

기술 설명서

# Maxwell<sup>®</sup> CSC Genomic DNA Kit

제품 사용 지침서  
AS1850

**주의:** 카트리지를 주의하여 취급하십시오. 싺 부분의 모서리가 날카로울 수 있습니다.

# Maxwell<sup>®</sup> CSC Genomic DNA Kit

모든 기술 관련 문헌은 [www.promega.com/protocols/](http://www.promega.com/protocols/)에서 이용하실 수 있습니다.  
 본 기술 설명서의 최신 버전을 사용하고 있는지 확인하기 위해 웹 사이트를 방문하십시오.  
 본 시스템의 사용에 대해 궁금한 점이 있으면 [Promega Technical Services\(techserv@promega.com\)](mailto:Techserv@promega.com)로 이메일을 보내 주십시오.

1. 설명 .....	2
2. 제품 구성품, 보관 조건 및 기호 키 .....	3
3. 제품의 의도된 목적/의도된 사용 .....	5
4. 제품 사용 시 제한 사항 .....	5
5. 시작하기 전 준비 사항 .....	5
5.A. 전혈 및 연막 샘플 준비 .....	6
5.B. 골수 흡인 샘플 준비 .....	7
5.C. 세포 펠릿 샘플 준비 .....	8
5.D. 전혈, 연막, 골수 및 세포 펠릿 샘플로부터 용해물 준비 .....	9
5.E. 조직 샘플에서 용해물 준비 .....	10
5.F. 구강 면봉 샘플에서 용해물 준비 .....	11
5.G. Maxwell <sup>®</sup> CSC Genomic DNA Cartridge 준비 .....	12
6. Maxwell <sup>®</sup> Instrument 실행 .....	14
7. 정제 후 .....	16
8. 분석 성능 평가 .....	16
8.A. DNA 수율 .....	16
8.B. DNA 품질(순도) .....	22
8.C. 재현성 .....	28
8.D. 증폭 가능성 .....	28
8.E. 억제(간섭 물질) .....	37
8.F. 교차 오염 .....	43
9. 임상 성능 평가 .....	44
10. 문제해결 .....	45
11. 관련 제품 .....	47



Maxwell® CSC Genomic DNA Kit는 특정 국가에서만 사용할 수 있습니다.

### 1. 설명

Maxwell® CSC Genomic DNA Kit<sup>(a)</sup>는 다양한 인간 생물학적 샘플에서 유래하는 게놈 DNA(gDNA)를 효율적이며 자동화된 샘플 준비 및 정제법으로 간편하게 정제하는 표 1에 명시된 Maxwell® Instrument와 함께 사용합니다. Maxwell® CSC Instrument는 사전 조제된 시약 카트리지와 사전 프로그래밍이 된 정제법이 함께 사용하도록 설계되어 단순성과 편의성을 극대화했습니다. CSC Genomic DNA Kit를 위한 Maxwell® 실행 방법은 약 40분 이내에 Maxwell® CSC Instrument 샘플을 1개에서 최대 개수까지 처리할 수 있습니다. 정제된 DNA는 PCR 기반 분석과 같은 다양한 후속 응용 분야에서 직접 사용할 수 있습니다.

표 1. 지원 장비.

장비	Cat.#	기술 설명서	최대 샘플 수
Maxwell® CSC	AS6000	TM457	16
Maxwell® CSC 48	AS8000	TM623	48

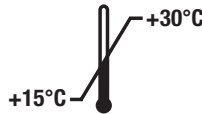
### 방법 원리

Maxwell® CSC Genomic DNA Kit는 gDNA의 샘플 포획, 세척 및 정제법을 최적화하기 위해 이동성 고체상을 제공하는 상자성 입자를 사용하여 핵산을 정제합니다. Maxwell® Instruments는 자성 입자 처리 기기로 미리 채워진 카트리지의 첫 번째 웰에 있는 상자성 입자와 핵산을 효율적으로 결합합니다. 샘플은 gDNA 용출 전 일련의 세척을 통해 처리됩니다. 이러한 자성 포획의 접근 방식은 팁이 막히거나 시약의 일부만 전달하는 등 일반적인 문제를 방지할 수 있습니다. 이런 문제들은 다른 일반적으로 사용되는 자동화 시스템에서 부적절한 정제 처리를 야기합니다.

## 2. 제품 구성품, 보관 조건 및 기호 키

제품	크기	CAT.#
Maxwell® CSC Genomic DNA Kit	48회 전처리	AS1850

체외 진단용. 전문가 전용. 다양한 인간 생물학적 샘플로부터 48회 자동 분리를 위한 충분한 시약이 포함됨. 카트리지는 일회용입니다.



포함 품목:

- 2 × 1ml Proteinase K(PK) 용액
- 1ml RN아제 A 용액
- 20ml Lysis 버퍼
- 20ml 용균 촉진자(LE2)
- 48 Maxwell® CSC Cartridges(CSCQ)
- 50 CSC/RSC 플런저
- 50 용출 튜브(0.5ml)
- 20ml 용출완충액

**보관 조건:** Maxwell® CSC Genomic DNA Kit는 +15°C에서 +30°C 사이에 보관하십시오.



**안전 정보:** The Maxwell® CSC Cartridges(CSCQ)는 에탄올 및 이소프로판올을 포함하고 있습니다. 이 물질들은 가연성이며 유해하고 자극을 유발하는 물질로 간주되어야 합니다. 자세한 안전 정보는 안전보건자료(SDS)를 참조합니다. 이 시스템에 사용되는 모든 화학 폐기물을 취급하고 폐기하기 위해 해당 연구소의 지침을 준수하십시오.



Maxwell® CSC Cartridges(CSCQ)는 잠재적인 감염 물질과 함께 사용하도록 설계되었습니다. 감염 물질을 취급하는 경우 적절한 보호 장비(예: 장갑 및 고글)를 착용하십시오. 이 시스템에 사용되는 모든 감염 물질의 취급 및 폐기는 해당 연구소의 지침을 준수하십시오.



**주의:** 카트리지를 주의하여 취급하십시오. 쉘 부분의 모서리가 날카로울 수 있습니다.

**추가 정보:** Maxwell® CSC Genomic DNA Kit의 구성품은 키트와 함께 작동될 수 있도록 적합성 및 품질 관리 검사를 받았습니다. 다른 키트 로트 간에 키트 구성품을 섞어서 사용하지 마십시오. 키트에 제공된 구성품만 사용하십시오. 추가 안전 정보에 대하여, 다음 주소에 있는 안전보건자료(SDS)를 참조하십시오:

[www.promega.com](http://www.promega.com).

2. 제품 구성품, 보관 조건 및 기호 키(계속)

기호 키

기호	설명	기호	설명
	체외 진단용 의료 기기		공인된 대리점
	+15°C에서 +30°C에서 보관하십시오.		제조사
	건강 위험		부식성
	자극성		가연성
	Conformité Européenne		“n”회 테스트에 충분한 분량 포함
	경고. 펀치 포인트 위험.		주의
	로트 번호		경고. 생물 재해.
	재사용 금지		카탈로그 번호

### 3. 제품의 의도된 목적/의도된 사용

Maxwell® CSC Genomic DNA Kit는 다양한 인간 생물학적 샘플에서 유래하는 게놈 DNA의 자동화된 분리를 수행하기 위한 체외 진단(IVD) 의료 장치로, Maxwell® CSC Instrument, Maxwell® CSC 및 Maxwell® CSC 48 Genomic DNA 정제법과 함께 사용할 수 있습니다. 정제된 게놈 DNA는 증폭 기반 체외 진단 분석에 사용하기에 적합합니다.

Maxwell® CSC Genomic DNA Kit는 15–30°C 사이 온도에서 사용하게 되어 있습니다. 이 온도 범위를 벗어나는 사용은 부적절한 결과를 야기할 수 있습니다.

Maxwell® CSC Genomic DNA Kit는 전문적인 목적으로만 사용할 수 있습니다. 이 시스템으로 정제된 게놈 DNA를 사용하여 획득한 진단 결과는 다른 임상 또는 실험실 데이터와 연계하여 해석되어야 합니다.

### 4. 제품 사용 시 제한 사항

Maxwell® CSC Genomic DNA Kit는 인간의 전혈, 연막, 골수, 구강 면봉, 조직 및 세포 샘플로 검증되었습니다. 사용자는 다른 샘플 유형에서 DNA를 추출하기 위해 이 키트를 사용하는 것을 검증할 책임이 있습니다.

Maxwell® CSC Genomic DNA Kit로 정제한 DNA를 사용하는 후속 진단 응용분야는 적절하게 제어되어야 합니다. 후속 진단 응용 분야에 필요한 성능 특성을 검증하는 것은 사용자의 책임입니다.

### 5. 시작하기 전 준비 사항

#### 사용자가 준비해야 하는 재료

- 벤치 탑 볼텍싱 믹서
- 샘플을 미리 채워진 시약 카트리지로 옮기기 위한 피펫터 및 피펫
- 샘플 배양용 1.5–2.0ml 튜브가 권장됩니다(예: 마이크로튜브, 1.5ml, [Cat.# V1231]). 다른 튜브 유형은 실험실에서 평가해야 합니다.
- 56°C로 설정된 건조 열 블록, 수조 또는 열 믹서
- 세포 펠릿(섹션 5.C) 및 조직 샘플(섹션 5.E)용 이온 제거수 또는 Nuclease-Free Water(Cat.# MC1191)
- 소변에서 확보된 세포 펠릿 샘플(섹션 5.C)용 1X 인산염 버퍼 식염수(PBS)
- **선택 사항:** 구강 면봉 샘플(섹션 5.F)용 클리어링 컬럼(Cat.# Z3871)
- **선택 사항:** 회전 튜브 믹서

## 5.A. 전혈 및 연막 샘플 준비

### 샘플 처리 능력

전혈 및 연막 샘플의 총 게놈 DNA 수율은 샘플량과 밀리리터당 백혈구(WBC) 수에 따라 달라집니다. 이러한 샘플 유형의 경우, 50–300 $\mu$ l의 샘플 용량 범위를 사용할 수 있습니다. 개발 과정에서  $4 \times 10^6$ 에서  $10 \times 10^6$  WBC/ml 범위의 전혈에서 준비한 전혈 및 연막이 시험되었으며 적절한 성능을 제공하는 것으로 확인되었습니다. 이 범위를 벗어난 샘플은 추출 화학 물질과 호환될 수 있지만 추출 성능 및 후속 분석과의 호환성은 실험실에서 평가해야 합니다.

50–200 $\mu$ l의 용출량 범위는 전혈 샘플에 사용할 수 있습니다. 연막 샘플은 일반적으로 많은 양의 게놈 DNA를 생성하기 때문에 200 $\mu$ l의 가장 효과적인 용출을 하는 것이 좋습니다. 50–200 $\mu$ l의 용출량 범위는 연막 샘플에 사용할 수 있지만 200 $\mu$ l 미만의 용출량은 최적의 결과를 얻지 못할 수 있습니다.

### 참고:

- a. 이 키트는 EDTA, 구연산 또는 헤파린 튜브에 수집된 인간 전혈에서 확보된 인간 전혈 및 연막 샘플로 시험되었습니다. 다른 유형의 혈액 수집 튜브와 함께 이 키트의 성능은 사용자가 평가해야 합니다.
  - b. 이 키트는 다음 조건에서 보관된 혈액 및 연막 샘플로 시험되었습니다. DNA 정제법을 수행하기 전에 15–30°C에서 최대 72시간까지 보관, 2–10°C에서 최대 7일까지 보관 또는 –65°C 이하에서 보관. 다른 샘플 보관 조건은 적절한 성능을 제공할 수 있지만 실험실에서 평가해야 합니다. 냉동 샘플을 처리하기 전에 완전히 해동해야 합니다. 모든 혈액 및 연막 샘플은 사용하기 전에 완전히 혼합해야 합니다.
1. 모든 혈액 및 연막 샘플을 15–30°C에서 최소 5분 동안 혼합하십시오. 이는 회전 튜브 믹서를 사용하거나 볼텍싱 믹서로 간헐적으로 혼합하여 수행할 수 있습니다.
  2. 용해물 준비 지침을 위해 섹션 5.D를 진행합니다.

## 5.B. 골수 흡인 샘플 준비

### 샘플 처리 능력

골수 흡인 샘플의 총 게놈 DNA 수율은 처리되는 세포의 총 수에 따라 달라집니다. 개발 과정에서 50–300 $\mu$ l 용량 범위의 골수 흡인 검체가 시험되었으며 적절한 성능을 제공하는 것으로 확인되었습니다. 이 범위를 벗어난 샘플은 추출 화학 물질과 호환될 수 있지만 추출 성능 및 후속 분석과의 호환성은 실험실에서 평가해야 합니다.

골수 흡인 샘플은 일반적으로 많은 양의 게놈 DNA를 생성하기 때문에 200 $\mu$ l의 가장 효과적인 용출을 하는 것이 좋습니다. 50–200 $\mu$ l의 용출량 범위는 골수 샘플에 사용할 수 있지만 200 $\mu$ l 미만의 용출량은 최적의 결과를 얻지 못할 수 있습니다.

### 참고:

- a. 이 키트는 EDTA, 구연산 또는 헤파린 튜브에 수집된 인간 연막 흡인 샘플로 시험되었습니다. 다른 유형의 혈액 수집 튜브와 함께 이 키트의 성능은 사용자가 평가해야 합니다.
  - b. 이 키트는 DNA 정제법을 수행하기 전에 냉동 보관(–65°C 이하에서 보관)된 골수 흡인 샘플로 시험되었습니다. 다른 샘플 보관 조건은 적절한 성능을 제공할 수 있지만 실험실에서 평가해야 합니다. 냉동 샘플을 처리하기 전에 완전히 해동해야 합니다. 모든 골수 흡인 샘플은 사용하기 전에 완전히 혼합해야 합니다.
1. 모든 골수 흡인 샘플을 최소 30분 동안 15–30°C에서 회전 튜브 믹서를 사용하거나 볼텍싱 믹서로 간헐적으로 혼합하십시오.
  2. 용해물 준비 지침을 위해 섹션 5.D를 진행합니다.

### 5.C. 세포 펠릿 샘플 준비

#### 샘플 처리 능력

세포 펠릿은 생물학적 유체(예: 소변 또는 양수), 정제된 세포(예: 말초 혈액 단핵 세포) 또는 배양된 세포를 포함한 다양한 샘플 유형에서 생성될 수 있습니다. 샘플의 원심분리법은 세포 펠릿을 생성하는 데 사용되며, 그 펠릿은 핵산 분해 효소가 없는 300µl의 물에 재현탁됩니다. 세포 펠릿 샘플에서 총 게놈 DNA의 수율은 샘플에 존재하는 세포의 수에 따라 달라집니다. 개발 과정에서 최대  $5 \times 10^6$ 개의 세포의 세포 펠릿이 시험되었으며(표 2 참조) 적절한 성능을 제공하는 것으로 확인되었습니다. 이 범위를 벗어난 샘플은 추출 화학 물질과 호환될 수 있지만 추출 성능 및 후속 분석과의 호환성은 실험실에서 평가해야 합니다.

**표 2. 평가된 세포 펠릿 샘플 유형.**

샘플 유형	시험된 샘플 범위	권장 용출량
소변	15–50ml	50µl
양수	1–5ml	50µl
말초 혈액 단핵 세포(PBMC)	$5 \times 10^4$ – $5 \times 10^6$ 세포	50–200µl
배양된 세포	$5 \times 10^2$ – $5 \times 10^6$ 세포	50–200µl

세포 펠릿 샘플의 경우, 50–200µl의 용출량 범위를 사용하십시오. 세포 펠릿에서 낮은 세포 수를 생성하는 샘플을 처리할 때는 50µl 용출량을 사용하는 것이 좋습니다. 세포가 더 많은 샘플의 경우, 용출량이 클수록 게놈 DNA 수율이 높아질 수 있습니다. 실험실에서는 주어진 세포 펠릿 샘플 유형에 대한 용출량이 후속 분석에 충분한 순도와 농도를 제공하는지 확인해야 합니다.

#### 참고:

- a. 이 키트는 DNA 정제법을 수행하기 전에 세포 펠릿 생성 직후 처리된 세포 펠릿 샘플로 시험되었으며 냉동 보관(–65°C 이하에서 보관)되었습니다. 다른 샘플 보관 조건은 적절한 성능을 제공할 수 있지만 실험실에서 평가해야 합니다. 냉동 샘플을 처리하기 전에 완전히 해동해야 합니다.
  - b. 샘플을 동결하고자 하는 경우에는 세포 펠릿을 생성한 후 샘플을 냉동 보관해야 합니다. 동결 및 해동된 샘플로부터 세포 펠릿을 수집하면 성능이 저하될 수 있습니다.
1. 원하는 샘플 용량을 최소 2,000 × g의 속도로 20분 동안 원심 분리하여 세포 펠릿을 생성합니다.
    - a. 소변 샘플의 경우, 1X PBS 750µl를 재현탁하여 세포 펠릿을 세척합니다.
    - b. PBS 부유 샘플을 원심 분리하여 세포 펠릿을 생성합니다.
  2. 펠릿 세포에서 액체를 빼거나 흡인합니다. 핵산 분해 효소가 없는 300µl의 물에 펠릿을 재현탁합니다.
  3. 용해물 준비 지침을 위해 섹션 5.D를 진행합니다.

#### 5.D. 전혈, 연막, 골수 및 세포 펠릿 샘플로부터 용해물 준비

1. 56°C로 설정된 열 블록에 맞춰서 배양 튜브를 준비하고 라벨을 부착합니다.
2. 각 배양 튜브에 Proteinase K(PK) 용액 30µl를 첨가하십시오.
3. 원하는 샘플 용량을 각 배양 튜브로 옮깁니다. 교차 오염을 방지하기 위해 각 샘플을 옮기는 사이에 피펫 팁을 교체하십시오.  
**참고:** 응고, 지방 또는 기타 고체 물질을 배양 튜브로 옮기면 샘플 용해 상태가 불량해질 수 있습니다. 액체 샘플만 배양 튜브로 옮기십시오.
4. 각 튜브를 10초 동안 최대 속도로 캡 및 볼텍싱하십시오.
5. 용균 촉진자(LE2) 300µl를 각 배양 튜브에 넣으십시오. 교차 오염을 방지하기 위해 LE2(용균 촉진자)를 분사할 때마다 피펫 팁을 교체하십시오.  
**참고:** 혼합 또는 볼텍싱을 하지 않고 6단계로 진행하십시오.
6. 각 배양 튜브에 Lysis 버퍼 300µl를 첨가하십시오. 교차 오염을 방지하기 위해 각 Lysis 버퍼를 분사할 때마다 피펫 팁을 교체하십시오.
7. 각 튜브를 10초 동안 최대 속도로 캡 및 볼텍싱하십시오.  
**참고:** 볼텍싱이 균질한 용해물을 발생한 것을 확인합니다.
8. 각 튜브를 56°C 열 블록에서 20분 동안 배양하십시오. 배양하는 동안 섹션 5.G에 기술된 바와 같이 Maxwell® CSC 카트리지를 준비합니다.
9. 각 튜브를 10초 동안 최대 속도로 볼텍싱하십시오.
10. 배양 튜브의 각 용해물 샘플을 별도의 카트리지의 웰 #1에 옮기고, 옮긴 후 5-10회 흡입 및 분사하여 웰 #1의 결합액과 잘 혼합하여 균질한 혼합물을 만듭니다(웰 #1은 카트리지의 가장 큰 웰임). 샘플 교차 오염을 방지하기 위해 각 샘플을 옮기는 사이에 피펫 팁을 교체하십시오.  
**참고:** 카트리지 웰 #1에서 샘플 용해물과 결합액의 균질한 혼합물을 생성하지 못하면 최종 용출액의 수율과 순도가 감소할 수 있습니다.

## 5.E. 조직 샘플에서 용해물 준비

### 샘플 처리 능력

조직 샘플의 총 게놈 DNA 수율은 처리되는 조직의 질량과 유형에 따라 달라집니다. 조직 샘플의 경우, 5–50mg의 샘플 범위를 사용할 수 있습니다. 개발 과정에서 심장, 췌장, 뇌 및 유방 조직 샘플이 예시로 평가되어 적절한 성능을 제공하는 것으로 확인되었습니다. 더 넓은 범위의 조직 유형은 추출 화학 물질과 호환될 수 있지만 추출 성능 및 후속 분석과의 호환성은 실험실에서 평가해야 합니다.

50–200µl의 용출량 범위는 조직 샘플에 사용할 수 있습니다. 사용할 용출 버퍼의 용출량은 처리되는 조직의 질량과 유형에 따라 달라집니다. 실험실에서 처리되는 조직 질량 및 유형에 대해 후속 분석에서 적절한 성능을 제공하는 용출량을 평가해야 합니다.

**참고:** 이 키트는 DNA 정제법을 수행하기 전에 냉동 보관(-65°C 이하에서 보관)된 조직 샘플로 시험되었습니다. 다른 샘플 보관 조건은 적절한 성능을 제공할 수 있지만 실험실에서 평가해야 합니다. 냉동 샘플을 처리하기 전에 완전히 해동해야 합니다.

1. 조직 샘플을 용해하려면 건조 열 블록, 수조 또는 열 믹서의 온도를 56°C로 설정합니다. 원하는 가열 옵션에 맞는 배양 튜브를 준비하고 라벨을 붙입니다.
2. 각 튜브에 5–50mg의 조직을 옮깁니다. 조직을 더 작은 조각으로 자르면 용해 시간을 단축할 수 있습니다. 튜브를 최고 속도로 15초간 원심 분리하여 튜브 바닥에 있는 조직 조각을 수집합니다.
3. 각각의 배양 튜브에 Nuclease-Free Water(Cat.# MC1191 또는 동급) 300µl를 첨가하십시오.
4. 각 배양 튜브에 Proteinase K(PK) 용액 30µl를 첨가하십시오. 교차 오염을 방지하기 위해 각 Proteinase K(PK) 용액을 분사할 때마다 피펫 팁을 교체하십시오.
5. 각 튜브를 10초 동안 최대 속도로 캡 및 볼텍싱하십시오.
6. 각 배양 튜브에 용균 촉진자(LE2) 300µl를 첨가하십시오. 교차 오염을 방지하기 위해 LY2(용균 촉진자)를 분사할 때마다 피펫 팁을 교체하십시오.
7. 각 튜브를 10초 동안 최대 속도로 캡 및 볼텍싱하십시오.
8. 다음 옵션 중 하나를 사용하여 각 튜브를 56°C에서 배양합니다.
  - a. 열 믹서의 경우, 최대 2시간 동안 높은 진탕 속도(예: 1,500rpm)를 사용합니다.
  - b. 건조 열 블록 또는 온수 욕조 히터를 사용하여 최소 16시간 동안 흔들지 말고 사용하십시오.
9. 각 튜브를 10초 동안 최대 속도로 볼텍싱하십시오.
10. 각 튜브를 최대 속도로 5분 동안 마이크로 원심분리기에서 원심 분리하여 소화되지 않은 물질을 펠릿으로 만듭니다.
11. 각 배양 튜브의 모든 상청액을 새 튜브로 옮깁니다. 펠릿 물질을 옮기지 마십시오. 원심 분리 후 다른 지방층이 샘플 위에 나타나면 해당 층을 새 튜브로 옮기지 마십시오.
12. 각 새 튜브에 Lysis 버퍼 300µl를 첨가하십시오. 교차 오염을 방지하기 위해 각 Lysis 버퍼를 분사할 때마다 피펫 팁을 교체하십시오.
13. 각 튜브를 10초 동안 최대 속도로 캡 및 볼텍싱하십시오.

14. 섹션 5.G에 기술된 바와 같이 카트리지를 준비합니다.
15. 각 튜브의 조직 용해물 샘플을 별도의 카트리지의 웰 #1에 옮기고, 옮긴 후 10회 이상 흡입 및 분사하여 웰 #1의 결합액과 잘 혼합하여 균질한 혼합물을 만듭니다(웰 #1은 카트리지의 가장 큰 웰임). 샘플 교차 오염을 방지하기 위해 각 샘플을 옮기는 사이에 피펫 팁을 교체하십시오.

**참고:**

- a. 배양 튜브에서 새로운 튜브로 조직 펠릿이나 지방층을 옮기면 수율이나 순도가 떨어질 수 있습니다.
- b. 카트리지 웰 #1에서 샘플 용해물과 결합액의 균질한 혼합물을 생성하지 못하면 최종 용출액의 수율과 순도가 감소할 수 있습니다.

**5.F. 구강 면봉 샘플에서 용해물 준비**

**샘플 처리 능력**

구강 면봉 샘플의 총 게놈 DNA 수율은 구강 세포가 면봉으로 얼마나 잘 옮겨졌는지에 달려 있습니다. 개발 과정에서 1, 2개의 구강 면봉이 시험되어 적절한 성능을 제공했습니다. 50–200µl의 용출량 범위는 구강 면봉 샘플에 사용할 수 있습니다. 실험실에서는 후속 분석에 충분한 순도와 농도를 제공하는 구강 면봉 샘플에 대한 용출량을 선택해야 합니다.

**참고:** 이 키트는 DNA 정제법을 수행하기 전에 15–30°C에서 보관된 건조 구강 면봉으로 시험되었습니다. 다른 샘플 보관 조건은 적절한 성능을 제공할 수 있지만 실험실에서 평가해야 합니다.

1. 56°C로 설정된 열 블록에 맞춰서 1.5–2.0ml 배양 튜브를 준비하고 라벨을 부착합니다.
2. **용선:** 클리어링 컬럼(Cat.# Z3871)을 각 배양 튜브에 위치시키십시오.
3. 1–2개의 구강 면봉 헤드를 각 배양 튜브 또는 각 배양 튜브의 클리어링 컬럼에 위치시키십시오. 튜브 또는 면봉 헤드가 들어 있는 컬럼에서 캡이 닫힐 수 있도록 면봉 헤드 위의 면봉 막대를 자르거나 부러뜨려 면봉 헤드에서 막대를 제거합니다.
4. 별도의 튜브에 각 샘플에 대해 용균 촉진자(LE2) 300 µl와 Proteinase K(PK) 용액 30µl와 하나의 추가 샘플을 결합합니다. 아래 표를 참조하십시오. 예를 들어 16개의 샘플을 처리하기 위해서는  $300\mu\text{l} \times 17 = 5,100\mu\text{l}$  용균 촉진자(LE2)와  $30\mu\text{l} \times 17 = 510\mu\text{l}$  Proteinase K를 결합하여 17개의 반응에 대한 마스터 믹스를 만듭니다.

시약	용량/반응수	반응수 (샘플 번호 + 1)	합계
용균 촉진자(LE2)	300µl	n+1	$300 \times (n+1)\mu\text{l}$
Proteinase K(PK) 용액	30µl	n+1	$30 \times (n+1)\mu\text{l}$

5. 용균 촉진자(LE2)/Proteinase K(PK) 용액을 10회 이상 뒤집어 혼합합니다.
6. 각 샘플에 용균 촉진자(LE2)/Proteinase K(PK) 용액을 330µl씩 넣고 튜브를 닫습니다. 교차 오염을 방지하기 위해 각 용균 촉진자(LE2)/Proteinase K(PK) 용액을 분사할 때마다 피펫 팁을 교체하십시오.
7. 각 튜브를 56°C에서 20분 동안 배양합니다. 배양하는 동안 섹션 5.G에 기술된 바와 같이 카트리지를 준비합니다.

## 5.F. 구강 면봉 샘플에서 용해물 준비(계속)

8. 다음 옵션 중 하나를 사용하여 튜브에서 면봉 헤드를 제거합니다.
  - a. 클리어링 컬럼을 사용하는 경우, 튜브를 마이크로 원심분리기에 넣고 최대 속도로 2분간 원심 분리합니다. 마이크로 원심분리기에서 튜브를 탈거하십시오. 튜브를 열고 면봉 헤드가 들어 있는 클리어링 컬럼을 탈거하여 폐기하십시오.
  - b. 클리어링 컬럼을 사용하지 않는 경우, 핀셋을 사용하여 튜브에서 면봉 헤드를 분리한 후 면봉 헤드에 남은 용해물을 조심스럽게 짜냅니다. 면봉 헤드를 폐기하십시오. 핀셋을 청소하고 교차 오염을 방지하기 위해 각 면봉 헤드를 제거할 때마다 장갑을 교체하십시오.
9. 각 카트리지의 웰 #1에 Lysis 버퍼 300 $\mu$ l를 첨가하십시오(웰 #1은 카트리지의 가장 큰 웰임).
10. 배양 튜브의 각 면봉 용해물 샘플을 별도의 카트리지의 웰 #1에 옮기고, 옮긴 후 5-10회 흡입 및 분사하여 웰 #1의 Lysis 버퍼 및 결합액과 혼합하여 균질한 혼합물을 만듭니다(웰 #1은 카트리지의 가장 큰 웰임). 샘플 교차 오염을 방지하기 위해 각 샘플을 옮기는 사이에 피펫 팁을 교체하십시오.

**참고:** 웰 #1에서 샘플 용해물, Lysis 버퍼 및 결합액의 균질한 혼합물을 생성하지 못하면 최종 용출액의 수율과 순도가 감소할 수 있습니다.

## 5.G. Maxwell® CSC Genomic DNA Cartridge 준비

1. 카트리지, CSC/RSC 플런저 및 용출 튜브(0.5ml)를 취급하기 전에 장갑을 교체하십시오. 카트리지는 기기의 외부에 있는 데크 트레이에 설치되며, 카트리지와 샘플을 포함하는 데크 트레이는 정제법을 위해 기기로 옮겨집니다. 용출 튜브에서 가장 멀리 떨어져 있는 웰 #1(카트리지의 가장 큰 웰)과 함께 데크 트레이에 각 카트리지를 위치시킵니다(그림 2). 해당 위치에 고정하기 위해 카트리지를 아래로 누릅니다. 두 카트리지 끝이 데크 트레이에 완전히 장착되었는지 확인하십시오. 전체 실험이 카트리지 상단에서 제거되도록 실험을 조심하여 벗겨내십시오. 실험 테이프와 잔여 접착제가 카트리지에서 완전히 제거되었는지 확인하십시오.



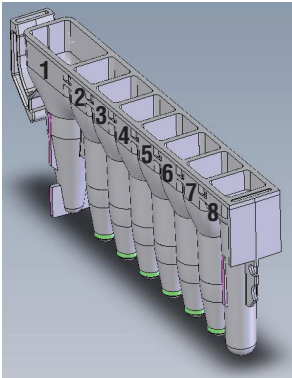
**주의:** 카트리지를 주의하여 다루십시오. 실험의 모서리가 날카로울 수 있습니다.

2. Maxwell® CSC Cartridge(CSCQ)의 웰 #3에 RN아제 A 용액 15 $\mu$ l를 첨가합니다.
3. 플런저 하나를 각 카트리지의 웰 #8에 위치시키십시오.
4. 데크 트레이에 있는 각 카트리지를 위해 용출 튜브 위치로 빈 용출 튜브를 배치하십시오.  
**참고:** Maxwell® CSC Genomic DNA Kit에서 제공된 용출 튜브만 사용하십시오. 다른 용출 튜브는 Maxwell® CSC Instrument와 호환되지 않으며 DNA 정제 성능에 영향을 미칠 수 있습니다.
5. 각 용출 튜브의 바닥으로 용출 버퍼 50-200 $\mu$ l를 첨가하십시오.  
**참고:** Maxwell® CSC Genomic DNA Kit에서 제공된 용출 버퍼만 사용하십시오. 다른 용출 버퍼를 사용하면 DNA 정제 성능에 영향을 미칠 수 있습니다.
6. 섹션 6, Maxwell® Instrument 작동으로 진행하십시오.

### Maxwell® CSC Genomic DNA Cartridge 준비 참고 사항:



데크 트레이에 유출된 표본 또는 시약 유출액은 세정 용액으로 세척하고 살균 스프레이 또는 와이프를 사용한 후 물로 씻어야 합니다. 기기의 어떠한 부분에도 표백제를 사용하지 마십시오.



#### 사용자가 첨가하는 웰 내용물

1. 용해된 샘플
3. RN아제 A 용액 15µl
8. CSC/RSC 플런저

113397A

**그림 1. Maxwell® CSC Cartridge.** 용해된 샘플은 웰 #1에 첨가되고, RN아제 A 용액 15µl는 웰 #3에 첨가되며, 플런저는 웰 #8에 첨가됩니다.



**그림 2. 데크 트레이의 설치 및 구성.** 용출 버퍼를 표시된 바와 같이 용출 튜브에 첨가하십시오. 표시된 데크 트레이는 Maxwell® CSC Instrument에서 가져온 것입니다(Cat.# AS6000).

## 6. Maxwell® Instrument 실행

자세한 정보는 Maxwell® CSC Instrument를 위한 기술 설명서를 참조하십시오. 표 1을 참조하십시오.

1. Maxwell® Instrument와 태블릿 PC를 켭니다. 태블릿 PC에 로그인하고, 바탕화면에서 아이콘을 더블 터치하여 Maxwell® IVD 모드 소프트웨어를 시작하십시오. 모든 동작 부품에 대한 자기 점검과 제 위치 확인을 통해 장비가 가동됩니다.
2. ‘홈’ 화면에서 **시작**을 누르십시오.
3. Maxwell® CSC Genomic DNA Kit의 라벨의 우측 상단 모서리에 있는 바코드를 스캔하거나 입력하고 **OK**를 눌러 실행할 방법을 자동으로 선택하십시오(그림 3).

**참고:** Maxwell® CSC Instrument에서 DNA 정제법을 하기 위해 Maxwell® CSC Genomic DNA Kit 방법 바코드는 필수입니다. 키트 라벨에는 두 개의 바코드가 있습니다. 방법 바코드는 그림 3에 표시되어 있습니다. 바코드를 스캔할 수 없으면, Promega Technical Services로 연락하십시오.



**그림 3. 스캔용 바코드를 표시하는 키트 라벨.** 정제 실행 시작을 위한 스캔용 바코드는 키트 라벨에서 빨간색 상자 안에 있습니다.

4. ‘카트리지 설정’ 화면에서 Maxwell® CSC Genomic DNA 방법이 화면 상단에 표시되는지 확인합니다. 카트리지 위치를 터치하여 추출 실행에 사용할 모든 위치를 선택 또는 선택 해제합니다. 필요한 샘플 추적 정보를 모두 입력하고 **진행** 버튼을 눌러 계속합니다.

**참고:** Maxwell® CSC 48 Instrument를 사용할 때, **앞으로** 또는 **뒤로** 버튼을 눌러 각 데크 트레이에서 카트리지 위치를 선택 또는 선택 해제할 수 있습니다.

5. 도어가 열린 후, 모든 추출 체크리스트 항목이 수행되었는지 확인하십시오. 샘플에 카트리지의 웰 #1에 첨가되었는지, 카트리가 장비에 로드되었는지, 그리고 뚜껑이 열린 용출 튜브가 용출 버퍼 및 플런저와 함께 웰 #8에 있는지 확인하십시오. 준비된 카트리지를 포함하는 데크 트레이를 Maxwell® Instrument 플랫폼으로 이동시킵니다.

**Maxwell® 데크 트레이 삽입:** 데크 트레이에서 카트리가 이탈되는 것을 방지하기 위해 데크 트레이 측면을 잡으십시오. 도어에 근접한 용출 튜브가 있는 Maxwell® Instrument에 데크 트레이가 위치되어 있는지 확인하십시오. 데크 트레이 후면 각도를 아래쪽으로 낮추어 장비 안으로 넣어 데크 트레이 후면에 장비 플랫폼의 후면에 닿을 수 있게 합니다. 데크 트레이의 전면을 눌러 데크 트레이를 장비 플랫폼에 장착합니다. 데크 트레이를 플랫폼에 맞추기 힘든 경우, 데크 트레이가 올바른 방향으로 되어 있는지 확인하십시오. 데크 트레이가 장비 플랫폼 위에 평평하게 완전히 장착되었는지 확인하십시오.

**참고:** 24-위치 Maxwell® 데크 트레이에 있는 식별자를 확인하여 장비의 전면 또는 후면에 배치해야 하는지 여부를 결정하십시오.

6. 시작 버튼을 터치하여 추출 실행을 시작합니다. 플랫폼이 들어가고 도어가 닫힙니다.



**경고:** 핀치 포인트 위험.

**참고:** 48-위치 Maxwell® Instrument를 사용한다면, 비전 시스템이 활성화된 경우 플랫폼이 닫히면서 데크 트레이가 스캔됩니다. 데크 트레이 설정의 오류(예: 플런저가 #8 웰에 들어가 있지 않고, 용출 튜브가 존재하지 않거나 열려 있음)는 소프트웨어가 '카트리지 설정' 화면으로 되돌아가게 하며, 문제 위치에는 느낌표가 들어간 빨간색 원이 표시됩니다. 오류에 대한 설명은 느낌표를 터치하고 모든 오류 상태를 해결합니다. **시작** 버튼을 다시 터치해 데크 트레이의 스캐닝을 반복하고 추출 작동을 시작합니다.

7. Maxwell® Instrument가 즉시 정제법을 실행합니다. 수행된 단계와 대략적인 잔여 실행 시간이 스크린에 표시됩니다.

**참고:**

- a. **중단** 버튼을 터치하여 실행을 중지합니다. 실행이 중단된 모든 샘플은 손실됩니다.
- b. 실행이 완료되기 전에 중단된 경우, 플런저가 여전히 플런저 막대에 장착되어 있는지 확인하라는 메시지가 표시될 수 있습니다. 플런저 막대에 플런저가 있으면 요청 시 **클린업**을 수행해야 합니다. 플런저 막대에 플런저가 없으면 요청 시 **클린업** 건너뛰기를 선택할 수 있습니다. 이 경우 샘플이 손실됩니다.

8. 실행이 완료되면, 정제가 종료되었음을 알리는 메시지가 사용자 인터페이스에 표시됩니다.

**실행 종료**

9. 실행 방법 종료 시 도어를 열기 위해 온-스크린 지침을 따르십시오. 실행 종료 시 플런저가 카트리지의 웰 #8에 위치 하는지 확인하십시오. 플런저가 플런저 막대에서 제거되지 않은 경우, Maxwell® Instrument에 대한 기술 설명서(표 1 참조)의 지침에 따라 **클린업** 절차를 수행해 플런저를 장착 해제합니다.

## 6. Maxwell® Instrument 실행(계속)

10. 실행 후 용출물의 증발을 방지하기 위해 데크 트레이를 장비에서 즉시 제거하십시오. DNA를 함유하는 용출 튜브를 제거하고 튜브를 닫으십시오.

**참고:** 자동화된 정제 과정이 지난 후, 데크 트레이가 따뜻할 것입니다. 기기 플랫폼에서 데크 트레이를 제거하기 위해, 데크 트레이의 측면을 잡으십시오.

UV 살균 프로토콜을 실행하기 전에 핵산의 손상을 방지하기 위해 기기에서 샘플을 확실히 제거하십시오.



11. Maxwell® 데크 트레이에서 카트리지와 플런저를 제거하십시오. 해당 연구소의 절차에 따라 유해 폐기물을 폐기하십시오. Maxwell® CSC Cartridges, CSC/RSC 플런저 또는 용출 튜브를 재사용하지 마십시오.

## 7. 정제 후

적절한 후속 분석에 사용하기 전에 정제된 DNA 샘플의 수율과 순도가 후속 분석의 입력 요건을 충족하는지 확인하십시오.

## 8. 분석 성능 평가

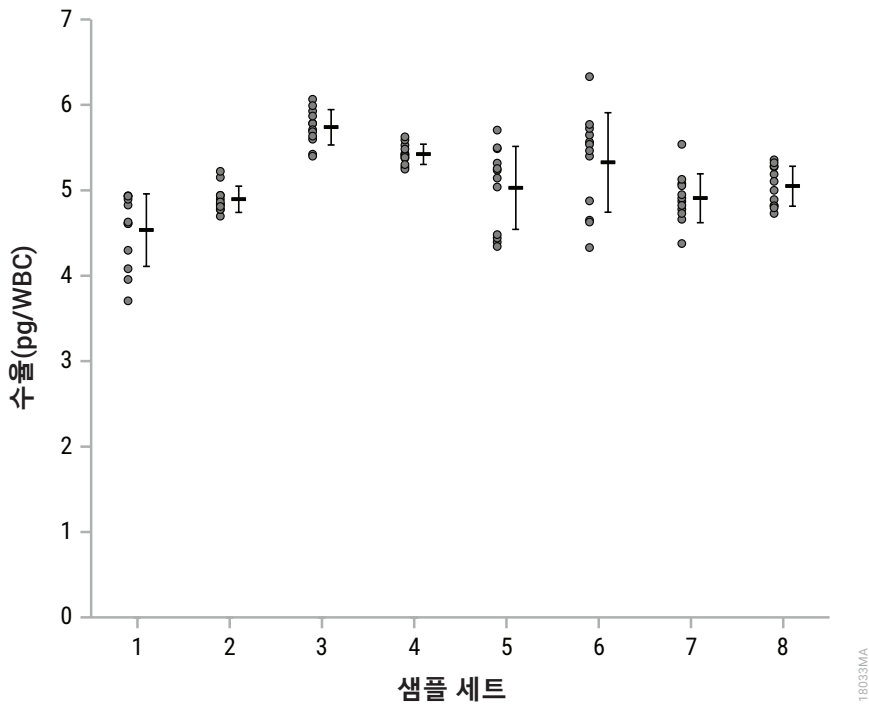
분석 성능 평가는 Maxwell® CSC Genomic DNA Kit 및 Maxwell® CSC Instruments와 함께 인간 샘플을 사용하여 수행되었습니다.

### 8.A. DNA 수율

EDTA 튜브에 수집된 신선 및 냉동 전혈에서 Maxwell® CSC Genomic DNA Kit로 정제된 DNA를 사용하여 DNA 수율을 평가했습니다. 구연산 및 헤파린 튜브에서 수집한 냉동 전혈; EDTA 튜브에서 수집한 전혈에서 생성된 신선 및 냉동 연막 샘플; 구연산 및 헤파린 튜브에서 수집한 전혈에서 생성된 냉동 연막 샘플; 1개 및 2개의 클리어링 컬럼, 심장, 뇌 조직으로 전처리된 구강 면봉; 조직 배양 세포; 및 EDTA, 구연산 및 헤파린 튜브에서 수집한 냉동 골수 흡인물.

이 섹션의 그래프와 표는 각 샘플 유형에 대해 정제된 각 복제본의 흡수 수율을 나타냅니다. 그래프의 각 점은 왼쪽의 개별 측정값을 나타내며, 표준 편차가 있는 평균은 오른쪽에 나타냅니다. 각 데이터 세트에는 Maxwell® CSC Instrument를 사용하여 정제된 복제 4개의 복제본과 Maxwell® CSC 48 Instrument를 사용하여 정제된 8개의 복제본 등 총 12개의 복제본이 포함됩니다.

그림 범례 아래의 표는 관련 그래프에 표시된 각 샘플 세트의 샘플 정보를 설명합니다.

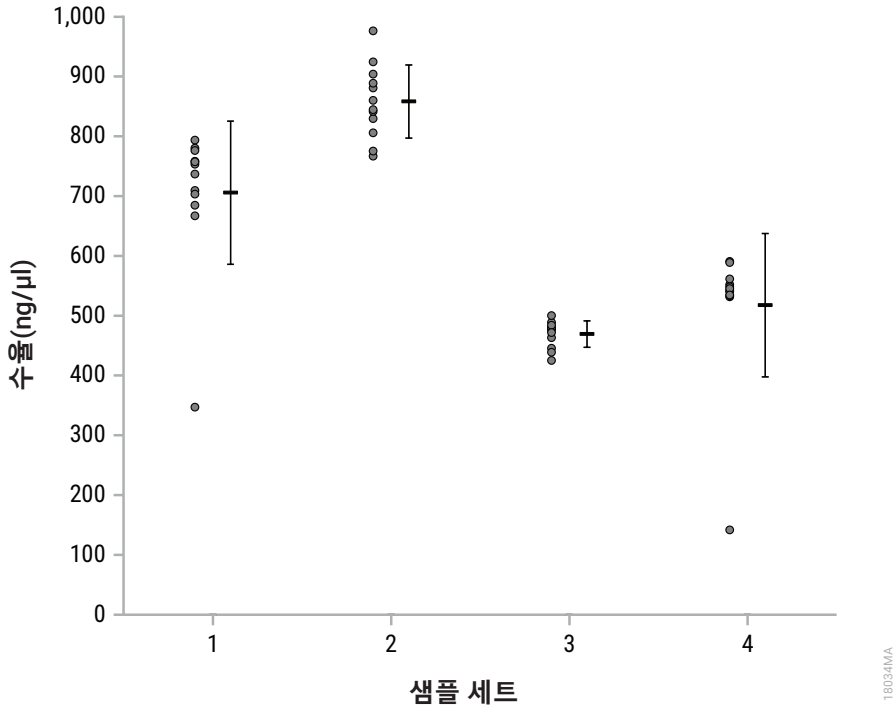
**전혈**


**그림 4. 전혈 DNA 수율.** EDTA 튜브에서 수집한 신선 및 냉동 전혈 샘플과 구연산 및 헤파린 튜브에서 수집한 냉동 전혈 샘플 300 $\mu$ l의 경우, 평균 DNA 수율은 4.5–5.7pg/WBC 범위였습니다.

샘플 세트	항응고제	보관	입력 용량( $\mu$ l)	용출량( $\mu$ l)
1	EDTA	냉동	300	50
2	EDTA	냉동	300	200
3	EDTA	신선	300	50
4	EDTA	신선	300	200
5	구연산	냉동	300	50
6	구연산	냉동	300	200
7	헤파린	냉동	300	50
8	헤파린	냉동	300	200

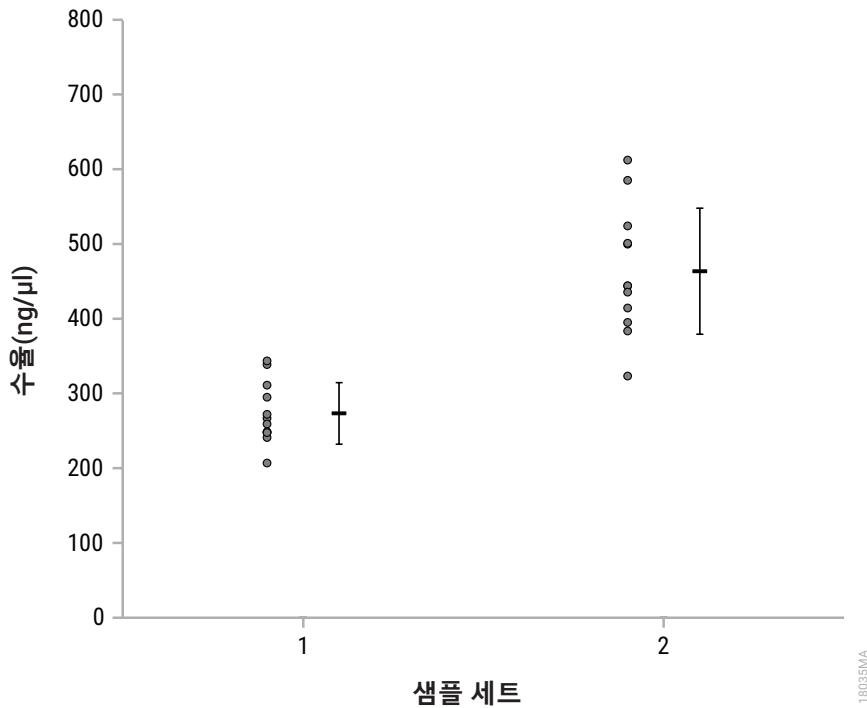
**8.A. DNA 수율(계속)**

**연막**



**그림 5. 연막 DNA 수율.** EDTA 튜브에서 수집한 전혈과 구연산 및 헤파린 튜브에서 수집한 전혈에서 생성된 냉동 연막 샘플의 경우, 샘플 입력 용량이 300μl이고 용출량이 200μl로 평균 DNA 농도는 469.3–858.2ng/μl 범위에 있었습니다.

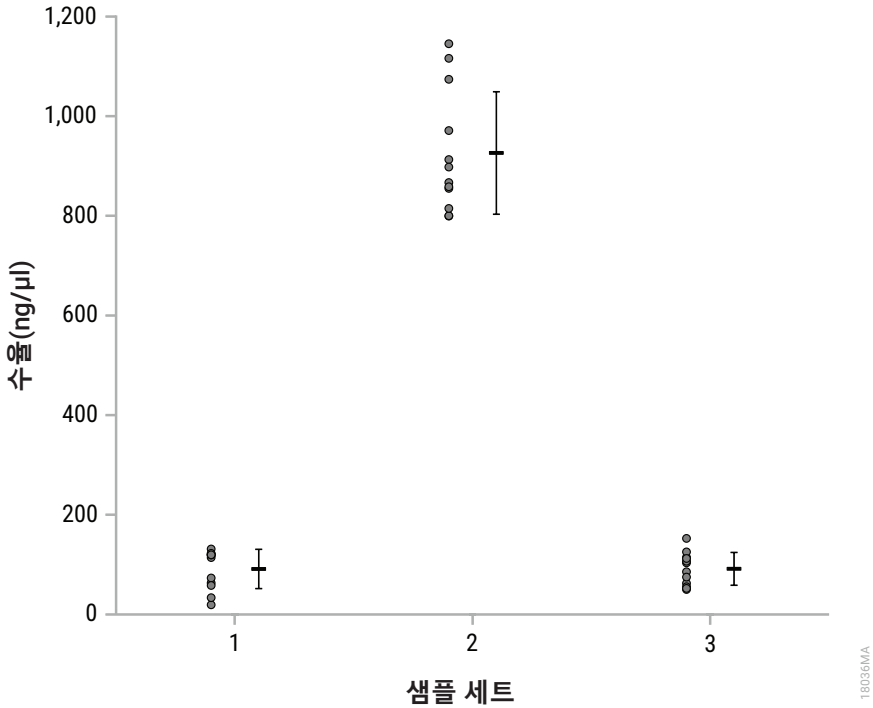
샘플 세트	항응고제	보관	입력 용량(μl)	용출량(μl)
1	EDTA	냉동	300	200
2	EDTA	신선	300	200
3	구연산	냉동	300	200
4	헤파린	냉동	300	200

**구강 면봉**


**그림 6. 구강 면봉 DNA 수율.** 클리어링 컬럼으로 전처리된 1개 및 2개 입력 구강 면봉의 경우 평균 DNA 농도는 273.2–463.5ng/μl 범위에 있었습니다. 샘플 세트 1은 1개의 면봉을 의미하고 샘플 세트 2는 2개의 면봉을 의미합니다. 모든 샘플에 용출량 50μl가 사용되었습니다.

**8.A. DNA 수율(계속)**

조직



**그림 7. 조직 DNA 수율.** 용출량이 200μl인 심장, 췌장 및 뇌 조직 50mg의 경우, 평균 DNA 농도는 91.2–926.0ng/μl 범위에 있었습니다. 샘플 세트 1은 심장 조직, 샘플 세트 2는 췌장 조직, 샘플 세트 3은 뇌 조직을 의미합니다.

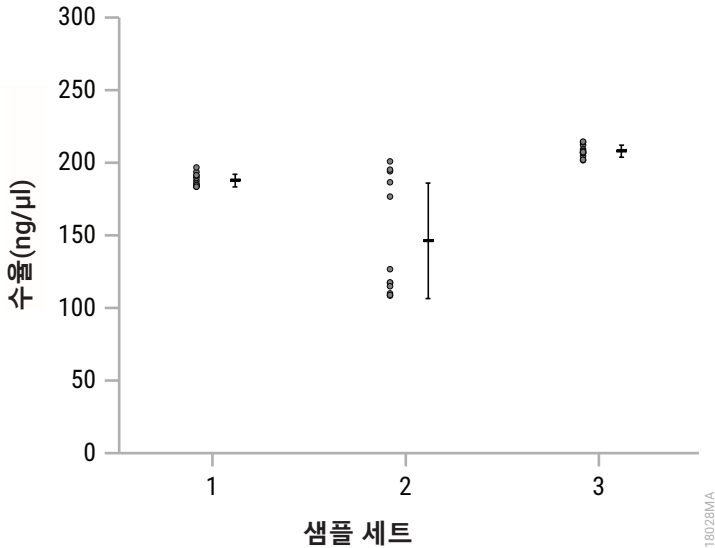
## 세포

용출량이 200 $\mu$ l인  $5 \times 10^6$  HEK293 조직 배양 세포의 경우, 평균 DNA 농도는 550.2ng/ $\mu$ l였습니다.

세포 유형	입력 세포 번호	용출량	농도(ng/ $\mu$ l)
HEK293 조직 배양 세포	$5 \times 10^6$	200 $\mu$ 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
	<b>평균</b>	550.2	

### 8.A. DNA 수율(계속)

골수



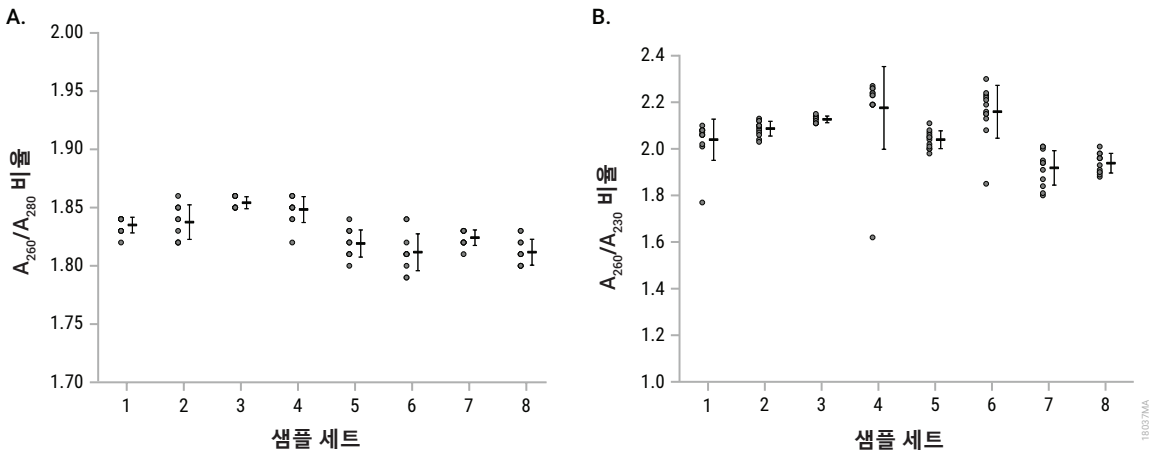
**그림 8. 골수 DNA 수율.** EDTA, 구연산, 헤파린 튜브에서 수집한 300μl의 냉동 골수 흡인물과 200μl 용출량의 경우, 평균 DNA 농도는 146.3–207.8ng/μl 범위에 있었습니다. 샘플 세트 1은 EDTA 튜브에서 수집한 골수 흡인물을, 샘플 세트 2는 구연산 튜브에서 수집한 골수 흡인물을, 샘플 세트 3은 헤파린 튜브에서 수집한 골수 흡인물을 의미합니다.

### 8.B. DNA 품질(순도)

EDTA 튜브에 수집된 신선 및 냉동 전혈에서 Maxwell® CSC Genomic DNA Kit로 정제된 DNA를 사용하여 DNA 순도를 평가했습니다. 구연산 및 헤파린 튜브에서 수집한 냉동 전혈; EDTA 튜브에서 수집한 전혈에서 생성된 신선 및 냉동 연막 샘플; 구연산 및 헤파린 튜브에서 수집한 전혈에서 생성된 냉동 연막 샘플; 1개 및 2개의 클리어링 컬럼, 심장, 채장 및 뇌 조직으로 전처리된 구강 면봉; 조직 배양 세포; 및 EDTA, 구연산 및 헤파린 튜브에서 수집한 냉동 골수 흡인물.

이 섹션의 그래프와 표는 각 샘플 유형에 대해 정제된 각 복제본의 흡수  $A_{260}/A_{280}$  및  $A_{260}/A_{230}$  순도 비율을 나타냅니다. 그래프의 각 점은 왼쪽의 개별 측정값을 나타내며, 표준 편차가 있는 평균은 오른쪽에 나타냅니다. 각 데이터 세트에는 Maxwell® CSC Instrument를 사용하여 정제된 복제 4개의 복제본과 Maxwell® CSC 48 Instrument를 사용하여 정제된 8개의 복제본 등 총 12개의 복제본이 포함됩니다.

그림 범례 아래의 표는 관련 그래프에 표시된 각 샘플 세트의 샘플 정보를 설명합니다.

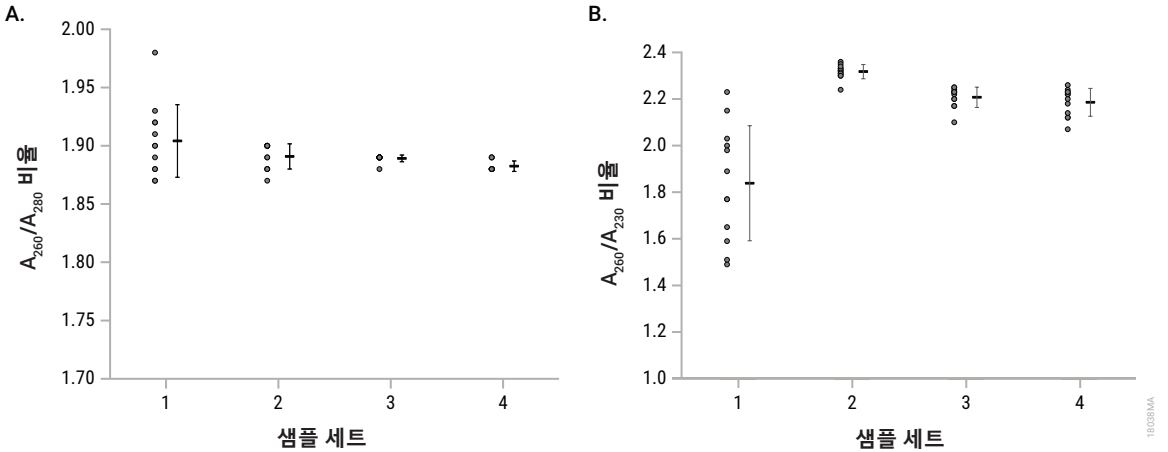
**전혈**


**그림 9. 전혈 DNA 품질.** EDTA 튜브에서 수집한 신선 및 냉동 전혈 샘플과 구연산 및 헤파린 튜브에서 수집한 냉동 전혈 샘플 300 $\mu$ l의 경우, 평균 A<sub>260</sub>/A<sub>280</sub> 비율은 1.8–1.9(**패널 A**), 평균 A<sub>260</sub>/A<sub>230</sub> 비율은 1.9–2.2(**패널 B**) 범위에 있었습니다.

샘플 세트	항응고제	보관	입력 용량( $\mu$ l)	용출량( $\mu$ l)
1	EDTA	냉동	300	50
2	EDTA	냉동	300	200
3	EDTA	신선	300	50
4	EDTA	신선	300	200
5	구연산	냉동	300	50
6	구연산	냉동	300	200
7	헤파린	냉동	300	50
8	헤파린	냉동	300	200

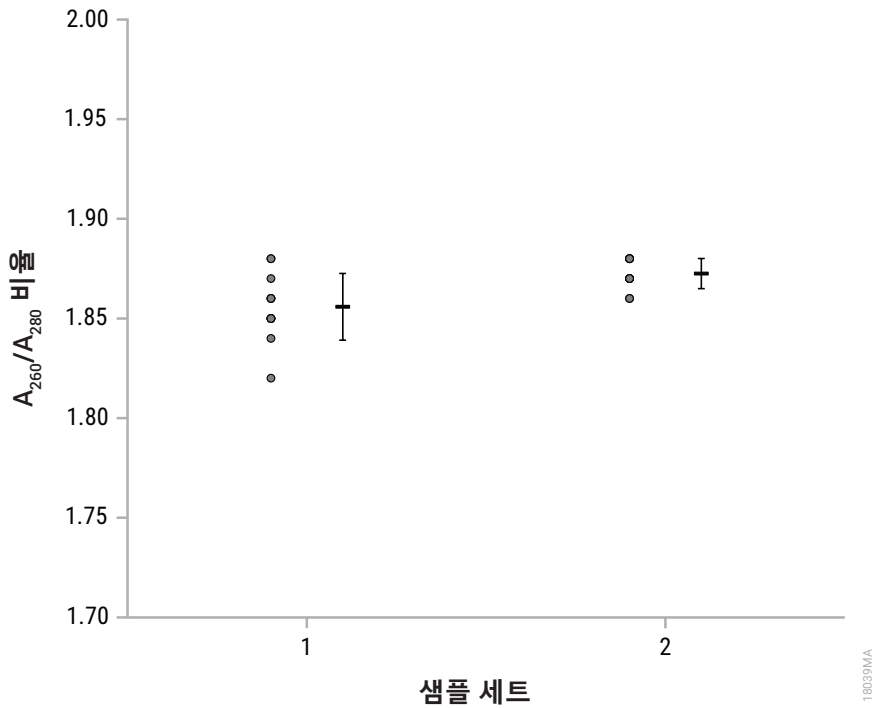
### 8.B. DNA 품질(순도; 계속)

#### 연막



**그림 10. 연막 DNA 품질.** EDTA 튜브에서 수집한 전혈과 구연산 및 헤파린 튜브에서 수집한 전혈에서 생성된 냉동 연막 샘플의 경우, 샘플 입력 용량이 300 $\mu$ l이고 용출량이 200 $\mu$ l로 평균  $A_{260}/A_{280}$  비율은 약 1.9 (패널 A) 및 평균  $A_{260}/A_{230}$  비율은 1.8–2.3 (패널 B) 범위에 있었습니다.

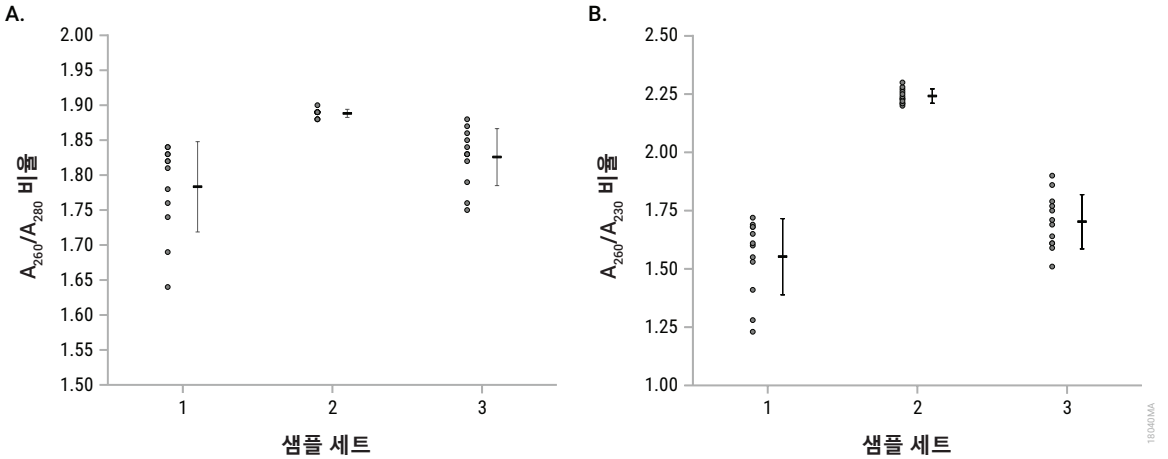
샘플 세트	항응고제	보관	입력 용량( $\mu$ l)	용출량( $\mu$ l)
1	EDTA	냉동	300	200
2	EDTA	신선	300	200
3	구연산	냉동	300	200
4	헤파린	냉동	300	200

**구강 면봉**


**그림 11. 구강 면봉 DNA 품질.** 클리어링 컬럼과 50 $\mu$ l 용출량으로 전처리된 1과 2 입력 용량의 경우, 평균  $A_{260}/A_{280}$  비율은 1.8–1.9 범위에 있었습니다. 그래프에서 샘플 세트 1은 1개의 면봉을 의미하고 샘플 세트 2는 2개의 면봉을 의미합니다.

**8.B. DNA 품질(순도; 계속)**

**조직**



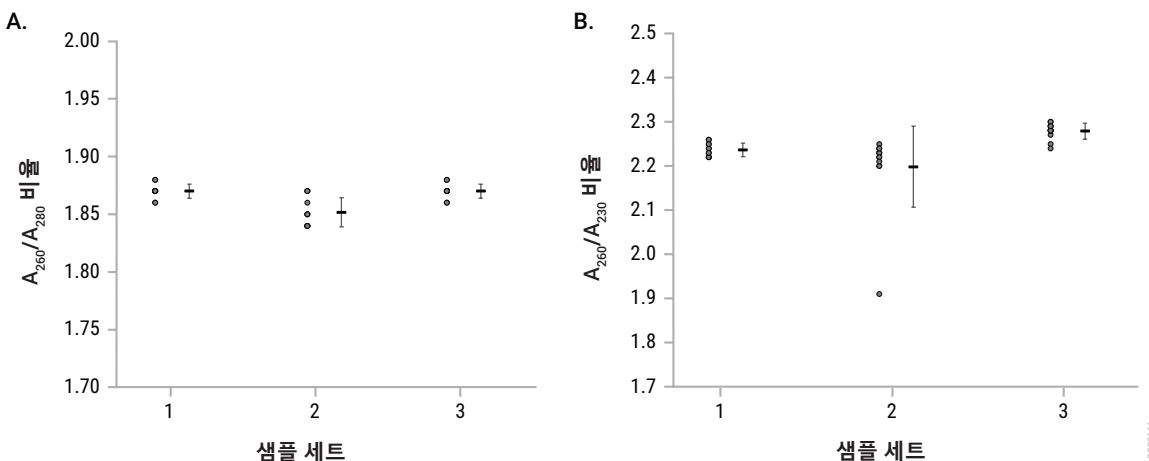
**그림 12. 조직 DNA 품질.** 용출량이 200 $\mu$ l인 심장, 채장 및 뇌 조직 50mg의 경우, 평균  $A_{260}/A_{280}$  비율은 1.7-1.9 (패널 A), 평균  $A_{260}/A_{230}$  비율은 1.5-2.3(패널 B) 범위에 있었습니다. 그래프에서 플 세트 1은 심장 조직, 샘플 세트 2는 채장 조직, 샘플 세트 3은 뇌 조직을 의미합니다.

## 세포

용출량이 200 $\mu$ l인  $5 \times 10^6$  HEK293 조직 배양 세포의 경우, 평균  $A_{260}/A_{280}$  비율은 1.9 및 평균  $A_{260}/A_{230}$  비율은 2.3이었습니다.

세포 유형	입력 세포 번호	용출량	$A_{260}/A_{280}$	$A_{260}/A_{230}$
HEK293 조직 배양 세포	$5 \times 10^6$	200 $\mu$ 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	2.2
			1.9	2.3
			1.9	2.3
			1.9	2.3
			1.9	2.3
		<b>평균</b>	1.9	2.3

## 골수



**그림 13. 골수 DNA 품질.** EDTA, 구연산 및 헤파린 튜브에서 수집한 300 $\mu$ l 골수 흡인물의 경우 용출량이 200 $\mu$ l 인 경우, 평균  $A_{260}/A_{280}$  비율은 1.8–1.9(**패널 A**), 평균  $A_{260}/A_{230}$  비율은 2.2–2.3(**패널 B**) 범위에 있었습니다. 그래프에서 샘플 세트 1은 EDTA 튜브에서 수집한 골수 흡인물을, 샘플 세트 2는 구연산 튜브에서 수집한 골수 흡인물을, 샘플 세트 3은 헤파린 튜브에서 수집한 골수 흡인물을 의미합니다.

### 8.C. 재현성

각 추출 실행 내에서 DNA 정제의 정밀도를 평가하기 위해 기기 1로 세 번 실행하는 동안 단일 인간 전혈 샘플의 300µl 복제본 8개와 기기 2로 세 번 실행하는 동안 단일 인간 전혈 샘플의 300µl 복제본 4개에서 DNA를 정제했습니다. DNA 수율은 흡광도에 의해 정량화되었고 각 기기에 대한 세 번의 실행 각각에 대해 변동 계수(백분율 CV)가 계산되었습니다. Maxwell® CSC Genomic DNA Kit를 사용한 DNA 수율은 기기 1의 경우 6–9%, 기기 2의 경우 5–12% 범위에서 실행 중 백분율 CV로 각 실행 중에서 재현 가능했습니다.

추출 실행 사이에서 DNA 정제의 정밀도를 결정하기 위해 기기 1로 세 번 실행하는 동안 단일 인간 전혈 샘플의 300µl 복제본 8개와 기기 2로 세 번 실행하는 동안 단일 인간 전혈 샘플의 300µl 복제본 4개에서 DNA를 정제했습니다. DNA 수율은 흡광도에 의해 정량화되었고 각 기기에 대해 세 번의 실행 모두에서 모든 샘플에 대해 변동 계수(백분율 CV)가 계산되었습니다. Maxwell® CSC Genomic DNA Kit를 사용한 DNA 수율은 기기 1의 경우, 7%의 실행 간 CV, 기기 2의 경우 8%의 실행 간 CV로 전체 실행에서 재현 가능했습니다.

장비	작동 번호	실행 중 백분율 CV	실행 간 백분율 CV
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. 증폭 가능성

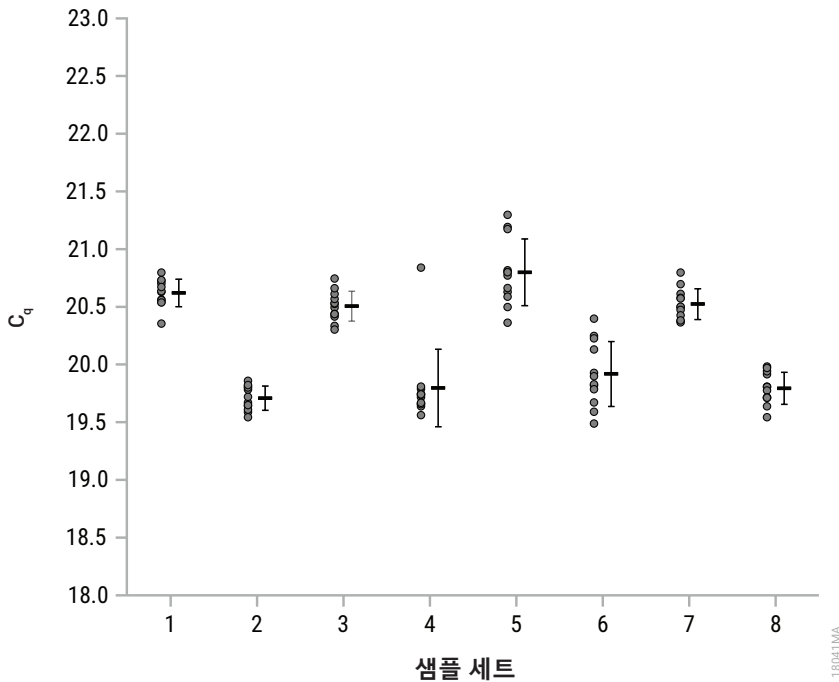
후속 증폭과의 호환성은 EDTA 튜브에서 수집한 신선 및 냉동 전혈에서 정제된 DNA, 구연산 및 헤파린 튜브에서 수집한 냉동 전혈, EDTA 튜브에서 수집한 전혈에서 생성된 신선 및 냉동 연막 샘플, CI에서 수집한 전혈에서 생성된 냉동 연막 샘플을 사용하여 평가되었습니다. 구연산 및 헤파린 튜브, 클리어링 컬럼, 심장, 채장 및 뇌 조직을 포함한 1개 및 2개의 구강 면봉, 조직 배양 세포, 양수, 소변 및 PBMC, Maxwell® CSC Genomic DNA Kit를 통해 EDTA, 구연산 및 헤파린 튜브에서 수집한 냉동 골수 흡인물.

DNA 정제는 각 샘플 유형에 대해 최고 및 최저 샘플 입력량과 용출량을 사용하여 수행되었습니다. 조직 배양 세포와 PBMC에는 또한 세포 번호 희석 시리즈가 포함되었습니다.

모든 샘플의 결과 DNA는 흡광도에 의해 정량화되고 qPCR 표준 곡선 내의 농도로 희석된 다음 300bp 표적을 사용하여 qPCR 분석을 통해 증폭되었습니다. 각 정제된 DNA 샘플에 대한  $C_q$  값과 qPCR 검사와 함께 제공되는 0.0032ng/µl 인간 게놈 DNA 표준의 3개 복제본에 대한 평균  $C_q$  값이 보고됩니다.

이 섹션의 그래프는 각 샘플 유형에 대해 정제된 각 복제본의  $C_q$  값을 나타냅니다. 그래프의 각 점은 왼쪽의 개별 측정값을 나타내며, 표준 편차가 있는 평균은 오른쪽에 나타냅니다. 각 데이터 세트에는 Maxwell® CSC Instrument를 사용하여 정제된 복제 4개의 복제본과 Maxwell® CSC 48 Instrument를 사용하여 정제된 8개의 복제본 등 총 12개의 복제본이 포함됩니다.

그림 범례 아래의 표는 관련 그래프에 표시된 각 샘플 세트의 샘플 정보를 설명합니다.

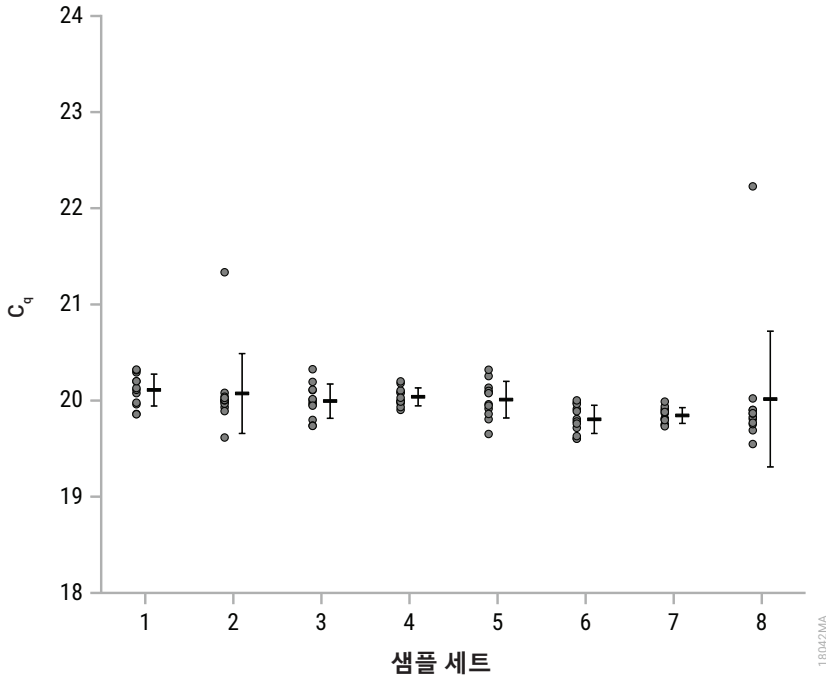
**전혈**


**그림 14. 전혈 DNA 증폭.** EDTA 튜브에서 수집한 신선 및 냉동 전혈 샘플의 경우, C<sub>q</sub> 값은 19.54–20.80 주기 범위였고, 모두 0.0032ng/μl DNA 표준(33.11 주기)의 평균 C<sub>q</sub> 값보다 훨씬 낮았습니다. 구연산과 헤파린 튜브에서 수집한 냉동 전혈 샘플의 경우, C<sub>q</sub> 값은 19.49–21.30 주기 범위였고, 모두 0.0032ng/μl DNA 표준(32.88 주기)의 평균 C<sub>q</sub> 값보다 훨씬 낮았습니다.

샘플 세트	항응고제	보관	입력 용량(μl)	용출량(μl)
1	EDTA	냉동	50	50
2	EDTA	냉동	300	200
3	EDTA	신선	50	50
4	EDTA	신선	300	200
5	구연산	냉동	50	50
6	구연산	냉동	300	200
7	헤파린	냉동	50	50
8	헤파린	냉동	300	200

### 8.D. 증폭 가능성(계속)

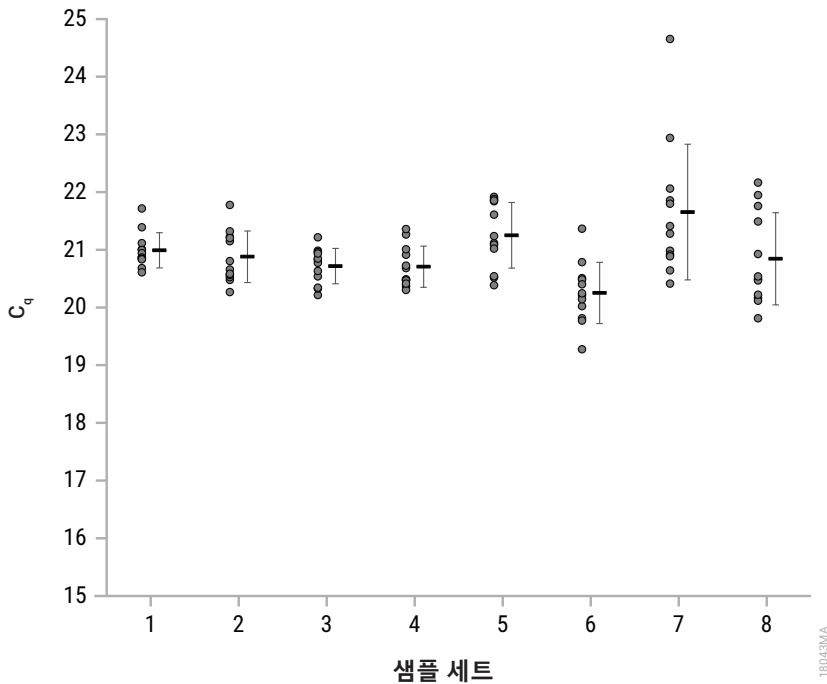
#### 연막



**그림 15. 연막 DNA 증폭.** EDTA 튜브에서 수집한 전혈에서 생성된 신선 및 냉동 연막 샘플의 경우,  $C_t$  값은 19.62–21.34 주기 범위였고, 모두 0.0032ng/μl DNA 표준(33.09 주기)의 평균  $C_t$  값보다 훨씬 낮았습니다. 구연산과 헤파린 튜브에서 수집한 전혈에서 생성된 냉동 연막 샘플의 경우,  $C_t$  값은 19.55–22.23 주기 범위였고, 모두 0.0032ng/μl DNA 표준(32.86 주기)의 평균  $C_t$  값보다 훨씬 낮았습니다.

샘플 세트	항응고제	보관	입력 용량(μl)	용출량(μl)
1	EDTA	냉동	50	50
2	EDTA	냉동	300	200
3	EDTA	신선	50	50
4	EDTA	신선	300	200
5	구연산	냉동	50	50
6	구연산	냉동	300	200
7	헤파린	냉동	50	50
8	헤파린	냉동	300	200

### 구강 면봉

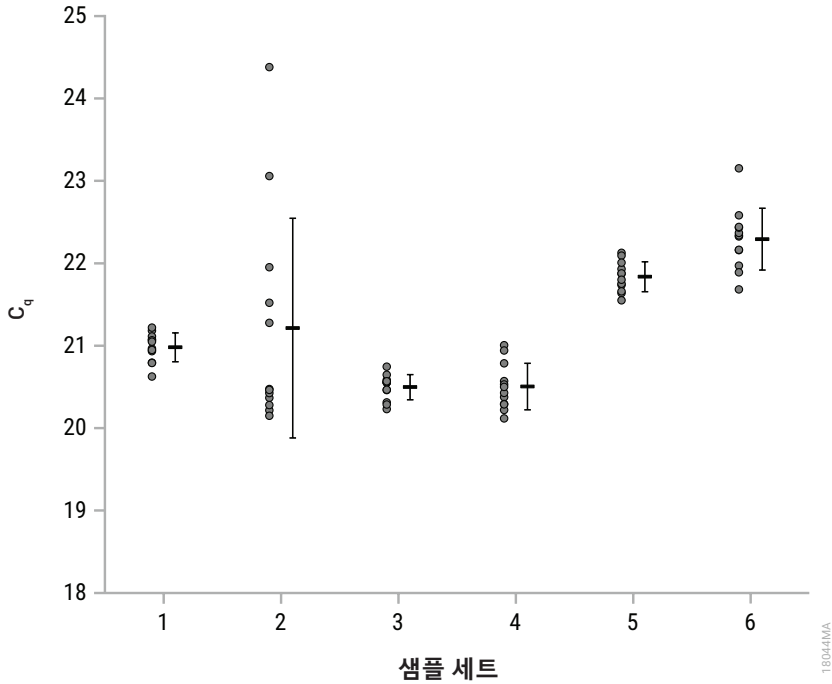


**그림 16. 구강 면봉 DNA 증폭.** 클리어링 컬럼으로 전처리된 1개 및 2개의 입력 구강 면봉의 경우, C<sub>q</sub>는 20.22–21.78 주기 범위였고, 모두 0.0032ng/μl DNA 표준(32.45 주기)의 평균 C<sub>q</sub> 값보다 훨씬 낮았습니다. 클리어링 컬럼으로 전처리된 1개 및 2개의 입력 구강 면봉의 경우, C<sub>q</sub> 값은 19.28–24.65 주기 범위였고, 모두 0.0032ng/μl DNA 표준(32.54 주기)의 평균 C<sub>q</sub> 값보다 훨씬 낮았습니다.

샘플 세트	면봉 번호	전처리	용출량(μl)
1	면봉 1개	클리어링 컬럼 포함	50
2	면봉 1개	클리어링 컬럼 포함	200
3	면봉 2개	클리어링 컬럼 포함	50
4	면봉 2개	클리어링 컬럼 포함	200
5	면봉 1개	클리어링 컬럼 비포함	50
6	면봉 1개	클리어링 컬럼 비포함	200
7	면봉 2개	클리어링 컬럼 비포함	50
8	면봉 2개	클리어링 컬럼 비포함	200

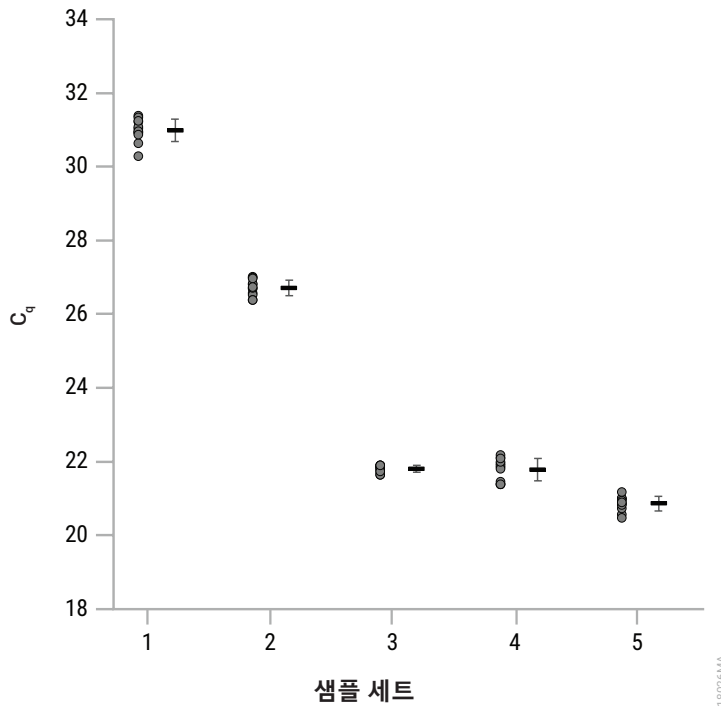
**8.D. 증폭 가능성(계속)**

**조직**



**그림 17. 조직 DNA 증폭.** 심장 및 채장 조직의 경우,  $C_q$  값은 20.12–24.38 주기 범위였고, 모두 0.0032ng/μl DNA 표준(32.98 주기)의 평균  $C_q$  값보다 훨씬 낮았습니다. 뇌 조직의 경우,  $C_q$  값은 21.55–23.15 주기 범위였고, 모두 0.0032ng/μl DNA 표준(33.68 주기)의 평균  $C_q$  값보다 훨씬 낮았습니다.

샘플 세트	조직 유형	입력 용량(mg)	용출량(μl)
1	심장	5	50
2	심장	50	200
3	채장	5	50
4	채장	50	200
5	뇌	5	50
6	뇌	50	200

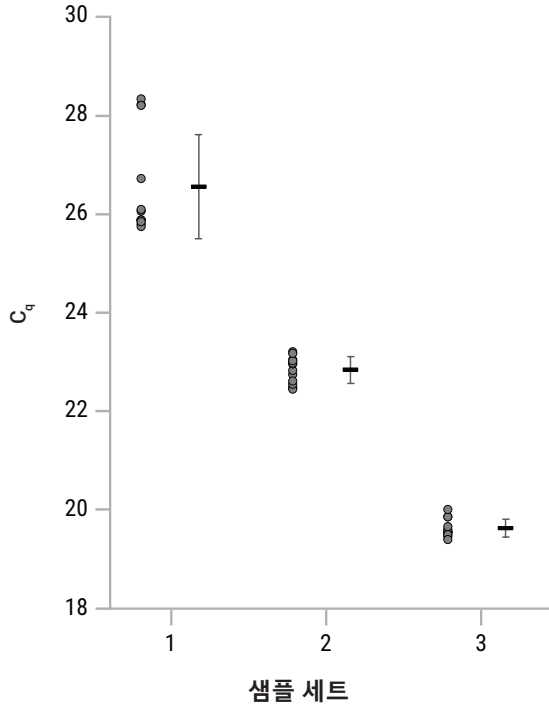
**세포**


**그림 18. 조직 배양 세포 DNA 증폭.** HEK293 조직 배양 세포 희석 시리즈의 경우,  $C_q$  값은 20.48–31.38 주기 범위였고, 모두 0.0032ng/μl DNA 표준(33.04 주기)의 평균  $C_q$  값보다 낮았습니다.

샘플 세트	세포 유형	세포 번호	용출량(μl)
1	HEK293 조직 배양 세포	$5 \times 10^2$	50
2	HEK293 조직 배양 세포	$5 \times 10^3$	50
3	HEK293 조직 배양 세포	$5 \times 10^4$	50
4	HEK293 조직 배양 세포	$5 \times 10^5$	200
5	HEK293 조직 배양 세포	$5 \times 10^6$	200

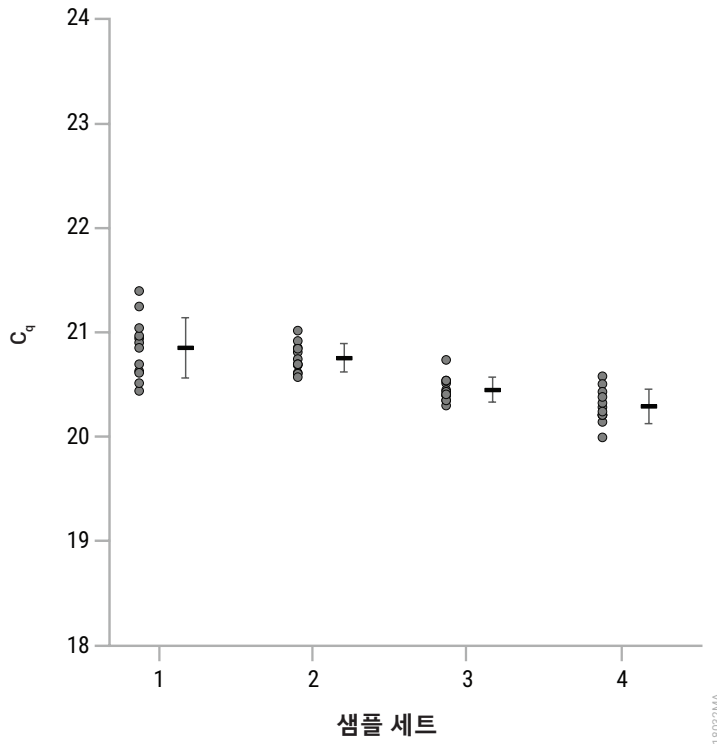
**8.D. 증폭 가능성(계속)**

**세포(계속)**



**그림 19. PBMC DNA 증폭.** PBMC 희석 시리즈의 경우, C<sub>q</sub> 값은 19.40–28.33 주기 범위였고, 모두 0.0032ng/μl DNA 표준(32.80 주기)의 평균 C<sub>q</sub> 값보다 낮았습니다.

샘플 세트	세포 유형	세포 번호	용출량(μl)
1	PBMCs	5 × 10 <sup>4</sup>	50
2	PBMCs	5 × 10 <sup>5</sup>	100
3	PBMCs	5 × 10 <sup>6</sup>	200

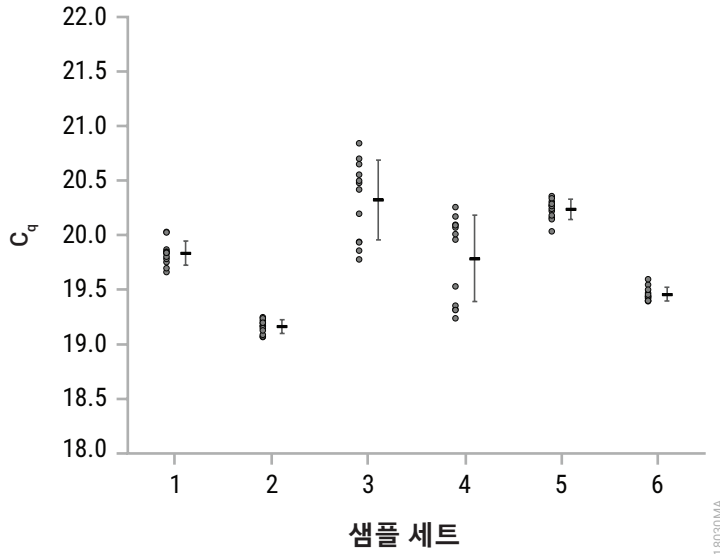


**그림 20. 소변 및 양수 DNA 증폭.** 소변과 양수 샘플에서 얻은 세포의 경우,  $C_t$  값은 20.00–21.40 주기 범위였고, 모두 0.0032ng/μl DNA 표준(32.71 주기)의 평균  $C_t$  값보다 훨씬 낮았습니다.

샘플 세트	세포 유형	입력 용량(ml)	용출량(μl)
1	소변	15	50
2	소변	50	50
3	양수	1	50
4	양수	5	50

**8.D. 증폭 가능성(계속)**

**골수**



**그림 21. 골수 DNA 증폭.** EDTA와 구연산 튜브에서 수집한 냉동 골수 흡인물의 경우,  $C_t$  값은 19.07–20.84 주기 범위였고, 모두 0.0032ng/μl DNA 표준(32.42 주기)의 평균  $C_t$  값보다 훨씬 낮았습니다. 헤파린 튜브에서 수집한 골수 흡인물의 경우,  $C_t$  값은 19.40–20.36 주기 범위였고, 모두 0.0032ng/μl DNA 표준(32.82 주기)의 평균  $C_t$  값보다 훨씬 낮았습니다.

샘플 세트	항응고제	입력 용량(μl)	용출량(μl)
1	EDTA	50	50
2	EDTA	300	200
3	구연산	50	50
4	구연산	300	200
5	헤파린	50	50
6	헤파린	300	200

## 8.E. 억제(간섭 물질)

증폭 억제는 EDTA 튜브에서 수집한 신선 및 냉동 전혈에서 정제된 DNA, 구연산 및 헤파린 튜브에서 수집한 냉동 전혈, EDTA 튜브에서 수집한 전혈에서 생성된 신선 및 냉동 연막 샘플, CI에서 수집한 전혈에서 생성된 냉동 연막 샘플을 사용하여 평가되었습니다. 구연산 및 헤파린 튜브, 클리어링 컬럼, 심장, 체장 및 뇌 조직을 포함한 1개 및 2개의 구강 면봉, 조직 배양 세포, 양수, 소변 및 PBMC, Maxwell® CSC Genomic DNA Kit를 통해 EDTA, 구연산 및 헤파린 튜브에서 수집한 냉동 골수 흡인물.

각 샘플 유형에 대해 DNA 정제법을 수행했습니다. 이 분석을 위해 qPCR에 사용될 샘플에 가장 적은 양의 희석이 필요한 샘플 입력량과 용출량을 평가했습니다.

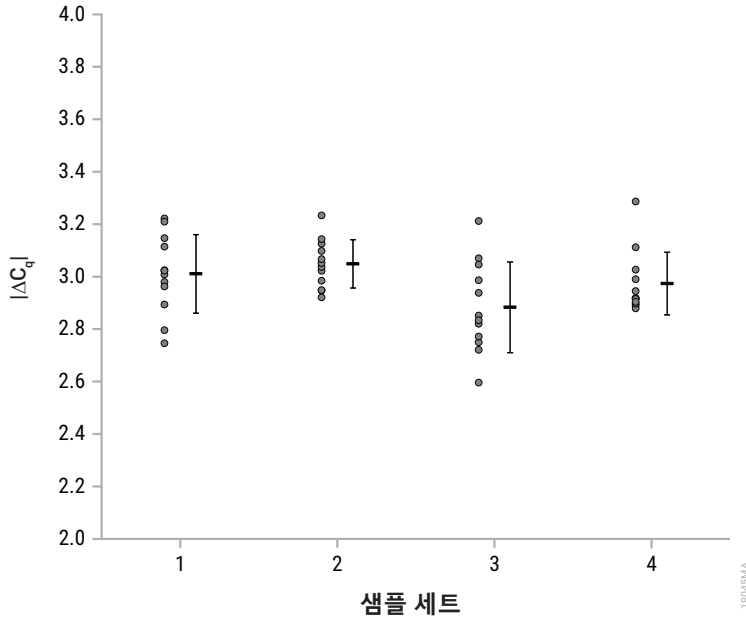
DNA를 정량화하여 qPCR 표준 곡선 내의 농도로 희석한 다음, 각 DNA의 분사를 8배 더 희석했습니다. 초기 DNA 희석 및 8배 희석은 qPCR 분석을 사용하여 증폭되었습니다. 300bp 표적 시퀀스에 대한  $C_q$  값( $|\Delta C_q|$ )의 차이를 보고합니다.  $3 \pm 1$  주기의  $|\Delta C_q|$ 는 샘플에 존재할 수 있는 내인성 및 외인성 물질로 인한 DNA 증폭 억제가 없음에 해당합니다.

이 섹션의 그래프는 각 샘플 유형에 대해 정제된 각 복제본의  $|\Delta C_q|$ 를 나타냅니다. 그래프의 각 점은 왼쪽의 개별 측정값을 나타내며, 표준 편차가 있는 평균은 오른쪽에 나타냅니다. 각 데이터 세트에는 Maxwell® CSC Instrument를 사용하여 정제된 복제 4개의 복제본과 Maxwell® CSC 48 Instrument를 사용하여 정제된 8개의 복제본 등 총 12개의 복제본이 포함됩니다.

그림 범례 아래의 표는 관련 그래프에 표시된 각 샘플 세트의 샘플 정보를 설명합니다.

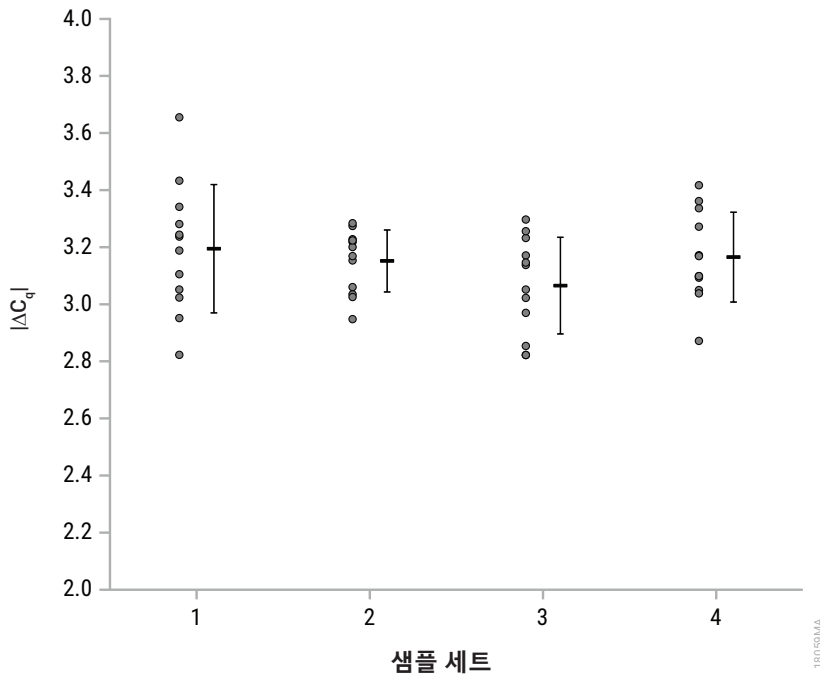
**8.E. 억제(간섭 물질; 계속)**

**전혈**



**그림 22. 전혈 DNA 증폭 억제 테스트.** EDTA 튜브에서 수집한 신선 및 냉동 전혈 샘플의 경우,  $|\Delta C_q|$  값은 최저 2.75 주기에서 최고 3.23 주기 범위에 있었습니다. 구연산 및 헤파린 튜브에서 수집한 냉동 전혈 샘플의 경우,  $|\Delta C_q|$  값은 최저 2.60 주기에서 최고 3.29 주기 범위에 있었습니다.

샘플 세트	항응고제	보관	입력 용량(μl)	용출량(μl)
1	EDTA	냉동	50	50
2	EDTA	신선	50	50
3	구연산	냉동	50	50
4	헤파린	냉동	50	50

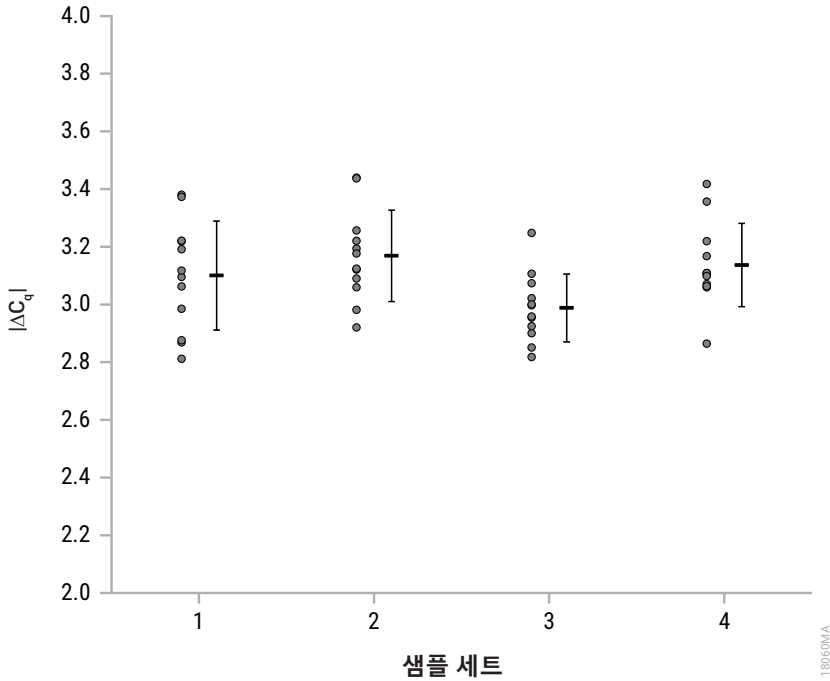
**연막**


**그림 23. 연막 DNA 증폭 억제 테스트.** EDTA 튜브에서 수집한 전혈에서 생성된 신선 및 냉동 연막 샘플의 경우,  $|\Delta C_q|$  값은 최저 2.82 주기에서 최고 3.65 주기 범위에 있었습니다. 구연산 및 헤파린 튜브에서 수집한 전혈에서 생성된 냉동 연막 샘플의 경우,  $|\Delta C_q|$  값은 최저 2.82 주기에서 최고 3.42 주기 범위에 있었습니다.

샘플 세트	항응고제	보관	입력 용량(μl)	용출량(μl)
1	EDTA	냉동	50	50
2	EDTA	신선	50	50
3	구연산	냉동	50	50
4	헤파린	냉동	50	50

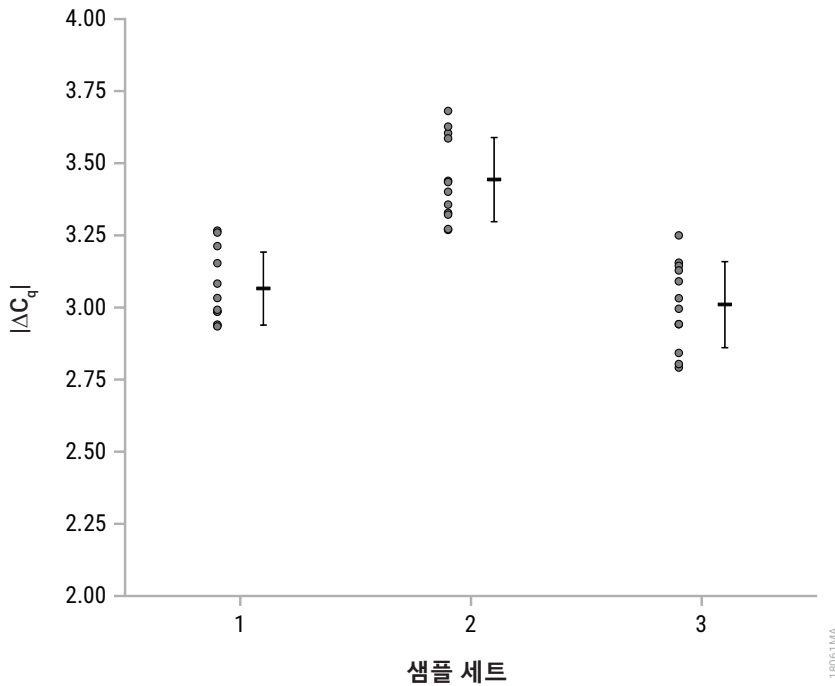
**8.E. 억제(간섭 물질; 계속)**

**구강 면봉**



**그림 24. 구강 면봉 DNA 증폭 억제 테스트.** 클리어링 컬럼으로 전처리된 1개 및 2개의 입력 구강 면봉의 경우,  $|\Delta C_q|$  값은 최저 2.81 주기에서 최고 3.44 주기 범위에 있었습니다. 클리어링 컬럼 없이 전처리된 1개 및 2개의 입력 구강 면봉의 경우,  $|\Delta C_q|$  값은 최저 2.82 주기에서 최고 3.42 주기 범위에 있었습니다.

샘플 세트	면봉 번호	전처리	용출량(μl)
1	면봉 1개	클리어링 컬럼 포함	50
2	면봉 2개	클리어링 컬럼 포함	50
3	면봉 1개	클리어링 컬럼 비포함	50
4	면봉 2개	클리어링 컬럼 비포함	50

**조직**


**그림 25. 조직 DNA 증폭 억제 테스트.** 5mg 심장 및 췌장 조직의 경우,  $|\Delta C_q|$  값은 최저 2.93 주기에서 최고 3.68 주기 범위에 있었습니다. 5mg 뇌 조직의 경우,  $|\Delta C_q|$  값은 최저 2.79 주기에서 최고 3.25 주기 범위에 있었습니다. 모든 샘플에 용출량 50 $\mu$ l가 사용되었습니다. 그래프에서 플 세트 1은 심장 조직, 샘플 세트 2는 췌장 조직, 샘플 세트 3은 뇌 조직을 의미합니다.

8.E. 억제(간섭 물질; 계속)

세포

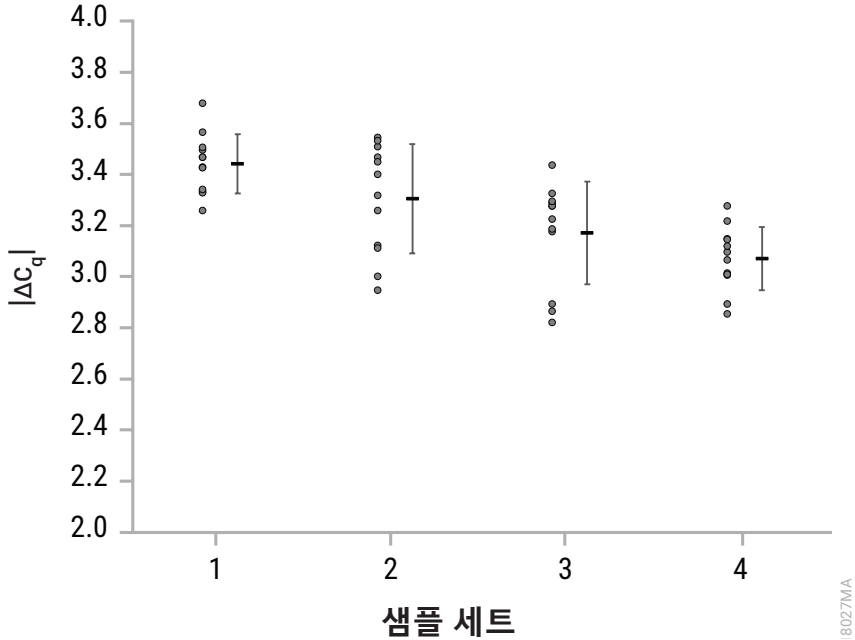
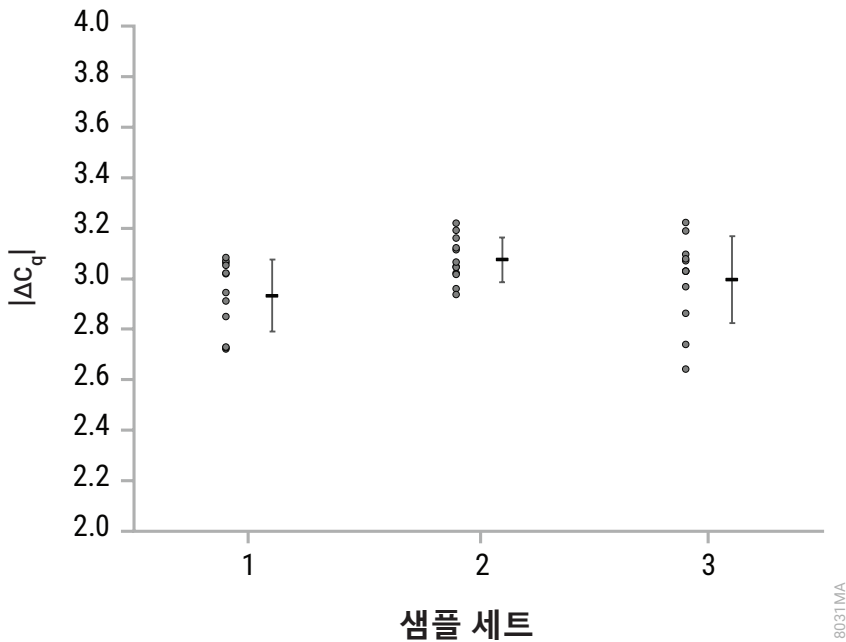


그림 26. 세포 DNA 증폭 억제 테스트. 용출량이 50μl인 5 × 10<sup>4</sup> HEK293 조직 배양 세포의 경우, |ΔC<sub>q</sub>| 값은 최저 3.26 주기에서 최고 3.68 주기 범위에 있었습니다. 용출량이 100μl인 5 × 10<sup>5</sup> PBMC의 경우, |ΔC<sub>q</sub>| 값은 최저 2.95 주기에서 최고 3.55 주기 범위에 있었습니다. 용출량이 50μl인 소변 50ml와 양수 샘플 5ml에서 얻은 세포의 경우, |ΔC<sub>q</sub>| 값은 최저 2.82 주기에서 최고 3.44 주기 범위에 있었습니다.

샘플 세트	세포 유형	입력 용량	용출량(μl)
1	HEK293 조직 배양 세포	5 × 10 <sup>4</sup> 세포	50
2	PBMCs	5 × 10 <sup>5</sup> 세포	100
3	소변	50ml	50
4	양수	5ml	50

## 골수



**그림 27. 골수 DNA 증폭 억제 테스트.** EDTA 및 구연산 튜브에서 수집한 50 $\mu$ l 골수 흡인물의 경우,  $|\Delta C_q|$  값은 최저 2.72 주기에서 최고 3.22 주기 범위에 있었습니다. 헤파린 튜브에서 수집한 50 $\mu$ l 골수 흡인물의 경우,  $|\Delta C_q|$  값은 최저 2.64 주기에서 최고 3.22 주기 범위에 있었습니다. 모든 샘플에 용출량 50 $\mu$ l가 사용되었습니다. 그래프에서 샘플 세트 1은 EDTA 튜브에서 수집한 골수 흡인물을, 샘플 세트 2는 구연산 튜브에서 수집한 골수 흡인물을, 샘플 세트 3은 헤파린 튜브에서 수집한 골수 흡인물을 의미합니다.

### 8.F. 교차 오염

남성(300 $\mu$ l)과 여성(50 $\mu$ l) 연막 샘플은 Maxwell® 기기의 교대 데크 위치에서 처리되었으며, 그 결과로 정제된 여성 DNA 샘플을 qPCR 분석과 함께 Y 염색체 DNA 표적을 사용하여 증폭했습니다. 여성 샘플에서 이 Y 염색체 표적의 존재는 이웃 샘플에서 잠재적 교차 오염을 식별하는 데 사용되었습니다. 여성 연막 샘플이 남성 연막 샘플과 인접한 데크 위치에서 처리되었을 때, 어떤 여성 DNA 샘플도 Y 염색체 DNA 표적에 대해 C<sub>q</sub> 값을 나타내지 않았습니다.

## 9. 임상 성능 평가

임상 성능 평가는 Maxwell® CSC Genomic DNA Kit 및 Maxwell® CSC 48 Instrument와 함께 인간 샘플을 사용하여 수행되었습니다.

### 전혈

외부 실험실의 두 테스터가 Maxwell® CSC 정제 시스템 및 실험실 기준 추출 방법을 사용하여 12명의 개별 기증자로부터 100µl의 용출량을 가진 200µl의 인간 전혈 샘플에서 DNA를 정제했습니다. 생성된 용출액은 HLA-B27 분석에서 양성 대조군 HCP5 하우스키팅 유전자의 증폭에 의해 분석되었습니다. Maxwell® CSC Genomic DNA Kit로 정제된 12개 DNA 샘플은 모두 두 테스터와 실험실 기준 추출 방법 사이에 일치함이 입증되었습니다.

### 구강 면봉

외부 실험실의 한 테스터가 Maxwell® CSC 정제 시스템 및 실험실 기준 추출 방법을 사용하여 12명의 개별 기증자로부터 100µl의 용출량과 클리어링 컬럼으로 전처리된 1개의 인간 구강 면봉 샘플에서 DNA를 정제했습니다. 생성된 용출액은 HLA-B27 분석에서 양성 대조군 HCP5 하우스키팅 유전자의 증폭에 의해 분석되었습니다. Maxwell® CSC Genomic DNA Kit로 정제된 12개 DNA 샘플은 모두 실험실 기준 추출 방법과 일치함이 입증되었습니다.

### 조직

외부 실험실의 한 테스터가 Maxwell® CSC 정제 시스템 및 실험실 기준 추출 방법을 사용하여 12명의 개별 기증자로부터 200µl의 용출량을 가진 10–25mg의 인간 조직 샘플에서 DNA를 정제했습니다. 생성된 용출액은 HLA-B27 분석에서 양성 대조군 HCP5 하우스키팅 유전자의 증폭에 의해 분석되었습니다. Maxwell® CSC Genomic DNA Kit로 정제된 12개 DNA 샘플은 모두 실험실 기준 추출 방법과 일치함이 입증되었습니다.

## 10. 문제해결

본 문서에서 해결되지 않는 문제가 있는 경우, 현지 Promega 지사나 대리점으로 문의하십시오. 다음 주소에서 연락처 정보를 확인할 수 있습니다. [www.promega.com](http://www.promega.com). 이메일: [techserv@promega.com](mailto:techserv@promega.com)

### 증상

예상 DNA 농도보다 낮습니다

### 원인과 설명

동결-해동 사이클을 여러 번 거친 샘플은 분해된 DNA를 가질 수 있습니다. 수집 및 보관에 대한 샘플 지침은 각 샘플 유형에 대해 열거되어 있습니다.

샘플에는 게놈 DNA가 소량 함유되어 있었습니다. 게놈 DNA 수율은 처리되는 샘플의 양과 해당 샘플의 DNA 함량에 따라 달라집니다.

Proteinase K 용액이 첨가되지 않았거나, 불충분한 양의 Proteinase K 용액이 첨가되었거나, 샘플과 Proteinase K가 효과적으로 혼합되지 않았습니다. 용해물 및 수율은 Proteinase K에 의한 완전 추출에 의존합니다.

진행하기 전에 입력 샘플이 혼합되지 않았습니다. 진행하기 전에 혼합해야 합니다.

추출에 사용된 용출량이 처리 중인 샘플에 비해 너무 큼니다. 용출된 DNA 농도를 높이려면 초기 용출 버퍼 양을 줄이십시오.

너무 많은 샘플 또는 과도한 양의 유전자 DNA를 함유한 샘플이 처리되었습니다. 과도한 샘플 또는 게놈 DNA는 추출 화학 작용에 실패할 수 있으며, 이는 처리 중인 샘플의 양과 상관관계가 없는 용출 농도를 초래할 수 있습니다.

용해물은 균질 혼합물을 만들기 위해 옹근 후 5-10회 흡입 및 분사하여 웰 #1에서 결합 용액과 혼합되지 않았습니다. 웰 #1에서 샘플 용해물 및 결합액의 균질한 혼합물을 생성하지 못하면 최종 용출액의 수율과 순도가 감소할 수 있습니다.

샘플이 적절하게 혼합되지 않았거나 처리 과정에서 올바른 단계로 혼합되지 않았습니다. 배양 튜브에서 시약과 샘플을 적절히 혼합하지 않으면 성능에 영향을 미칠 수 있습니다.

Lysis 버퍼와 용균 촉진자(LE2)를 잘못된 단계 또는 잘못된 양으로 상호 교환적으로 사용되었습니다. 지침에 따라 Lysis 버퍼와 용균 촉진자(LE2)를 사용하여 샘플을 올바르게 재처리하십시오.

## 10. 문제 해결(계속)

### 증상

예상 순도보다 낮습니다

### 원인과 설명

Proteinase K 용액이 첨가되지 않았거나, 불충분한 양의 Proteinase K 용액이 첨가되었거나, 샘플과 Proteinase K가 효과적으로 혼합되지 않았습니다. 용해물 및 수율은 Proteinase K에 의한 완전 추출에 의존합니다.

용해물은 균질 혼합물을 만들기 위해 옮긴 후 5-10회 흡입 및 분사하여 웰 #1에서 결합 용액과 혼합되지 않았습니다. 웰 #1에서 샘플 용해물 및 결합액의 균질한 혼합물을 생성하지 못하면 최종 용출액의 수율과 순도가 감소할 수 있습니다.

동결-해동 사이클을 여러 번 거친 샘플은 분해된 DNA를 가질 수 있습니다. 각 샘플 유형 아래에 열거된 지침에 따라 수집되고 보관된 샘플을 사용하십시오.

전혈, 연막, 골수 샘플의 경우, 응고 물질이나 지방 물질을 배양 튜브로 옮기면 샘플의 용해 상태가 불량해질 수 있습니다. 정제를 위해 액체 샘플만 옮기십시오.

Lysis 버퍼와 용균 촉진자(LE2)를 잘못된 단계 또는 잘못된 양으로 상호 교환적으로 사용되었습니다. 지침에 따라 Lysis 버퍼와 용균 촉진자(LE2)를 사용하여 샘플을 올바르게 재처리하십시오.

일부 조직 유형은 예상보다 낮은 순도 값을 생성할 수 있습니다. 더 높은 순도 값을 원하는 경우, 처리된 조직의 입력량을 줄이십시오.

샘플이 적절하게 혼합되지 않았거나 처리 과정에서 올바른 단계로 혼합되지 않았습니다. 배양 튜브에서 시약과 샘플을 적절히 혼합하지 않으면 성능에 영향을 미칠 수 있습니다.

고형 물질을 카트리지의 웰 #1로 옮기면 고형 물질과 오염 물질이 공동 정제될 수 있습니다. 용해된 샘플을 카트리지로 옮기기 전에 고형 물질을 제거하십시오.

### RNA 오염

RN아제 A 용액이 카트리지의 웰 #3에 첨가되지 않았거나 불완전한 양의 RN아제 A 용액이 첨가되었습니다. 샘플을 RN아제 A 용액으로 재처리하거나 추출된 gDNA 샘플을 RN아제 A로 처리하십시오.

**증상**

레진 이동

**원인과 설명**

샘플이 적절하게 혼합되지 않았거나 처리 과정에서 올바른 단계로 혼합되지 않았습니다. 배양 튜브 또는 웰 #1에서 시약과 샘플을 적절히 혼합하지 않으면 카트리지와 용출 튜브의 레진 이동에 영향을 미칠 수 있습니다.

너무 많은 샘플 또는 과도한 양의 유전자 DNA를 함유한 샘플이 처리되었습니다. 샘플이 너무 많을 경우, 카트리지와 용출 튜브에 레진 이동이 과도하게 유입될 수 있습니다.

일부 레진 이동은 정상이며 후속 성능에 영향을 미치지 않습니다. 필요한 경우 용출 자석([Cat.# AS4017, Cat.# AS4018 또는 둘 다], 별도로 사용 가능)을 사용하여 용출액을 새 튜브로 옮깁니다. 관련 제품은 섹션 11를 참고합니다.

**11. 관련 제품**
**장비 및 부속품**

제품	크기	Cat.#
Maxwell® CSC 48 Instrument*	각 1개	AS8000
Maxwell® CSC Instrument*	각 1개	AS6000
Maxwell® RSC/CSC Deck Tray	각 1개	SP6019
Maxwell® RSC/CSC 48 Front Deck Tray	각 1개	AS8401
Maxwell® RSC/CSC 48 Back Deck Tray	각 1개	AS8402
RSC/CSC 플런저	50/팩	AS1331
용출 튜브(0.5ml)	50/팩	AS6201
용출 자석, 16 위치	각 1개	AS4017
용출 자석, 24 위치	각 1개	AS4018
클리어링 컬럼	각 50개	Z3871
RN아제 A 용액	1ml	A7973
	5ml	A7974
Proteinase K(PK) 용액	4ml	MC5005
Nuclease-Free Water	25ml	MC1191

\*체외 진단용. 본 제품은 특정 국가에서만 사용할 수 있습니다.

**Maxwell® CSC Reagent Kits**

사용 가능한 Maxwell® CSC Purification Kit의 목록은 [www.promega.com](http://www.promega.com)에서 확인하십시오.



<sup>(a)</sup>U.S. 특허 제7,329,488호 및 한국 특허 제100483684호.

© 2022 Promega Corporation. All Rights Reserved.

Maxwell은 Promega Corporation의 등록 상표입니다.

제품은 특허 출원 중이거나 특허를 받았을 수 있으며 특정한 제한사항이 있을 수 있습니다. 자세한 정보는 당사의 웹 사이트를 참조하십시오.

모든 가격과 사양은 사전 예고 없이 변경될 수 있습니다.

제품의 청구사항이 변경될 수 있습니다. Promega 제품의 최신 정보는 Promega Technical Services로 문의하시거나 Promega 온라인 카탈로그를 확인하시기 바랍니다.