

Helmikuu 2018

artus[®] CMV QS-RGQ Kit: Suoritusominaisuudet

R4

IVD

CE
0197

REF

4503363, artus CMV QS-RGQ Kit, Versio 1.

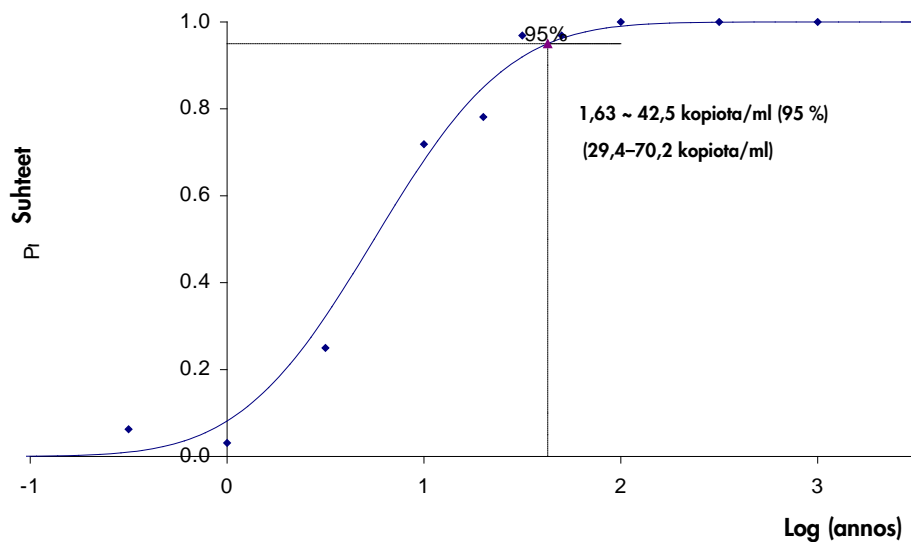


Tarkista ennen kokeen suorittamista uusien elektronisten etikettiversioiden saatavuus osoitteesta www.qiagen.com/products/artuscmvpcrkitce.aspx.

Havaitsemisraja – plasma

artus CMV QS-RGQ Kit -sarjan havaitsemisraja (limit of detection, LOD) suhteessa puhdistukseen (herkkyysraja) arvioitiin käyttämällä CMV-positiivisia kliinisiä näytteitä yhdessä QIASymphony® SP -laitteella tehdyn erottelun kanssa.

Plasmalle *artus* CMV QS-RGQ Kit -sarjan havaitsemisraja suhteessa puhdistukseen määritettiin käyttämällä laimennussarjaa CMV-materiaalille, jonka arvo oli arvosta 1 000 nimelliseen 0,316 CMV-kopioon ml:ssa ja johon oli lisätty kliinisiä plasmanäytteitä. Nämä altistettiin DNA-erotukselle käyttämällä QIASymphony DSP Virus/Pathogen Midi Kit -sarjaa Cellfree1000_DSP -protokollan kanssa (erottelutilavuus: 1 ml, eluaatin määrä: 60 µl). Kaikki 10 laimennusta analysoitiin *artus* CMV QS-RGQ Kit -sarjalla neljänä eri päivänä neljässä ajossa, joissa oli kussakin kahdeksan kahdennusta. Tulokset määritettiin probiittianalyysillä. Probiittianalyysi näkyy graafisessa muodossa kuvassa 1. *artus* CMV QS-RGQ Kit -sarjan havaitsemisraja suhteessa puhdistukseen Rotor-Gene Q:n kanssa on 42,5 kopiota/ml ($p = 0,05$). Tämä tarkoittaa, että on olemassa 95 %:n todennäköisyys, että 42,5 kopiota havaitaan millilitrassa (vastaa arvoa 69,7 IU/ml).



Kuva 1. Probiittianalyysi: plasma, CMV (Rotor-Gene Q). Havaitsemisraja suhteessa puhdistukseen (plasma, QIASymphony DSP Virus/Pathogen Midi Kit -sarjaa käyttämällä) ja *artus* CMV QS-RGQ Kit -sarja Rotor-Gene Q:ssa.

Spesifisyys – plasma

artus CMV QS-RGQ Kit -sarjan spesifisyys varmistetaan ennen kaikkea alukkeiden ja koettimien sekä erittäin vaativien reaktio-olosuhteiden valinnalla. Alukkeiden ja koettimien mahdollinen homologia kaikkien geenipankeissa julkaistujen sekvenssien kanssa tarkistettiin sekvenssivertailuanalyysilla. Kaikkien relevanttien genotyyppien havaittavuus on siis täten varmistettu.

Lisäksi spesifisyys validoitiin 100 erilaisella CMV-negatiivisella plasmanäytteellä. Nämä eivät antaneet mitään signaalia CMV RG Masteriin kuuluvien CMV-spesifien alukkeiden ja koettimien kanssa.

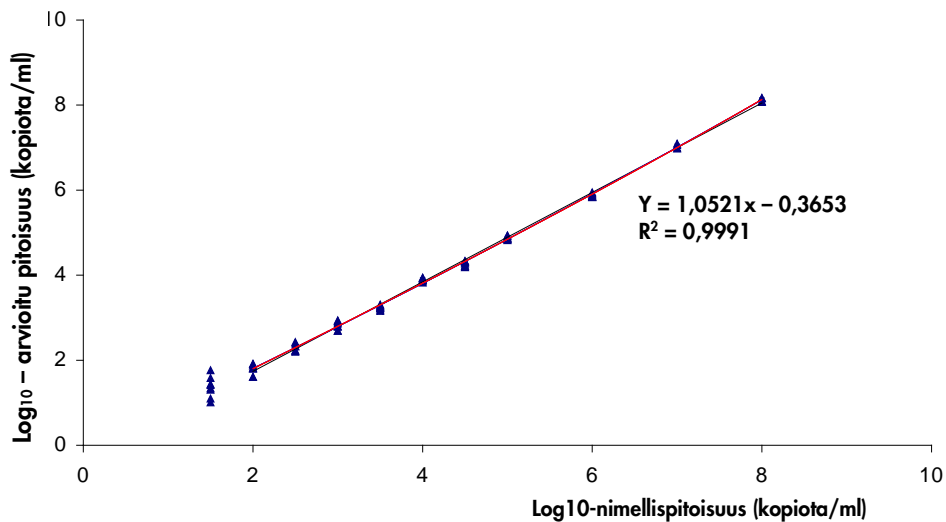
artus CMV QS-RGQ Kit -sarjan mahdollinen ristiin reagointi testattiin taulukossa 1 mainitulla kontrolliryhmällä. Yksikään testatuista patogeeneistä ei ollut reaktiivinen. Ristireaktiiviteettia ei havaittu sekainfektioissa.

Taulukko 1. Sarjan spesifisyyden testaus mahdollisesti ristiin reagoivilla patogeeneillä

Kontrolliryhmä	CMV (vilkkuva vihreä)	Sisäinen kontrolli (vilkkuva keltainen)
Ihmisen herpesvirus 1 (Herpes simplex virus 1)	–	+
Ihmisen herpesvirus 2 (Herpes simplex virus 2)	–	+
Ihmisen herpesvirus 3 (Varicella-zoster virus)	–	+
Ihmisen herpesvirus 4 (Epstein–Barrin virus)	–	+
Ihmisen herpesvirus 6A	–	+
Ihmisen herpesvirus 6B	–	+
Ihmisen herpesvirus 7	–	+
Ihmisen herpesvirus 8 (Kaposin sarkoomaan liittyvä herpesvirus)	–	+
Hepatiitti A -virus	–	+
Hepatiitti B -virus	–	+
Hepatiitti C -virus	–	+
Ihmisen immuunikatovirus 1	–	+
Ihmisen T-solun leukemiavirus 1	–	+
Ihmisen T-solun leukemiavirus 2	–	+
Länsi-Niilin virus	–	+
Enterovirus	–	+
Parvovirus B19	–	+

Lineaarinen alue – plasma

artus CMV QS-RGQ Kit -sarjan lineaarinen alue suhteessa puhdistukseen määritettiin analysoimalla CMV-materiaalin laimennussarjoja alueella arvosta $1,00 \times 10^8$ kopiota/ml arvoon $3,16 \times 10^1$ kopiota/ml plasmassa. Puhdistus tehtiin replikaatteina ($n = 4$ pitoisuuksille $\geq 1,00 \times 10^7$ kopiota/ml, $n = 8$ pitoisuuksille $< 1,00 \times 10^7$ kopiota/ml) käyttämällä QIASymphony DSP Virus/Pathogen Midi Kit -sarjaa Cellfree1000_DSP -protokollan kanssa (erotustilavuus: 1 ml, eluaatin määrä: 60 μ l). Kukin näyte analysoitiin *artus* CMV QS-RGQ Kit -sarjaa käyttämällä. *artus* CMV QS-RGQ Kit -sarjan lineaarinen alue suhteessa puhtauteen määritettiin pitoisuuksille arvosta $7,94 \times 10^1$ kopiota/ml arvoon $1,00 \times 10^8$ kopiota/ml (vastaa arvoa $1,30 \times 10^2 - 1,64 \times 10^8$ IU/ml) plasmalle (kuva 2).



Kuva 2. artus CMV QS-RGQ Kit -sarjan lineaarinen alue (plasma). Lineaarisen alueen laskenta. Suora linja määritettiin laskettujen log₁₀-pitoisuuksien ja log₁₀-nimellispitoisuuksien lineaarisen regression perusteella. Regressiolinjan yhtälö on näkyvä kuvassa.

Varmuus – plasma

Varmuuden todennuksen avulla voidaan määrittää *artus CMV QS-RGQ Kit* -sarjan koko virhetodennäköisyys. Varmuuden verifiointia varten 100 CMV-negatiiviseen plasmanäytteeseen lisättiin 130 kopiota/ml CMV:tä (analyttisen herkkyysrajan noin kolminkertainen pitoisuus). QIASymphony DSP Virus/Pathogen Midi Kit -sarjalla ja Cellfree1000_DSP -plasmaprotokollalla tehtävän erotuksen jälkeen (erotustilavuus: 1 ml, eluaatin määrä: 60 µl) nämä näytteet analysoitiin *artus CMV QS-RGQ Kit* -sarjalla. Lisäksi sisäisen kontrollin varmuus arvioitiin puhdistamalla ja analysoimalla 100 lisättyä plasmanäytettä. Inhibiitioita ei havaittu. Tästä syystä *artus CMV QS-RGQ Kit* -sarjan varmuus on ≥ 99 %.

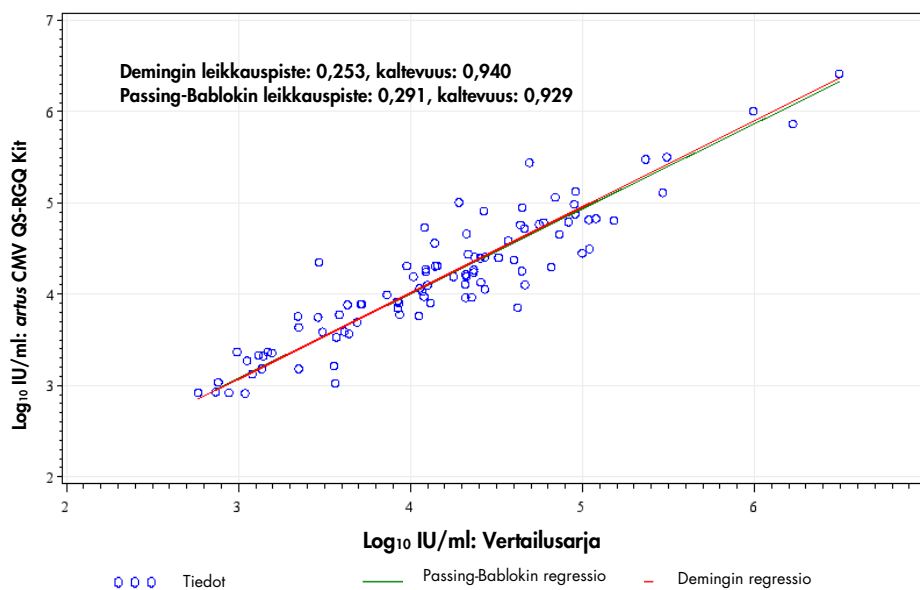
Häiritsevät aineet – plasma

Neljän endogeenisen aineen (bilirubiini, hemoglobiini, triglyseridi ja albumiiniproteiini) suuret pitoisuudet on tunnistettu mahdollisiksi häiritseviksi aineiksi, joita esiintyy EDTA-plasmanäytteissä. Niiden vaikutukset arvioitiin plasmasta, jossa oli CMV:tä noin 10 kertaa LOD-arvo (425 kopiota/ml). Kontrollina käytettiin plasmanäytteitä, joissa oli CMV:tä, mutta ei lisättyjä häiritseviä aineita. Kaikki näytteet, joihin oli tai ei ollut lisätty häiritseviä aineita, analysoitiin neljänä replikaattina käyttämällä QIASymphony DSP Virus/Pathogen Midi Kit -sarjaa sekä Cellfree1000-protokollaa (erotustilavuus: 1 ml, eluaatin määrä: 60 µl). Näytteissä, joissa oli korkeat tasot

endogeenisiä inhibiittoreita (bilirubiinia 30 mg/dl, hemoglobiinia 2 g/dl, triglyseridiä 1 g/dl ja albumiiniproteiinia 6 g/dl), ei havaittu häiriöitä CMV:n havaitsemisessa.

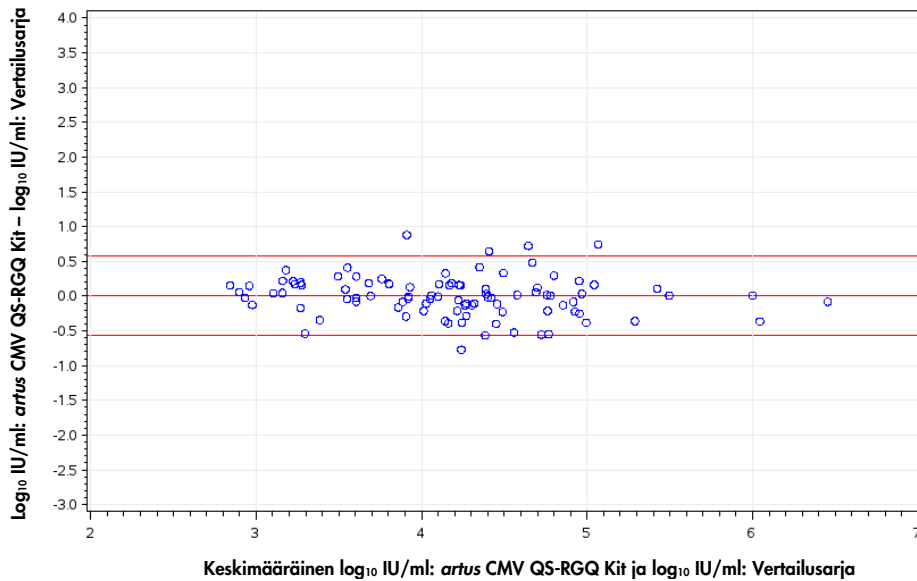
Kliininen arviointi – plasma

artus CMV QS-RGQ Kit -sarjan kliininen suorituskyky arvioitiin testaamalla kliinisiä näytteitä ja analysoimalla löydökset vastaavan menetelmän tuloksia vasten. CMV-infektiopotilailta tai Maailman terveysjärjestön 1. CMV-standardin mukaan valmistetuista keinotekoisista näytteistä ja negatiivisista kontroleista kerättiin yhteensä 174 EDTA-plasmanäytettä, jotka testattiin artus CMV QS-RGQ Kit -sarjalla ja vastaavalla menetelmällä ulkoisessa toimipaikassa. Molempien sarjojen kvalitatiivinen yhtäpitävyys oli 100 %. Demingin ja Passing-Bablokin regressioanalyysi tehtiin QIAGEN-sarjan testitulos Y-akselilla ja vertailutestitulos X-akselilla (katso kuva 3). Arvioitu \log_{10} -ero (IU/ml) lääketieteellisessä päätöspisteessä (1000 IU/ml) QIAGEN-sarjan ja vertailusarjan välillä oli 0,074 \log_{10} IU/ml laskettuna Demingin regressiosta.



Kuva 3. Regressiopiirros, jossa on Passing-Bablokin ja Demingin käyrät (plasma). Kummankin analyysin näytteet, jotka ovat kvantifikaation alarajan (LLOQ) ja ylärajan (ULOQ) välissä, ovat mukana analyysissä.

Bland-Altmanin kuvio tuotettiin eron näkemiseksi laskettuna \log_{10} -arvona (IU/ml). Lisäksi keskimääräinen \log_{10} (IU/ml) -ero ja sitä vastaava 95 %:n alue laskettiin ja asetettiin kuvion päälle (katso kuva 4).



Kuva 4. Bland-Altman-kuvio (plasma). Vaakasorat viiteviivat kohdissa 0.00, -0.57 ja 0.58 merkitsevät keskimääräistä eroa (\log_{10} IU/ml: *artus* CMV QS-RGQ Kit – \log_{10} IU/ml: Vertailusarja) ja sen vastaavaa 95 %:n ennusteväliä. Kummankin sarjan näytteet, jotka ovat kvantifikaation alarajan ja ylärajan välissä, ovat mukana analyysissä.

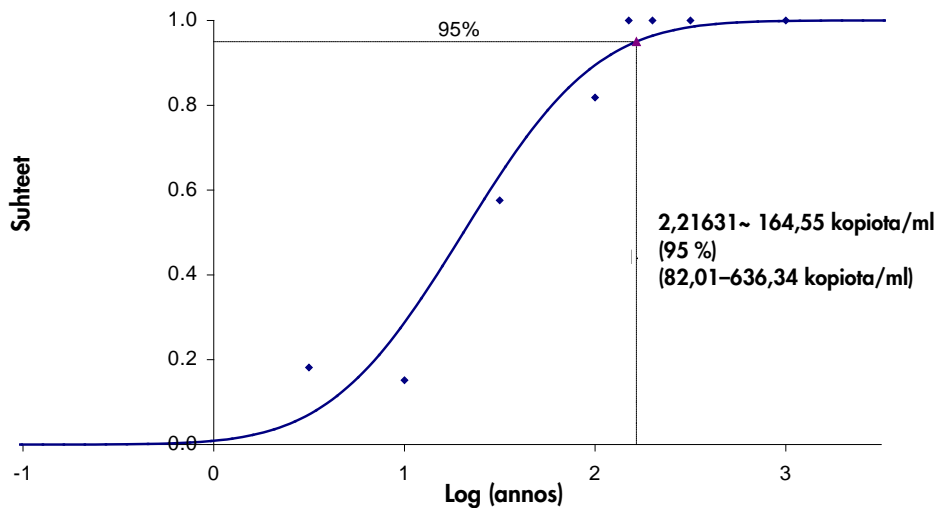
Havaitsemisraja – kokoveri

artus CMV QS-RGQ Kit -sarjan havaitsemisraja (LOD) suhteessa puhdistukseen (herkkyysraja) arvioitiin käyttämällä CMV-positiivisia kliinisiä näytteitä yhdessä QIAAsymphony® SP -laitteella tehdyn erottelun kanssa.

Kokoverelle *artus* CMV QS-RGQ Kit -sarjan havaitsemisraja suhteessa puhdistukseen määritettiin käyttämällä laimennussarjaa CMV-materiaalille, jonka arvo oli arvosta 1000 nimelliseen 3,16 CMV-kopioon ml:ssa ja johon oli lisätty ihmisen kokoverinäytteitä.

Nämä altistettiin DNA-erotukselle käyttämällä QIAAsymphony DNA Mini Kit -sarjaa VirusBlood200_DSP -protokollan kanssa (erottelutilavuus: 200 μ l, eluaatin määrä: 60 μ l). Kaikki 8 laimennusta analysoitiin *artus* CMV QS-RGQ Kit -sarjalla kolmena eri päivänä kuudessa ajossa, joissa oli kussakin 11 kahdennusta. Tulokset määritettiin probiittianalyysillä.

Probiittianalyysi näkyy graafisessa muodossa kuvassa 5. *artus* CMV QS-RGQ Kit -sarjan havaitsemisraja suhteessa puhdistukseen Rotor-Gene Q:n kanssa on 164,55 kopiota/ml ($p = 0,05$). Tämä tarkoittaa, että on olemassa 95 %:n todennäköisyys, että 164,55 kopiota havaitaan millilitrassa (vastaa arvoa 122,59 IU/ml).



Kuva 5. Probiittianalyysi: kokoveri, CMV (Rotor-Gene Q). Havaitsemisraja suhteessa puhtauteen (kokoveri, QIASymphony DNA Mini Kit -sarjaa käyttämällä) ja *artus* CMV QS-RGQ Kit -sarja Rotor-Gene Q:ssa.

Spesifisyys – kokoveri

artus CMV QS-RGQ Kit -sarjan spesifisyys varmistetaan ennen kaikkea alukkeiden ja koettimien sekä erittäin vaativien reaktio-olosuhteiden valinnalla. Alukkeiden ja koettimien mahdollinen homologia kaikkien geenipankeissa julkaistujen sekvenssien kanssa tarkistettiin sekvenssivertailuanalyysillä. Kaikkien relevanttien genotyyppien havaittavuus on siis täten varmistettu.

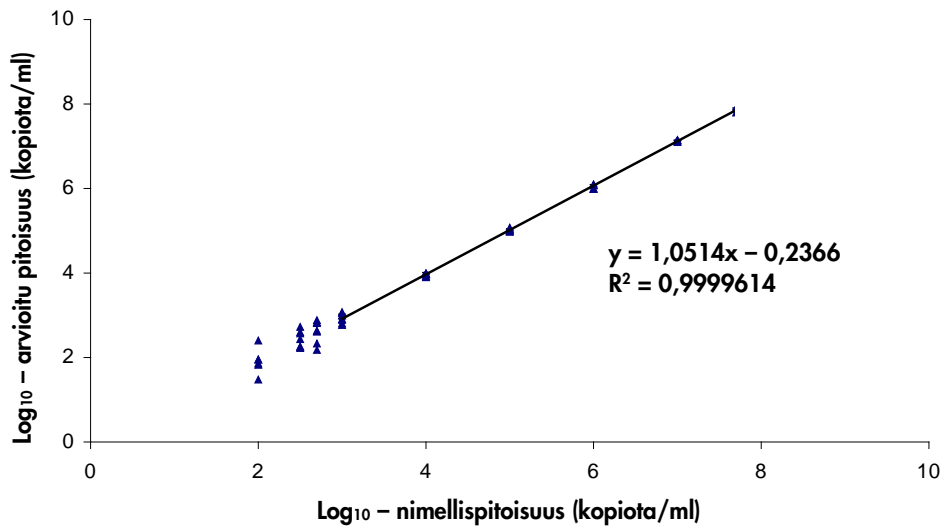
Lisäksi spesifisyys validoitiin 100 eri CMV-negatiivisella kokoverinäytteellä. Nämä eivät antaneet mitään signaalia CMV RG Masteriin kuuluvien CMV-spesifien alukkeiden ja koettimien kanssa.

artus CMV QS-RGQ Kit -sarjan mahdollinen ristiin reagointi testattiin taulukossa 1 mainitulla kontrolliryhmällä (katso sivu 4). Yksikään testatuista patogeeneistä ei ollut reaktiivinen. Ristireaktiiviteettia ei havaittu sekainfektioissa.

Lineaarinen alue – kokoveri

artus CMV QS-RGQ Kit -sarjan lineaarinen alue suhteessa puhdistukseen määritettiin analysoimalla CMV-materiaalin laimennussarjoja alueella arvosta $5,00 \times 10^7$ kopiota/ml arvoon $1,00 \times 10^2$ kopiota/ml kokoveressä. Puhdistus tehtiin replikaatteina ($n = 4$ pitoisuuksille $\geq 1,00 \times 10^7$ kopiota/ml, $n = 8$ pitoisuuksille $< 1,00 \times 10^7$ kopiota/ml) käyttämällä QIASymphony

DNA Mini Kit -sarjaa VirusBlood200_DSP -protokollan kanssa (erotustilavuus: 200 µl, eluaatin määrä: 60 µl). Kukin näyte analysoitiin *artus CMV QS-RGQ Kit* -sarjaa käyttämällä. *artus CMV QS-RGQ Kit* -sarjan lineaarinen alue suhteessa puhtauteen määritettiin pitoisuuksille arvosta $1,00 \times 10^3$ kopiota/ml arvoon $5,00 \times 10^7$ kopiota/ml (vastaa arvoa $7,45 \times 10^2 - 3,73 \times 10^7$ IU/ml) kokoverelle (kuva 6).



Kuva 6. *artus CMV QS-RGQ Kit* -sarjan lineaarinen alue (kokoveri). Lineaarisen alueen laskenta. Suora linja määritettiin laskettujen log₁₀-pitoisuuksien ja log₁₀-nimellispitoisuuksien lineaarisen regression perusteella. Regressiolinjan yhtälö on näkyvä kuvassa.

Varmuus – kokoveri

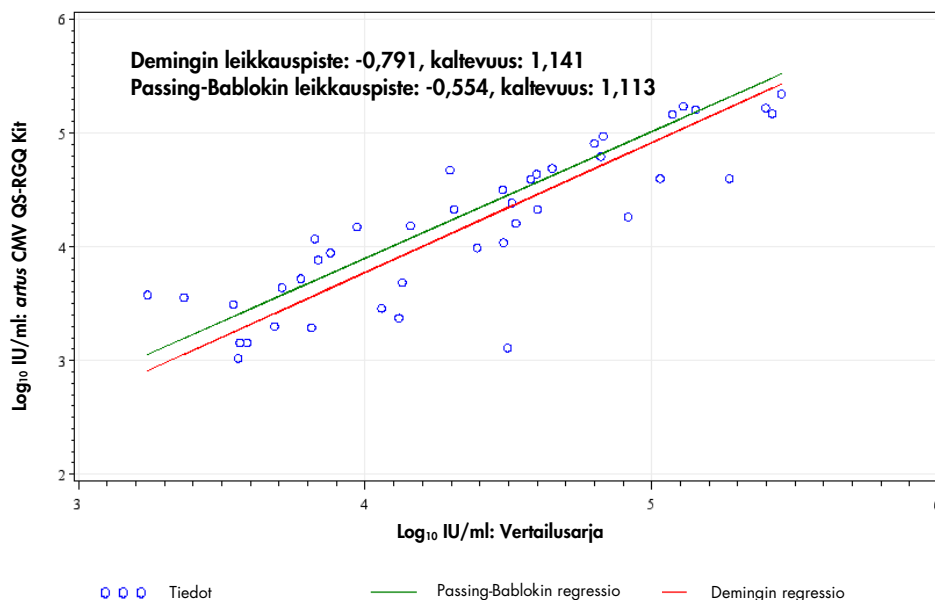
Varmuuden todennuksen avulla voidaan määrittää *artus CMV QS-RGQ Kit* -sarjan koko virhetodennäköisyys. Varmuuden verifiointia varten 100 CMV-negatiiviseen kokoverinäytteeseen lisättiin 500 kopiota/ml CMV:tä (analyttisen herkkyysrajan noin kolminkertainen pitoisuus). QIAsymphony DNA Mini Kit -sarjalla ja VirusBlood200_DSP-protokollalla kokoverestä tehdyn erottamisen jälkeen nämä näytteet analysoitiin *artus CMV QS-RGQ Kit* -sarjalla. Lisäksi sisäisen kontrollin varmuus arvioitiin puhdistamalla ja analysoimalla 100 lisättyä kokoverinäytettä. Inhibiitioita ei havaittu. Tästä syystä *artus CMV QS-RGQ Kit* -sarjan varmuus on ≥ 99 %.

Häiritsevät aineet – kokoveri

Kolmen endogeenisen aineen (bilirubiini, triglyseridi ja gDNA) suuret pitoisuudet on tunnistettu mahdollisiksi häiritseviksi aineiksi, joita esiintyy EDTA-kokoverinäytteissä. Niiden vaikutukset arvioitiin kokoverestä, jossa oli CMV:tä noin 10 kertaa LOD-arvo (1650 kopiota/ml). Kontrollina käytettiin kokoverinäytteitä, joihin oli lisätty CMV:tä, mutta ei häiritseviä aineita. Kaikki näytteet, joihin oli tai ei ollut lisätty häiritseviä aineita, analysoitiin neljänä replikaattina käyttämällä QIASymphony DNA Mini Kit -sarjaa sekä VirusBlood200_DSP-protokollaa (erotustilavuus: 0,2 ml, eluaatin määrä: 60 µl). Näytteissä, joissa oli korkeat tasot endogeenisiä inhibiittoreita (bilirubiinia 30 mg/dl, triglyseridiä 1 g/dl ja gDNA:ta 3 µg/näyte), ei havaittu häiriöitä CMV:n havaitsemisessa.

Kliininen arviointi – kokoveri

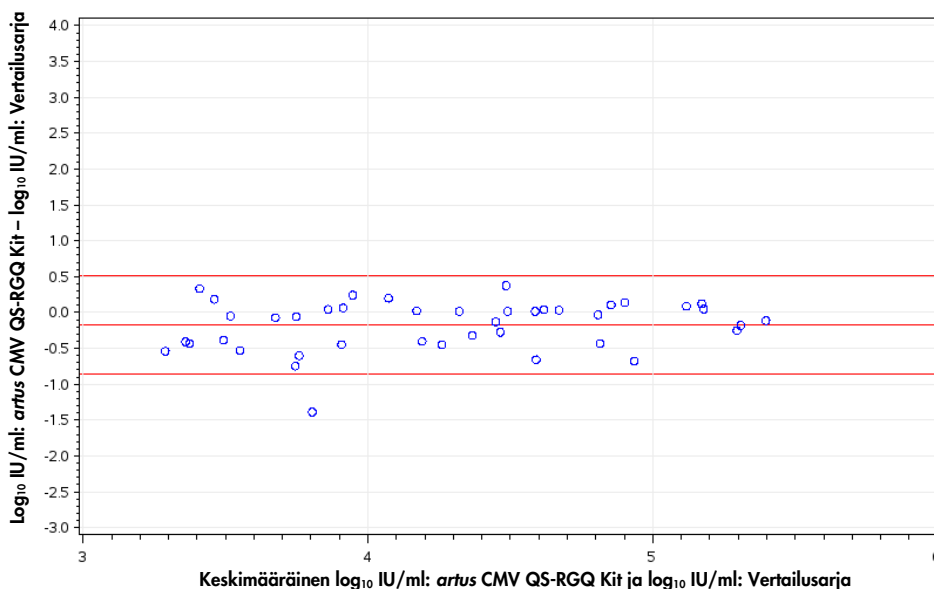
artus CMV QS-RGQ Kit -sarjan kliininen suorituskyky arvioitiin testaamalla kliinisiä näytteitä ja analysoimalla löydökset vastaavan menetelmän tuloksia vasten. EBV-infektiopotilailta ja negatiivisista kontroleista kerättiin yhteensä 115 kliinistä kokoverinäytettä, jotka testattiin artus CMV QS-RGQ Kit -sarjalla ja vastaavalla menetelmällä ulkoisessa toimipaikassa. Demingin ja Passing-Bablokin regressioanalyysi tehtiin QIAGEN-sarjan testituloksen Y-akselilla ja vertailutestituloksen X-akselilla (katso kuva 7).



Kuva 7. Regressiopiiirros, jossa on Passing-Bablokin ja Demingin käyrät (**kokoveri**). Vain kliiniset näytteet otettiin mukaan analyysiin. Kummankin analyysin näytteet, jotka ovat kvantifikaation alarajan (lower limit of quantification, LLOQ) ja ylärajan (upper limit of quantification, ULOQ) välissä, ovat mukana analyysissä.

Bland-Altmanin kuvio tuotettiin eron näkemiseksi laskettuna \log_{10} -arvona (IU/ml). Lisäksi keskimääräinen \log_{10} (IU/ml) -ero ja sitä vastaava 95 %:n alue laskettiin ja asetettiin kuvion päälle (katso kuva 8).

Keskimääräinen ero \log_{10} (IU/ml) -arvona QIAGEN-sarjan ja vertailusarjan välillä oli 0,18 \log_{10} IU/ml. Molempien sarjojen kvalitatiivinen yhtäpitävyys oli 100 %.



Kuva 8. Bland-Altman-kuvio (kokoveri). Vaakasuoorat viiteviivat kohdissa -0.18 , -0.86 ja 0.51 merkitsevät keskimääräistä eroa (\log_{10} IU/ml: *artus* CMV QS-RGQ Kit – \log_{10} IU/ml: vertailusarja) ja sen vastaavaa 95 %:n ennusteväliä. Vain kliiniset näytteet otettiin mukaan analyysiin. Kummankin analyysin näytteet, jotka ovat kvantifikaation alarajan ja ylärajan välissä, ovat mukana analyysissä.

Tarkkuus

artus CMV QS RGQ Kit-sarjan tarkkuustietojen avulla voitiin määrittää analyysin kokonaisvarianssi. Kokonaisvarianssi koostuu analyysin sisäisestä vaihtelusta (samat pitoisuudet sisältävien näytteiden useiden tulosten välisestä vaihtelusta samalla laitteella), analyysien välisestä vaihtelusta (saman laboratorion eri käyttäjien samantyyppisillä mutta eri laitteilla luoman analyysin useiden tulosten välisestä vaihtelusta) sekä erien välisestä vaihtelusta (eri eriä käyttävän analyysin useiden tulosten välisestä vaihtelusta). Saatujen tietojen avulla määritettiin keskihajonta, varianssi ja variaatiokerroin patogeenispezifille PCR:ille sekä sisäisen kontrollin PCR:ille.

artus CMV QS-RGQ Kit-sarjan (ottamatta huomioon puhdistusta) analyttiset tarkkuustiedot kerättiin käyttämällä pienimmän pitoisuuden kvantitointistandardia (QS 4; 10 kopiota/ μ l). Testaus tehtiin

käyttämällä kahdeksaa replikaattia. Tarkkuustiedot laskettiin monistumiskäyrän C_T -arvojen perusteella (C_T : raja-arvojakso, katso taulukko 2, sivu 12). Lisäksi määritettiin kopioina mikrolitraa kohden ilmaistavien kvantitatiivisten tulosten tarkkuustiedot käyttämällä vastaavia C_T -arvoja (katso taulukko 3, sivu 12). Näiden tulosten perusteella kaikkien mainitun pitoisuuden näytteiden tilastollinen kokonaisjakautuma on 1,21% (C_T) tai 14,38% (pitoisuus) ja 1,93 % (C_T) sisäisen kontrollin havaitsemisen osalta. Arvot perustuvat määritettyjen vaihteluiden kaikkien yksittäisten arvojen kokonaisuuteen.

Taulukko 2. Tarkkuustiedot C_T -arvojen perusteella

	Keskihajonta	Varianssi	Variaatiokerroin (%)
Analyysin sisäinen vaihtelu: CMV QS 4	0,17	0,03	0,57
Analyysin sisäinen vaihtelu: Sisäinen kontrolli	0,31	0,10	1,16
Analyysien välinen vaihtelu: CMV QS 4	0,38	0,14	1,27
Analyysien välinen vaihtelu: Sisäinen kontrolli	0,47	0,22	1,77
Erien välinen vaihtelu: CMV QS 4	0,33	0,11	1,10
Erien välinen vaihtelu: Sisäinen kontrolli	0,53	0,28	2,02
Kokonaisvarianssi: CMV QS 4	0,36	0,13	1,21
Kokonaisvarianssi: Sisäinen kontrolli	0,51	0,26	1,93

Taulukko 3. Tarkkuustiedot kvantitatiivisten tulosten perusteella (kopioita/ μ l)

	Keskihajonta	Varianssi	Variaatiokerroin (%)
Analyysin sisäinen vaihtelu: CMV QS 4	1,34	1,80	13,30
Analyysien välinen vaihtelu: CMV QS 4	1,54	2,38	15,25
Erien välinen vaihtelu: CMV QS 4	1,46	2,12	14,41
Kokonaisvarianssi: CMV QS 4	1,45	2,11	14,38

Toistettavuus

Toistettavuustietojen avulla *artus* CMV QS-RGQ Kit -sarjan suorituskykyä ja tehokkuutta verrattuna muihin tuotteisiin voidaan arvioida säännöllisesti. Nämä tiedot on saatu osallistumalla tunnettuihin pätevyysohjelmiin.

Ristikontaminaatio

Näytteiden välisen ristikontaminaation mahdollisuus voitiin sulkea pois koko työnkulussa sillä perusteella, että kaikki tunnetut positiiviset ja negatiiviset näytteet havaittiin oikein vuoroittaisista paikoista (sakkilautakuvio) edustavassa *artus* QS-RGQ -järjestelmässä.

artus CMV QS-RGQ Kit -sarjan käyttöohjeessa on tiedot sarjaan liittyvistä tuotteista sekä tilaustiedot.

Asiakirjan muutoshistoria

R4, Helmikuu 2018	Analyttinen herkkyys muutettu havaitsemisrajaksi (LOD). Lisätty tiedot häiritsevästä aineista, lisätty arvot yksiköissä IU/ml (olemassa olevien tietojen kopiota/ml lisäksi) asianomaisten sovellustietojen muuntokerrointietojen perusteella.
-------------------	--

Voimassa olevat lisenssitiedot ja tuotekohtaiset vastuuvapauslausekkeet ovat saatavilla tuotekohtaisista QIAGEN-sarjojen käyttöoppaista tai käsikirjoista. QIAGEN-sarjojen käsikirjat ja käyttöoppaat löytyvät osoitteesta www.qiagen.com, tai niitä voi tiedustella QIAGENin teknisestä huollosta tai paikalliselta jälleenmyyjältä.

Tavaramerkit: QIAGEN®, Sample to Insight®, QIASymphony®, artus®, Rotor-Gene® (QIAGEN Group).
Tässä asiakirjassa mainittuja rekisteröityjä nimiä, tavaramerkkejä jne. on pidettävä lain suojaamina, vaikkei niitä olisi erityisesti sellaisiksi merkitty. 02/2018 HB-0356-D01-004.
© 2012-2018 QIAGEN, kaikki oikeudet pidätetään.

Tilaukset www.qiagen.com/shop | Tekninen tuki support.qiagen.com | Sivusto www.qiagen.com
