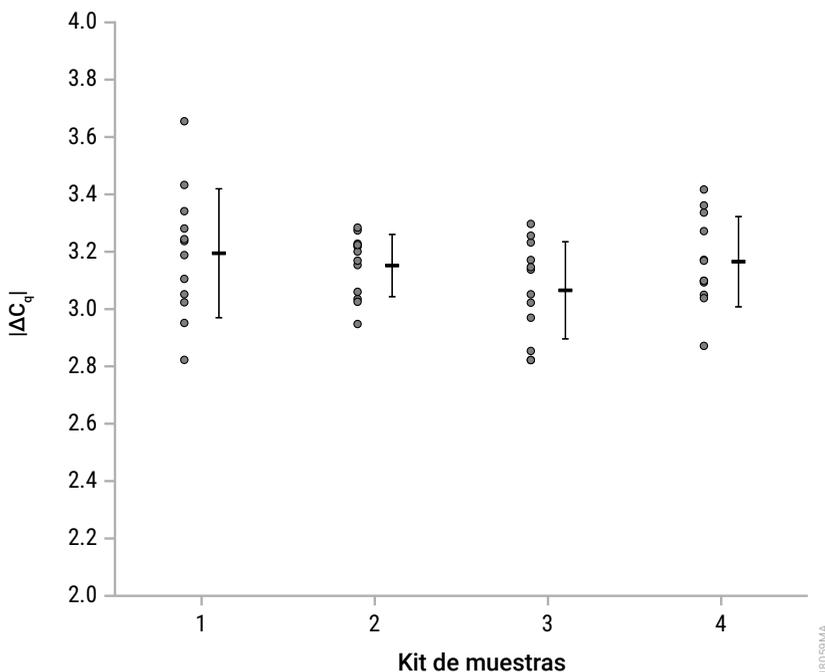


Figura 23. Prueba de inhibición en la amplificación de ADN de capa leucocitaria. Para las muestras de capas leucocitarias frescas y congeladas generadas a partir de sangre total recogida en tubos de EDTA, los valores de $|\Delta C_q|$ oscilaron entre un mínimo de 2,82 ciclos y un máximo de 3,65 ciclos. Para las muestras de capas leucocitarias congeladas generadas a partir de sangre entera recogida en tubos de citrato y heparina, los valores de $|\Delta C_q|$ oscilaron entre un mínimo de 2,82 ciclos y un máximo de 3,42 ciclos.

Kit de muestras	Anticoagulante	Almacenamiento	Volumen de entrada (µl)	Volumen de elución (µl)
1	EDTA	Congelado	50	50
2	EDTA	Fresco	50	50
3	Citrato	Congelado	50	50
4	Heparina	Congelado	50	50

Hisopo bucal

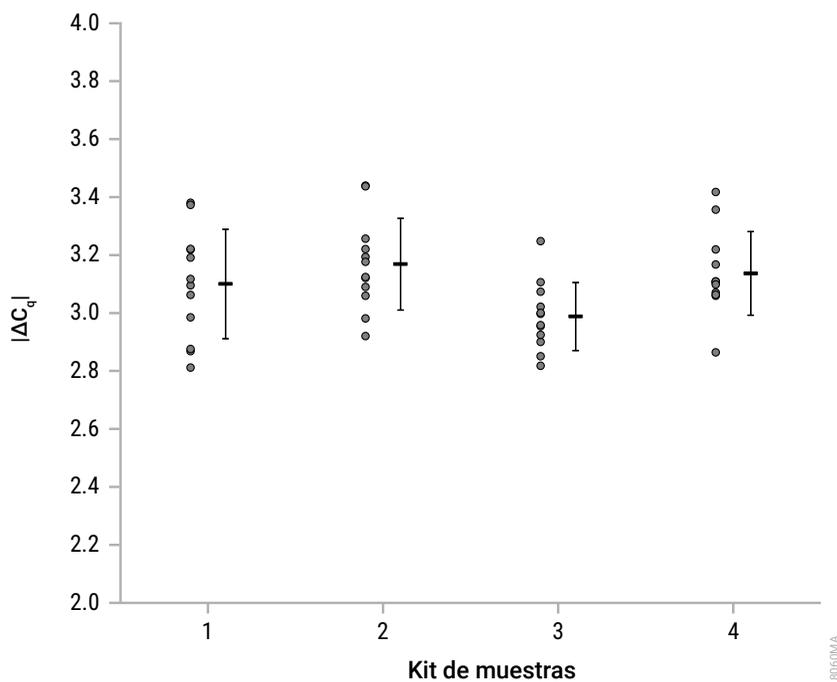


Figura 24. Prueba de inhibición en la amplificación de ADN con hisopo bucal. Para uno y dos hisopos bucales de entrada preprocesados con una columna de limpieza, los valores de $|\Delta C_q|$ oscilaron entre un mínimo de 2,81 ciclos y un máximo de 3,44 ciclos. Para uno y dos hisopos bucales de entrada preprocesados sin columna de limpieza, los valores de $|\Delta C_q|$ oscilaron entre un mínimo de 2,82 ciclos y un máximo de 3,42 ciclos.

Kit de muestras	Número de hisopos	Preprocesamiento	Volumen de elución (μl)
1	1 hisopo	Con columna de limpieza	50
2	2 hisopos	Con columna de limpieza	50
3	1 hisopo	Sin columna de limpieza	50
4	2 hisopos	Sin columna de limpieza	50

8.E. Inhibición (sustancias interferentes; continuación)

Tejido

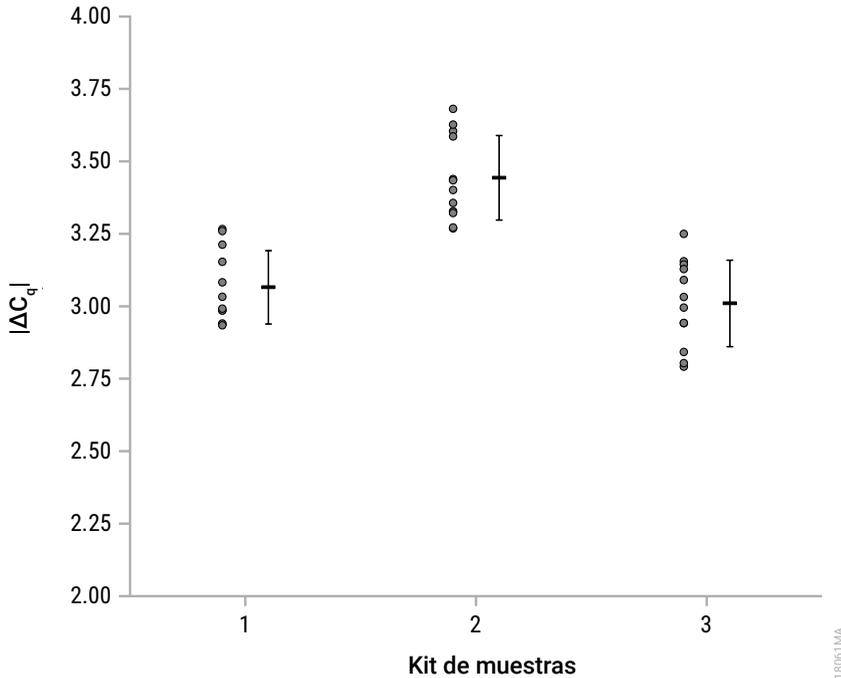


Figura 25. Prueba de inhibición en la amplificación del ADN de tejidos. Para 5 mg de tejidos de corazón y páncreas, los valores de $|\Delta C_q|$ oscilaron entre un mínimo de 2,93 ciclos y un máximo de 3,68 ciclos. Para 5 mg de tejido cerebral, los valores de $|\Delta C_q|$ oscilaron entre un mínimo de 2,79 ciclos y un máximo de 3,25 ciclos. Se utilizó un volumen de elución de 50 μ l para todas las muestras. En el gráfico, el kit de muestras 1 se refiere al tejido cardíaco, el kit de muestras 2 al tejido del páncreas y el kit de muestras 3 al tejido cerebral.

Células

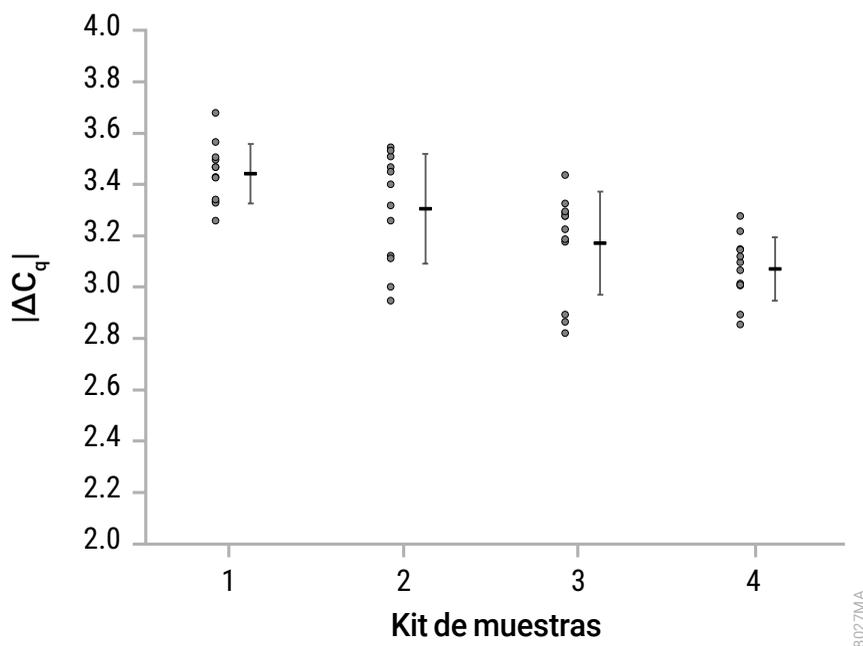


Figura 26. Prueba de inhibición en la amplificación del ADN celular. Para 5×10^4 células de cultivo de tejidos HEK293 con un volumen de elución de 50 μ l, los valores de $|\Delta C_q|$ oscilaron entre un mínimo de 3,26 ciclos y un máximo de 3,68 ciclos. Para 5×10^5 PBMC con un volumen de elución de 100 μ l, los valores de $|\Delta C_q|$ oscilaron entre un mínimo de 2,95 ciclos y un máximo de 3,55 ciclos. Para las células obtenidas de 50 ml de orina y 5 ml de líquido amniótico con un volumen de elución de 50 μ l, los valores de $|\Delta C_q|$ oscilaron entre un mínimo de 2,82 ciclos y un máximo de 3,44 ciclos.

Kit de muestras	Tipo de célula	Cantidad de entrada	Volumen de elución (μl)
1	Células de cultivo de tejidos HEK293	5×10^4 células	50
2	PBMC	5×10^5 células	100
3	Orina	50 ml	50
4	Líquido amniótico	5 ml	50

8.E. Inhibición (sustancias interferentes; continuación)

Médula ósea

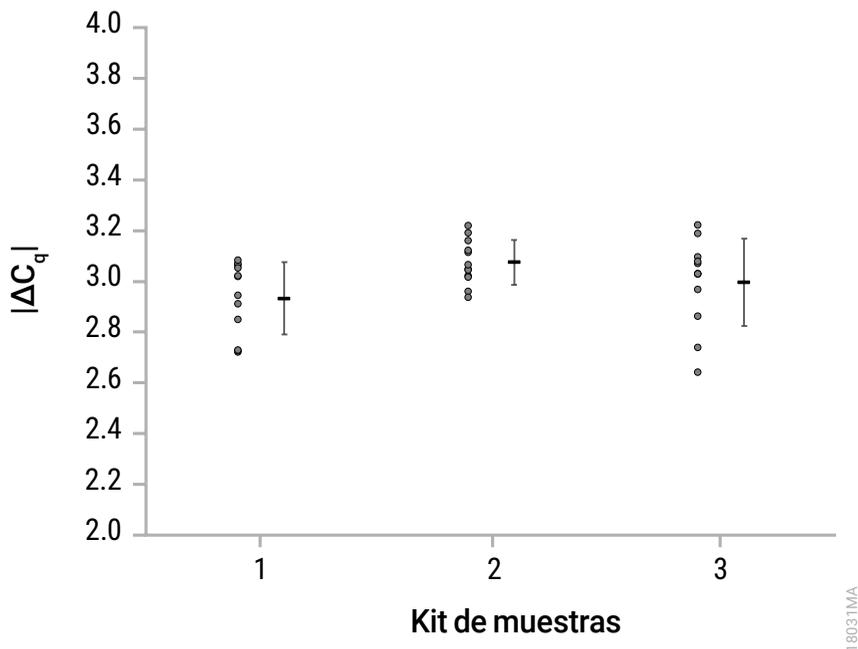


Figura 27. Prueba de inhibición en la amplificación del ADN de la médula ósea. Para los aspirados de médula ósea de 50 μ l recogidos en tubos de EDTA y citrato, los valores de $|\Delta C_q|$ oscilaron entre un mínimo de 2,72 ciclos y un máximo de 3,22 ciclos. En el caso de los aspirados de médula ósea de 50 μ l recogidos en tubos de heparina, los valores de $|\Delta C_q|$ oscilaron entre un mínimo de 2,64 ciclos y un máximo de 3,22 ciclos. Se utilizó un volumen de elución de 50 μ l para todas las muestras. En el gráfico, el conjunto de muestras 1 se refiere a los aspirados de médula ósea recogidos en tubos de EDTA, el kit de muestras 2 se refiere a los aspirados de médula ósea recogidos en tubos de citrato y el kit de muestras 3 se refiere a los aspirados de médula ósea recogidos en tubos de heparina.

8.F. Contaminación cruzada

Las muestras de capas leucocitaria masculinas (300 μ l) y femeninas (50 μ l) se procesaron en posiciones alternas de la cubierta de los Maxwell® Instruments y las muestras de ADN femenino purificado resultante se amplificaron mediante un objetivo de ADN cromosómico Y con un ensayo qPCR. La presencia de esta diana cromosómica Y en las muestras femeninas se utilizó para identificar la posible contaminación cruzada de las muestras vecinas. Cuando las muestras de capas leucocitaria femeninas se procesaron en posiciones de cubierta adyacentes a las muestras de capas leucocitaria masculinas, ninguna muestra de ADN femenino presentó un valor C_q para la diana de ADN cromosómico Y.

9. Evaluación del rendimiento clínico

La evaluación del rendimiento clínico se realizó utilizando muestras humanas con el Maxwell® CSC Genomic DNA Kit y el Maxwell® CSC 48 Instrument.

Sangre completa

Dos probadores de un laboratorio externo purificaron el ADN de muestras de sangre humana entera de 200 µl con un volumen de elución de 100 µl de 12 donantes individuales con el sistema de purificación Maxwell® CSC, así como con un método de extracción de referencia de laboratorio. Los eluidos resultantes se analizaron mediante la amplificación del gen de mantenimiento HCP5 de control positivo en el ensayo HLA-B27. Las 12 muestras de ADN purificadas con el Maxwell® CSC Genomic DNA Kit demostraron concordancia entre los dos probadores y con el método de extracción de referencia del laboratorio.

Hisopo bucal

Un evaluador de un laboratorio externo purificó el ADN de una muestra de hisopo bucal humano preprocesado con una columna de limpieza y un volumen de elución de 100 µl de 12 donantes individuales con el sistema de purificación Maxwell® CSC, así como con un método de extracción de referencia de laboratorio. Los eluidos resultantes se analizaron mediante la amplificación del gen de mantenimiento HCP5 de control positivo en el ensayo HLA-B27. Las 12 muestras de ADN purificadas con el Maxwell® CSC Genomic DNA Kit demostraron concordancia con el método de extracción de referencia del laboratorio.

Tejido

Un evaluador de un laboratorio externo purificó ADN de 10–25 mg de muestras de tejido humano con un volumen de elución de 200 µl de 12 donantes individuales con el sistema de purificación Maxwell® CSC así como con un método de extracción de referencia de laboratorio. Los eluidos resultantes se analizaron mediante la amplificación del gen de mantenimiento HCP5 de control positivo en el ensayo HLA-B27. Las 12 muestras de ADN purificadas con el Maxwell® CSC Genomic DNA Kit demostraron concordancia con el método de extracción de referencia del laboratorio.

10. Solución de problemas

En caso de que tenga alguna duda que no resuelva esta sección, póngase en contacto con su distribuidor o sucursal local de Promega. Puede ver la información de contacto en: **www.promega.com**.

Correo electrónico: **techserv@promega.com**

Síntomas

Concentración de ADN inferior a la esperada

Causas y comentarios

Las muestras que han sido sometidas a múltiples ciclos de congelación y descongelación pueden tener ADN degradado. Las directrices para la recogida y el almacenamiento de las muestras se indican para cada tipo de muestra específico.

La muestra contiene una baja cantidad de ADN genómico. El rendimiento de ADN genómico depende de la cantidad de muestra que se procese y del contenido de ADN de esa muestra.

No se ha añadido la solución de endopeptidasa K, se ha añadido un volumen insuficiente de solución de endopeptidasa K o bien la endopeptidasa K no se ha mezclado de forma eficaz con la muestra. La lisis y el rendimiento dependen de la extracción completa con endopeptidasa K.

La muestra de entrada no se mezcló antes del procesamiento. Asegúrese de mezclar las muestras antes del procesamiento.

El volumen de elución utilizado para la extracción era demasiado grande para la muestra procesada. Para aumentar la concentración de ADN eluido, reduzca el volumen de tampón de elución inicial.

Se ha procesado demasiada muestra o una muestra que contiene una cantidad excesiva de ADN genómico. Un exceso de muestra o de ADN genómico puede provocar un fallo en la química de extracción, dando lugar a una concentración de eluido que no se corresponde con la cantidad de muestra que se está procesando.

El lisado no se mezcló con la solución de unión en el pocillo n.º 1 aspirando y dispensando de 5–10 veces después de la transferencia para hacer una mezcla homogénea. Si no se consigue una mezcla homogénea del lisado de la muestra y la solución de unión en el pocillo n.º 1, el rendimiento y la pureza del eluido final pueden verse reducidos.

Síntomas**Causas y comentarios**

Concentración de ADN inferior a la esperada
(continuación)

Las muestras no se mezclaron de forma adecuada o en los pasos correctos durante el procesamiento. No mezclar adecuadamente los reactivos y las muestras en el tubo de incubación puede afectar al rendimiento.

El tampón de lisis y el potenciador lítico (LE2) se utilizaron indistintamente, en el paso incorrecto o en el volumen incorrecto. Vuelva a procesar las muestras, utilizando correctamente el tampón de lisis y el potenciador lítico (LE2) según las instrucciones.

Pureza inferior a la esperada

No se ha añadido la solución de endopeptidasa K, se ha añadido un volumen insuficiente de solución de endopeptidasa K o bien la endopeptidasa K no se ha mezclado de forma eficaz con la muestra. La lisis y el rendimiento dependen de la extracción completa con endopeptidasa K.

El lisado no se mezcló con la solución de unión en el pocillo n.º 1 aspirando y dispensando de 5–10 veces después de la transferencia para hacer una mezcla homogénea. Si no se consigue una mezcla homogénea del lisado de la muestra y la solución de unión en el pocillo n.º 1, el rendimiento y la pureza del eluido final pueden verse reducidos.

Las muestras que han sido sometidas a múltiples ciclos de congelación y descongelación pueden tener ADN degradado. Utilice muestras que hayan sido recogidas y almacenadas según las directrices indicadas en cada tipo de muestra específico.

En el caso de las muestras de sangre completa, capa leucocitaria y médula ósea, la transferencia de material coagulado o graso al tubo de incubación puede dar lugar a una mala lisis de la muestra. Transfiera solo muestras líquidas para la purificación.

El tampón de lisis y el potenciador lítico (LE2) se utilizaron indistintamente, en el paso incorrecto o en el volumen incorrecto. Vuelva a procesar las muestras, utilizando correctamente el tampón de lisis y el potenciador lítico (LE2) según las instrucciones.

Algunos tipos de tejidos pueden producir valores de pureza inferiores a los esperados. Si se desean valores de pureza más altos, reduzca la cantidad de tejido procesado.

10. Solución de problemas (continuación)

Síntomas	Causas y comentarios
Pureza inferior a la esperada (continuación)	<p>Las muestras no se mezclaron de forma adecuada o en los pasos correctos durante el procesamiento. No mezclar adecuadamente los reactivos y las muestras en el tubo de incubación puede afectar al rendimiento.</p> <p>La transferencia de material sólido al pocillo n.º 1 del cartucho puede dar lugar a la copurificación de material sólido y contaminantes. Retire el material sólido antes de transferir la muestra lisada al cartucho.</p>
Contaminación por ARN	<p>No se añadió solución de RNasa A al pocillo n.º 3 del cartucho o se ha añadido un volumen incompleto de solución de RNasa A. Vuelva a procesar la muestra con la solución de RNasa A o trate la muestra de ADNg extraída con RNasa A.</p>
Arrastre de resina	<p>Las muestras no se mezclaron de forma adecuada o durante los pasos correctos durante el procesamiento. Si no se mezclan adecuadamente los reactivos y las muestras en el tubo de incubación o en el pocillo n.º 1, puede afectar al arrastre de resina en el cartucho y en el tubo de elución.</p> <p>Se ha procesado demasiada muestra o una muestra que contiene una cantidad excesiva de ADN genómico. Un exceso de muestra puede causar un exceso de arrastre de resina en el cartucho y en el tubo de elución.</p> <p>Un poco de arrastre de resina es normal y no afecta al rendimiento posterior. Si fuera necesario, utilice un imán de elución (Cat.# AS4017, Cat.# AS4018, o ambos; disponibles por separado) para transferir el eluido a un nuevo tubo. Consulte la sección 11, Productos relacionados.</p>

11. Productos relacionados

Instrumentos y accesorios

Producto	Tamaño	Cat.#
Maxwell® CSC 48 Instrument*	1 unidad	AS8000
Maxwell® CSC Instrument*	1 unidad	AS6000
Maxwell® RSC/CSC Deck Tray	1 unidad	SP6019
Maxwell® RSC/CSC 48 Front Deck Tray	1 unidad	AS8401
Maxwell® RSC/CSC 48 Back Deck Tray	1 unidad	AS8402
RSC/CSC Plungers	50/paquete	AS1331
Elution Tubes (0,5 ml)	50/paquete	AS6201
Elution Magnet, 16 posiciones	1 unidad	AS4017
Elution Magnet, 24 posiciones	1 unidad	AS4018
Clearing Columns	50 unidades	Z3871
RNase A Solution	1 ml	A7973
	5 ml	A7974
Proteinase K (PK) Solution	4 ml	MC5005
Nuclease-Free Water	25 ml	MC1191

* Producto sanitario para diagnóstico in vitro. Este producto solo está disponible en algunos países.

Maxwell® CSC Reagent Kits

Visite www.promega.com para obtener una lista de los Maxwell® CSC purification kits disponibles.

^(a)Número de patente de EE. UU. 7 329 488 y número de patente de Corea del Sur 100483684.

© 2022 Promega Corporation. Todos los derechos reservados.

Maxwell es una marca registrada de Promega Corporation.

Estos productos podrían estar protegidos mediante patentes emitidas o pendientes, o podrían tener algunas limitaciones. Para obtener más información, visite nuestro sitio web.

Todos los precios y especificaciones de este manual están sujetos a cambios sin previo aviso.

Las declaraciones sobre los productos están sujetas a cualquier cambio. Póngase en contacto con Promega Technical Services o acceda al catálogo en línea de Promega para obtener la información más actual sobre los productos Promega.