



(19)
Bundesrepublik Deutschland
Deutsches Patent- und Markenamt

(10) DE 10 2004 034 474 A1 2006.02.16

(12)

Offenlegungsschrift

(21) Aktenzeichen: 10 2004 034 474.4

(51) Int Cl.⁸: C07H 21/00 (2006.01)

(22) Anmeldetag: 15.07.2004

C07H 1/06 (2006.01)

(43) Offenlegungstag: 16.02.2006

B01D 15/00 (2006.01)

C12N 15/10 (2006.01)

(71) Anmelder:

QIAGEN GmbH, 40724 Hilden, DE

(72) Erfinder:

Singer, Thorsten, 42697 Solingen, DE

Die folgenden Angaben sind den vom Anmelder eingereichten Unterlagen entnommen

(54) Bezeichnung: Vorrichtung und Verfahren zur effizienteren Isolierung von Nukleinsäuren

(57) Zusammenfassung: Die vorliegende Erfindung betrifft eine Vorrichtung und ein Verfahren zur effizienten Aufreinigung von Nukleinsäuren sowie ein Kit zur Durchführung dieses Verfahrens.

(1)



(2)

Beschreibung

[0001] Die vorliegende Erfindung betrifft eine Vorrichtung und ein Verfahren unter Verwendung der Vorrichtung zur effizienteren Aufreinigung von Nukleinsäuren sowie ein Kit zur Durchführung dieses Verfahrens.

Stand der Technik

[0002] Wie aus dem Stand der Technik bekannt ist, erfolgt die Isolierung von Nukleinsäuren aus komplexen biologischen Ausgangsmaterialien unter stark denaturierenden und reduzierenden Bedingungen. Die Nukleinsäuren enthaltenden Ausgangsmaterialien werden teilweise unter Verwendung von proteinabbauenden Enzymen aufgeschlossen, und die austretenden Nukleinsäurefraktionen durch einen Phenol/Chloroform-Extraktionsschritt gereinigt. Die Nukleinsäuren können anschließend mittels Dialyse oder Ethanolpräzipitation aus der wässrigen Phase gewonnen werden (J. Sambrook, E.F. Fritsch und T. Maniatis, 1989, Cold Spring Harbor, „Molecular Cloning“).

[0003] Die für diese Isolierung von Nukleinsäuren aus dem Stand der Technik bekannten Verfahren weisen jedoch den Nachteil auf, dass sie zeitaufwendig sind und einen erheblichen apparativen Aufwand erfordern. Außerdem können sich solche Methoden auf Grund der verwendeten Chemikalien wie Phenol und Chloroform als gesundheitsgefährdend erweisen.

[0004] Um die gesundheitsschädigende und aufwendige Phenol-/Chloroform-Extraktion von Nukleinsäuren zu umgehen, verbunden mit einer zusätzlichen Reduzierung der zeitlichen experimentellen Aufwendungen, wurden in der Vergangenheit verschiedene alternative Verfahren zur Isolierung von Nukleinsäuren aus unterschiedlichen biologischen Ausgangsmaterialien entwickelt.

[0005] Hierzu gehören Verfahren, die erstmals auf einem von Vogelstein und Gillespie (Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 1979, 76, 615-619) beschriebenen Verfahren zur präparativen und analytischen Reinigung von DNA-Fragmenten aus Agarosegelen basieren. Diese Methode kombiniert die Auflösung der die zu isolierende DNA-Bande enthaltende Agarose in einer gesättigten Lösung eines chaotropen Salzes (NaJ) mit einer anschließenden DNA-Bindung an Glaspartikel.

[0006] Die an den Glaspartikeln fixierte DNA wird anschließend mit einer Waschlösung (20 mM Tris HCl (pH 7,2); 200 mM NaCl, 2 mM EDTA; 50% v/v Ethanol) gewaschen und dann von den Trägerpartikeln eluiert. Diese Methode wurde im Laufe der Zeit vielfach modifiziert und wird zum gegenwärtigen Zeitpunkt für unterschiedliche Verfahren der Extraktion

und Reinigung von Nukleinsäuren unterschiedlichsten Ursprungs benutzt.

[0007] Aktuell existiert eine Vielzahl von Reagenzienstystemen (Kits), vor allem zur Reinigung von DNA-Fragmenten aus Agarosegelen und auch für die Isolierung von Plasmid-DNA aus bakteriellen Lysaten, die mit einer zusätzlichen Isolierung von längerkettigen Nukleinsäuren (genomische DNA, zelluläre RNA) aus Blut, Geweben oder auch Zellkulturen verbunden ist.

[0008] Diese kommerziell verfügbaren Kits basieren auf dem hinlänglich bekannten Prinzip der Bindung von Nukleinsäuren an mineralische Träger unter Anwesenheit von Lösungen unterschiedlicher chaotroper Salze, wobei die Trägermaterialien zum Beispiel Suspensionen aus fein gemahlenem Glaspulver (z. B. Glasmilch, BIO 101, La Jolla, CA), Diatomeenerden (Fa. Sigma) oder auch Silicagelen (Qiagen, DE 41 39 664 A1) enthalten.

[0009] Zusätzliche verschiedenartige Verfahren zur Isolierung von Nukleinsäuren wurden im Stand der Technik genutzt, um die Ausgangsmaterialien mittels eines chaotropen Puffers an eine DNA-bindende feste Phase zu binden (US 5,234,809). Die chaotropen Puffer werden dabei sowohl für die Lyse des Ausgangsmaterials als auch für die Bindung der Nukleinsäuren an die feste Phase benutzt.

[0010] Mit diesem Verfahren können Nukleinsäuren aus kleinen Probenmengen, speziell bei Benutzung zur Isolierung viraler Nukleinsäuren verwendet werden. Die Inkubation des Ausgangsmaterials mit einem chaotropen Puffer und der DNA-bindenden festen Phase beinhaltet den Nachteil, dass der durch die chaotropen Puffer zu realisierende Zellaufschluss nicht für alle Materialien einsetzbar ist und insbesondere auch für größere Mengen an Ausgangsmaterialien nur extrem ineffizient und unter einem großen Zeitaufwand eingesetzt werden kann. Daher werden oft zusätzlich mechanische Homogenisierungsverfahren eingesetzt (z. B. bei der Isolierung der DNA aus Gewebeproben). Verschieden hohe Konzentrationen unterschiedlicher chaotroper Puffer müssen dabei für verschiedene Fragestellungen eingesetzt werden und können somit – naturgemäß – nicht universell zur Verwendung kommen.

[0011] Um die ggf. schwierige Lyse des Ausgangsmaterials zu vereinfachen, kann für die Nukleinsäureisolierung eine Reihe von kommerziell verfügbaren Produkten benutzt werden, die aber dann nicht mehr auf einem einfach handhabbaren sog. "Single Tube" – Verfahren basieren.

[0012] Die für die nachfolgende Bindung der Nukleinsäuren (z. B. an Zentrifugationsmembranen) notwendigen chaotropen Salze müssen nach erfolgter

Lyse dem Lyseansatz innerhalb eines besonderen Verfahrensschritts zugegeben werden. Diese chaotropen Salze können auf der anderen Seite aber nicht Bestandteil des Lysepuffers sein, da die proteinzerstörende Funktion den chaotropen Substanzen inhärent innewohnt und diese die für eine effiziente Lyse notwendigen proteolytischen Enzyme ebenfalls zerstören würden.

[0013] Die oben beschriebenen und aus dem Stand der Technik bekannten Methoden der Nukleinsäureisolierung unter Verwendung chaotroper Salze haben sich freilich weltweit durchgesetzt und werden mittels kommerziell verfügbarer Produkte millionenfach eingesetzt.

[0014] Nach dem Prinzip der Lyse des Ausgangsmaterials werden in einer einfachen Durchführung die Nukleinsäuren an die feste Phase einer Glas- oder Silicamembran gebunden, die sich in einem Zentrifugationssäulchen an einer Trägersubstanz befindet. Anschließend werden die gebundenen Nukleinsäuren mit einem Puffer geringerer Ionenstärke eluiert.

[0015] In der Fachwelt wurde das physico-chemische Prinzip der Bindung von Nukleinsäuren an mineralische Träger in Anwesenheit chaotroper Salze aufgeklärt. Es wurde postuliert, dass das Binden der Nukleinsäuren an die Oberflächen der mineralischen Träger auf einer Zerstörung der übergeordneten Strukturen des wässrigen Milieus beruht, durch welche die Nukleinsäuren an die Oberfläche von mineralischen Materialien, insbesondere von Glas- bzw. Silicpartikeln, adsorbieren.

[0016] Bei hohen Konzentrationen der chaotropen Salze verläuft die Reaktion fast quantitativ. Aus diesem Grund ist eine Pufferkomposition mit hohen Ionenstärken chaotroper Salze für die Bindung von Nukleinsäuren an eine nukleinsäurenbindende feste Phase von Bedeutung.

[0017] Für die Bindung der Nukleinsäuren an die jeweiligen Trägeroberflächen enthält die Pufferlösung als Hauptkomponente mindestens ein chaotropes Salz. Dieses beinhaltet unter Umständen schon den Lysepuffer oder bei Systemen unter Einbeziehung proteolytischer Enzyme einen notwendigen Bindungspuffer, welcher nach der erfolgten Lyse des Ausgangsmaterials zugegeben wird.

[0018] Die Basis für chaotrope Salze sind die Reihen von Hofmeister zur Aussalzung von negativ geladenen, neutralen oder basischen Eiweißlösungen. Die chaotropen Salze sind dadurch charakterisiert, dass sie Proteine denaturieren, die Löslichkeit unpolärer Substanzen in Wasser erhöhen sowie hydrophobe Wechselwirkungen zerstören. Diese Eigenschaften bewirken auch mit Puffersystemen chaotro-

per Salze die Zerstörung übergeordneter Strukturen des wässrigen Milieus, um so die Bindung der Nukleinsäuren an ausgewählte feste Phasen zu vermitteln.

[0019] Zu den bekanntesten Vertretern chaotroper Salze zur Nukleinsäureisolierung gehören Natrium-perchlorat, Natriumjodid, Kaliumjodid, Guanidin-Isothiocyanat und Guanidin-Hydrochlorid. Sie sind jedoch kostenintensiv und zudem teilweise toxisch oder ätzend.

[0020] Aus dem Stand der Technik ist ein Verfahren zur Isolierung von DNA aus Geweben und Zelllinien beschrieben, bei dem die Zellen in einem Guanidin-Hydrochlorid enthaltenden Puffer dispergiert und in Ethanol gefällt werden (Analytical Biochemistry 162, 1987, 463). Dieses Verfahren ist auf der einen Seite für Kontaminationen anfällig, auf der anderen Seite kann aber ein brauchbares Nukleinsäure-Produkt innerhalb weniger Stunden isoliert werden.

[0021] Zusätzlich ist aus dem Stand der Technik ein Verfahren zur Isolierung von Nukleinsäuren unter Verwendung antichaotroper Substanzen bekannt. So kann durch die Zugabe antichaotroper Salze in ein Lyse/Bindungspuffersystem ebenfalls eine verbesserte Isolierung von Nukleinsäuren erreicht werden. Zu den antichaotropen Komponenten gehören Ammonium-, Cäsium-, Natrium- und/oder Kaliumsalze, vorzugsweise Ammoniumchlorid. Bei der Verwendung der Lyse/Bindungspuffersysteme, ohne den Bestandteil von chaotropen Salzen, können Nukleinsäuren, insbesondere genomische DNA, an ein mineralisches Trägermaterial gebunden werden und unter den üblichen Reaktionsbedingungen auch eluiert werden.

[0022] Es wurde weiterhin gefunden, dass mit Lyse/Bindungspuffern, deren Hauptkomponenten z. B. Ammoniumsalze anstelle chaotroper Salze sind, bei Extraktionen genomicscher DNA aus unterschiedlich komplexen Ausgangsmaterialien (z. B. Blut, Gewebe, Pflanzen) unter Benutzung der bisher üblichen (anderen) Reaktionskomponenten und Trägermaterialien sowie bei gleichem Reaktionsverlauf, mindestens dieselben quantitativen sowie qualitativen Resultate erreicht werden.

[0023] So konnte beobachtet werden, dass mit einem Salz, welches Proteine nicht denaturiert, sondern stabilisiert sowie hydrophobe Wechselwirkungen nicht zerstört, sondern verstärkt, es genauso möglich ist, Nukleinsäuren auch aus komplexen Ausgangsmaterialien zu isolieren.

[0024] Für die Bindung der Nukleinsäuren an die festen Träger reichen geringe Konzentrationen von Salzen (kleiner 1 M) aus. Bei bestimmten Applikationen werden Konzentrationen kleiner 0,5 M bevorzugt, wobei für die quantitative Isolierung von Nukle-

insäuren aus größeren Mengen an Ausgangsmaterialien höhere Ionenkonzentrationen erforderlich sind.

[0025] Diese aus dem Stand der Technik bekannten Lyse/Bindungspuffersysteme, die mindestens eine antichaotrope Salzkomponente aufweisen, sind somit in der Lage, Nukleinsäuren an feste Phasen zu binden, die eine negativ geladene Oberfläche besitzen, oder Oberflächen enthalten, die in der Lage sind ein negatives Ladungspotential aufzuweisen.

[0026] Der Reaktionsablauf der Nukleinsäureisolation aus einem komplexen Ausgangsmaterial wird durch die Durchführung der Lyse des Ausgangsmaterials, dem Binden der Nukleinsäuren, dem Waschen der gebundenen Nukleinsäuren und der Elution der Nukleinsäuren in einem Reaktionsgefäß realisiert, und erfordert mindestens einen Zentrifugationsschritt.

[0027] Bei den bisher aus dem Stand der Technik bekannten Verfahren zur Isolierung von Plasmid-DNA mit den üblichen Midi- und Maxi-Systemen handelt es sich allerdings nur um vergrößerte Mini-Präparationen, deren Säulen entweder auf größere Durchmesser vergrößert oder um sehr viele Membranlagen ergänzt wurden, um so die erforderliche Kapazität zu erreichen. Derartige Systeme werden z. Zt. beispielsweise von Herstellern wie Stratagene oder Sigma angeboten.

[0028] Die hierbei eingesetzten Glasfasermembranen arbeiten fast ausschließlich unter Verwendung chaotroper Salze zur selektiven Bindung an die Oberfläche der Membran.

[0029] Als Hauptnachteil gilt die aufwendige Handhabung (viele Zentrifugationsschritte mit großen Bodenzentrifugen). Dazu kommt ein relativ großes Elutionsvolumen verbunden mit einem großen Totvolumen aufgrund der großen inneren Oberflächen und der daraus resultierenden größeren Volumina der Membranen.

[0030] Durch diese für die Erhöhung der Kapazität benötigte Oberfläche ist das Aufarbeiten größerer Ansätze mit einer Vorrichtung basierend auf dem Mini-Format unter Beibehaltung einer chaotropen Bindeschemie bislang nicht möglich gewesen.

[0031] Auf der anderen Seite wird eine Plasmidisierung auf der Basis einer alkoholischen Bindeschemie bisher lediglich durch die Invisorb® Plasmid Kits der Firma Invitek (Berlin) ermöglicht. Aber auch in diesen Kits werden Säulen verwendet, die aufgrund ihrer Abmessungen nicht für Ansätze im Midi/Maxi-Maßstab geeignet sind. Für diese gelten somit ebenfalls die bereits beschriebenen Nachteile.

Aufgabenstellung

[0032] Die Aufgabe der vorliegenden Erfindung besteht nunmehr darin, eine Vorrichtung sowie ein Verfahren zur Verfügung zu stellen, das es erlaubt, DNA-Plasmidisierungen in einem großen Maßstab (in sog. Maxi- bzw. Midi-Präparationen) durchzuführen und dabei den Einsatz zeitaufwendiger Zentrifugationsschritte unter Einsatz großer Bodenzentrifugen zu vermeiden.

[0033] Diese Aufgabe wird erfindungsgemäß durch den Einsatz einer sog. Mini-Spin-Säule, die an sich aus dem Stand der Technik bekannt ist, gelöst, die jedoch eine spezielle Membran aufweist. Erfindungsgemäß ermöglicht die Membran auf der einen Seite einen raschen Durchfluss des Lysat-/Alkoholgemisches und auf der anderen Seite wird eine ausreichend große Binde-/Filterkapazität gewährleistet. Optional kann – je nach Erfordernissen – eine zusätzliche Filterschicht über die Membran gelegt werden, um ein vorzeitiges Verstopfen zu vermeiden.

[0034] Gemäß der vorliegenden Erfindung hat die Verwendung der oben beschriebenen Membranen für das erfindungsgemäße Verfahren einen entscheidenden Einfluss auf die DNA-Bindung an die Silicamembran, die sich vorzugsweise in einem Hohlkörper einer zur Chromatographie, insbesondere zur Ionenaustrauscherchromatographie, geeigneten Säule befinden kann. Hierbei ist zu beachten, dass die Membran über eine geeignete Porenweite verfügt, die einerseits die DNA zurückhalten kann und andererseits einen guten Durchfluss auch bei der Filtration größerer Mengen ohne Verstopfung ermöglicht. Ferner sollte die Innenfläche der Chromatographiesäule mit einem zum Ionenaustrausch befähigten chromatographischen Material beschichtet sein.

[0035] Erfindungsgemäß werden bevorzugt sog. GF/A-, GF/B- und GF/D-Membranen von Whatman verwendet. Hierbei handelt es sich um Membranen, die aus Mikro-Glasfasern aufgebaut werden und die in der Hauptsache zu Filtrationszwecken (beispielsweise zur Reinigung von Wasser) eingesetzt werden. Dabei ergibt sich eine abnehmende Durchflussgeschwindigkeit in der Reihe GF/D (2,7 µm) >> GF/A (1,6 µm) > GF/B (1 µm),

[0036] Die Bindung der Nukleinsäuren an die Oberfläche mineralischer Träger in Anwesenheit chaotroper Salze erfordert Porenweiten der Membran von ca. 1 µm, um akzeptable Ausbeuten zu erzielen, was die Durchflusszeiten bei großen Volumina so verlängert, dass sich der Bindeschritt recht zeitaufwendig gestalten würde.

[0037] Überraschenderweise wurde gefunden, dass Membranen, die Porengrößen in einem Intervall von 2 – 4 µm besitzen, DNA in hoher Ausbeute bei großer

Durchlaufgeschwindigkeit binden, wenn eine alternative (nicht chaotrope) Bindechemie eingesetzt wird.

[0038] Damit kann der Nachteil der langen Durchflusszeit ausgeschaltet werden. Daher wird für die Bindung der Nukleinsäuren erfahrungsgemäß ein aliphatischer Alkohol mit 1 bis 5 Kohlenstoffatomen – vorzugsweise Ethanol oder iso-Propanol – eingesetzt, der die Verwendung größerer Membranporen erlaubt und dadurch die Durchfluss- und damit verbunden die Präparationszeit entscheidend verkürzt.

[0039] Durch die Ausführung der vorliegenden Erfindung wird es zudem ermöglicht, die Nukleinsäuren mit einer Säule im Miniformat mit einer geringen Menge Puffer zu eluieren.

[0040] Das erhaltene Elutionsvolumen unter Verwendung der im Vergleich zu den in den oben genannten Midi- und Maxi-Format eingesetzten relativ kleinen Membranen war dabei mit der eingesetzten Puffermenge identisch. Der Vorteil des konstanten Elutionsvolumens dieser sog. "Schnellpräparationsmethode" besteht darin, dass zur Bestimmung der Gesamtausbeute das tatsächliche Volumen nicht extra bestimmt werden muss. Außerdem ist die DNA-Lösung hoch konzentriert und kann gegebenenfalls einfach verdünnt werden. Im Gegensatz dazu müsste eine sehr verdünnte Lösung, die nach den Verfahren des Standes der Technik gewonnen wird, mit deutlich mehr Aufwand konzentriert werden.

[0041] Zur Aufnahme der größeren Volumina für den Midi/Maxi-Maßstab wird die Spinsäule mit einem entsprechenden Extender-Tube versehen. Die erfahrungsgemäße Vorrichtung zur Aufreinigung von Nukleinsäuren umfasst somit eine Säulenkombination bestehend aus:

- a. einem offenen Hohlkörper (**1**) mit einer Einlassöffnung und einer Auslassöffnung, der auf einem weiteren
- b. offenen Hohlkörper (**2**) mit einer Einlassöffnung und einer Auslassöffnung, mit einer oder mehreren darin angebrachten Membran(en),

angeordnet ist.

[0042] Die Säulen-/Extender-Kombination wird dann auf einer Vakuumkammer platziert (z. B. der QIAvac® 6S der Fa. QIAGEN, 40724 Hilden) und die Probe mittels Vakuum durch die Membran gezogen. Anschließend wird die Extender-Tube verworfen und die Mini-Spin-Säule entsprechend bekannter Mini-Präparationsverfahren (z. B. nach QIAprep®, Fa. QIAGEN, 40724 Hilden) weiter bearbeitet.

[0043] Der große Vorteil des erfahrungsgemäß vorgeschlagenen Verfahrens sowie der dabei eingesetzten Vorrichtung besteht in der kurzen Bearbeitungszeit für die Aufreinigung von Nukleinsäuren sowie in

dem Verzicht auf unpraktische, aufwendige Zentrifugationsschritte. Hinzu kommen geringe Elutions- und Totvolumina und die damit verbundenen hohen DNA-Endkonzentrationen.

[0044] Weitere Einzelheiten der vorliegenden Erfindung werden anhand von beigefügten Zeichnungen (**Fig. 1** bis **Fig. 10**) sowie den nachstehend aufgeführten Ausführungsbeispielen näher erläutert.

[0045] Es zeigt:

[0046] **Fig. 1a** und **Fig. 1b**: eine Säulenkombination aus einem offenen Hohlkörper (**1**) mit einer Einlassöffnung und einer Auslassöffnung sowie einen weiteren Hohlkörper (**2**) mit einer Einlassöffnung und einer Auslassöffnung, mit einer enthaltenden Filterschicht im Lumen.

[0047] **Fig. 2**: Präparationszeiten (in min) von 4 unterschiedlichen Säulen-Präparationen – mit Säulenmaterial der Firmen Invitek (Produkt 1), SIGMA (Produkt 2) und Stratagene (Produkt 3) sowie der erfahrungsgemäßen Vorrichtung (Produkt 4) – gemäß Beispiel 1 während der Aufreinigung von Nukleinsäuren.

[0048] **Fig. 3**: DNA-Ausbeuten (in µg) von 4 unterschiedlichen Säulen-Präparationen – mit Säulenmaterial der Firmen Invitek (Produkt 1), SIGMA (Produkt 2) und Stratagene (Produkt 3) sowie der erfahrungsgemäßen Vorrichtung (Produkt 4) – gemäß Beispiel 1 während der Aufreinigung von Nukleinsäuren.

[0049] **Fig. 4**: ein Agarosegel mit den Banden von 4 Säulen-Präparationen – mit Säulenmaterial der Firmen Invitek (Produkt 1), SIGMA (Produkt 2) und Stratagene (Produkt 3) sowie der erfahrungsgemäßen Vorrichtung (Produkt 4).

[0050] **Fig. 5**: die Elutionsvolumina (in µl) von 4 Säulen-Präparationen – mit Säulenmaterial der Firmen Invitek (Produkt 1), SIGMA (Produkt 2) und Stratagene (Produkt 3) und der erfahrungsgemäßen Vorrichtung während des Wechsels des Säulen-Formats von der Midi-Präparation auf die Mini-Präparation

[0051] **Fig. 6**: die Präparationszeiten (in min) von 2 unterschiedlichen Säulen-Präparationen – mit dem Säulenmaterial der Firma Invitek und der erfahrungsgemäßen Vorrichtung – während der Aufreinigung von Nukleinsäuren vor dem Wechsel der Maxi-Präparation auf die Mini-Präparation.

[0052] **Fig. 7**: DNA-Ausbeuten (in µg) von 2 unterschiedlichen Säulen-Präparationen – mit Säulenmaterial der Firma Invitek und der erfahrungsgemäßen Vorrichtung – zur Aufreinigung von Nukleinsäuren während der Reduzierung des Säulen-Formats von der Maxi-Präparation auf die Mini-Präparation.

[0053] [Fig. 8](#): ein Agarosegel mit den Banden von 2 Säulen-Präparationen – mit Säulenmaterial der Firma Invitek (1) und der erfindungsgemäßen Vorrichtung (2).

[0054] [Fig. 9](#): die Elutionsvolumina (in μl) von 2 Säulen-Präparationen – mit Säulenmaterial der Firma Invitek und der erfindungsgemäßen Vorrichtung – während des Wechsels des Säulen-Formats von der Maxi-Präparation auf die Mini-Präparation.

[0055] [Fig. 10](#): den Einfluss der GF/D Membran mit einer Porengröße von $2,7 \mu\text{m}$ auf die DNA-Ausbeuten (in μg).

Ausführungsbeispiel

Beispiel 1:

Protokoll zur Isolierung von Plasmid-DNA aus *E. coli* im sog. Midi Maßstab

[0056] Protokoll zur Isolierung von Plasmid-DNA aus *E. coli*:

25 ml *E. coli* DH5 α – Kultur mit dem Plasmid pCMV β (DH5 α /pCMV β , Fa. BD Biosciences).

- (1) Bakterienpellet in 2 ml Resuspensionspuffer resuspendieren (3min)
- (2) Zugabe von 2 ml Lysepuffer und vorsichtig mischen. Ca. 3 min lysieren
- (3) Zugabe von 2 ml Neutralisationspuffer, mischen durch Invertieren (1 min)
- (4) Rohlysat über eine Silica enthaltende -Filtersäule (QIAfilter QIAGEN), 3 min bei Raumtemperatur inkubieren und das Rohlysat durch das Säulenmaterial pressen.
- (5) 10 ml Extension-Tube auf die Spinsäule setzen und auf einer QIAvac® (QIAGEN) positionieren.
- (6) Zugabe von 2,5 ml Isopropanol zum Lysat, gut durchmischen und auf die Säule geben.
- (7) Mit Hilfe von Vakuum für 2 min das Gemisch durch das Säulenmaterial saugen.
- (8) Extension-Tube verwerfen
- (9) Die Spin-Säule mit darin enthaltenen Silicamembranen auf eine Collection-Tube (Auffang-Gefäß) setzen.
- (10) Waschen durch Zugabe von 750 μl Puffer PE (QIAGEN, handelsüblicher Alkohol-Waschpuffer) und 1 min bei 14 000 Upm zentrifugieren.
- (11) Zum Entfernen von Pufferresten noch einmal 1 min bei 14 000 Upm zentrifugieren.
- (12) Die Spin-Säule auf eine 1,5 ml Eppendorf-Tube wechseln.
- (13) Zur Elution 200 μl eines Elutionspuffers (EB), z. B. dem handelsüblichen Elutionspuffer TE, auf die Membran pipettieren, 1 min stehen lassen und zentrifugieren (1 min bei 14 000 Upm).

[0057] Dabei führen die im Protokoll zur Isolierung

von Plasmid-DNA aufgeführten Punkte (4), (7) und (10) – (13) zu einer bedeutend schnelleren Isolierung von Plasmid-DNA im Vergleich zu den aus dem Stand der Technik bekannten Systemen.

[0058] Hinsichtlich des oben angeführten Beispiels wurden Referenz-Präparationen mit folgenden Produkten auf Silica-Basis durchgeführt:

- 1) Invitek Invisorb Plasmid Midi Kit (Fa. Invitek),
- 2) SIGMA GeneElute EF Midi Kit (Fa. SIGMA-ALDRICH),
- 3) Stratagene Strataprep EF Midi (Fa. Stratagene),
- 4) erfindungsgemäße Vorrichtung

[0059] In den Präparationen (2) und (3) wurde, zur besseren Vergleichbarkeit mit den beiden anderen Systemen, die Protokollvariante ohne den im Protokoll angegebenen optionalen Endotoxin-Entfernungsschritt durchgeführt.

[0060] Dabei basieren das Invitek Invisorb Plasmid Midi Kit (1) und das mit der erfindungsgemäßen Vorrichtung verwendete Verfahren (4) auf einer nicht-chaotropen Silica-Chemie. Die SIGMA (2) und Stratagene (3) Kits hingegen basieren auf einer herkömmlichen Bindung mittels chaotroper Salze.

[0061] Die [Fig. 2](#) zeigt die Präparationszeiten in Minuten (min) von 4 verschiedenen Säulen-Präparationen. Hierbei ermöglicht die erfindungsgemäße Vorrichtung mit 20 min eine deutlich kürzere Präparationszeit zur Isolierung von Nukleinsäuren als die aus dem Stand der Technik bekannten Verfahren von Invitek, SIGMA und Stratagene.

[0062] Zusätzlich werden in [Fig. 3](#) die DNA-Ausbeuten in Mikrogramm (μg) der 4 Säulen-Präparationen gezeigt, wobei die Ausbeute von 275 μg der erfindungsgemäßen Vorrichtung bzw. des mit dieser Vorrichtung durchgeföhrten Verfahrens (der "Schnellpräparation Midi") deutlich höher als die der Invitek-, SIGMA- oder Stratagene-Präparationen ist.

[0063] Die [Fig. 4](#) belegt dabei zweifelsfrei, dass die erfindungsgemäß durchgeföhrten Präparationen von identischer Qualität sind, wie die mit den aus dem Stand der Technik bekannten Verfahren isolierten Proben.

[0064] In [Fig. 5](#) werden die Elutionsvolumina in Mikroliter (μl) der 4 Säulen-Präparation gegenübergestellt. Diese verdeutlichen, dass die erfindungsgemäß verwendeten Säulen im Mini-Format mit einer geringeren Menge Puffer eluiert werden können. Durch die kleine Membran gibt es kein Totvolumen, so dass das erhaltene Elutionsvolumen mit dem eingesetzten Volumen an Pufferlösung identisch ist.

[0065] Das sehr geringe und konstante Elutionsvo-

lumen der "Schnellpräparations-Methode" stellt für die Bestimmung der Gesamtausbeute sowie für die Folgeanwendungen große Vorteile dar, da die DNA-Lösung hoch konzentriert ist und ggf. einfach verdünnt werden kann. Im Gegensatz dazu müsste eine verdünnte Lösung mit deutlich mehr Aufwand konzentriert werden.

Beispiel 2:

Isolierung von Plasmid-DNA aus E. coli im sog. Maxi Maßstab:

[0066] Protokoll zur Isolierung von Plasmid-DNA aus E. coli
100 ml E. coli DH5 α – Kultur mit dem Plasmid pCMV β (DH5 α /pCMV β , Fa. BD Biosciences)

- (1) Bakterienpellet in 5 ml Resuspensionspuffer resuspendieren (3min).
- (2) Zugabe von 5 ml Lysepuffer und vorsichtig mischen. Ca. 3 min lysieren.
- (3) Zugabe von 5 ml Neutralisationspuffer, mischen durch Invertieren (1 min).
- (4) Rohlysat über eine Silica enthaltende – Filtersäule (QIAfilter, QIAGEN) geben, 3 min bei Raumtemperatur inkubieren und das Rohlysat durch das Säulenmaterial pressen.
- (5) 20 ml Extension-Tube auf die Spinsäule setzen und auf einer QIAvac positionieren.
- (6) Zugabe von 7 ml Isopropanol zum Lysat, gut durchmischen und auf die Säule geben.
- (7) Mit Hilfe von Vakuum für 2 min das Gemisch durch das Säulenmaterial saugen.
- (8) Extension-Tube verwerfen.
- (9) Die Spin-Säule mit darin enthaltenen Silicamembranen auf eine Collection-Tube (Auffang-Gefäß) setzen.
- (10) Waschen durch Zugabe von 750 μ l PE eines handelsüblichen Waschpuffers und 1 min bei 14 000 Upm zentrifugieren.
- (11) Zum Entfernen der Pufferreste noch einmal 1 min bei 14 000 Upm zentrifugieren.
- (12) Die Spin-Säule auf eine 1,5 ml Eppendorf-Tube wechseln.
- (13) Zur Elution 200 μ l eines Elutionspuffers (EB), z. B. dem handelsüblichen Elutionspuffer TE, auf die Membran pipettieren, 1 min stehen lassen und zentrifugieren (1 min bei 14 000 Upm).

[0067] Bei dem vorstehend ausgeführten Beispiel wurden Referenz-Präparationen mit folgenden Produkten auf Silica-Basis durchgeführt:

- 1) Invittek Invisorb Plasmid Maxi Kit (Fa. Invittek)
- 2) erfindungsgemäße Vorrichtung

[0068] Die erfindungsgemäße Vorrichtung und das Invittek Produkt beruhen beide auf einer nicht-chaotropen Silica-Chemie.

[0069] Die [Fig. 6](#) zeigt die Präparationszeiten (in

min) von 2 verschiedenen Säulen-Präparationen. Hierbei zeigt die erfindungsgemäße Vorrichtung (wie im Beispiel 1) mit 20 min eine ebenfalls deutlich kürzere Präparationszeit zur Isolierung von Nukleinsäuren, im Vergleich zu der auf der gleichen Chemie beruhenden Invittek Präparation.

[0070] Die [Fig. 7](#) zeigt (wie in Beispiel 1) die DNA-Ausbeuten (in μ g) der 2 Säulen-Präparationen.

[0071] Anhand der in [Fig. 8](#) dargestellten Banden im Agarosegel konnte gezeigt werden, dass eine identische Qualität der zwei Referenz-Präparationen erzielt wurde, wobei die Ausbeute von 1282 μ g bei Verwendung der erfindungsgemäßen Vorrichtung allerdings deutlich höher ist, als die der Vergleichs-Präparation (Invittek).

[0072] Diese Ausbeuten sind mit einer chaotropen Bindechemie nicht zu erreichen, da dort nur Bindestellen auf der inneren Oberfläche der Membran genutzt werden können, was den Einsatz einer Mini-Spin-Säule bzw. des erfindungsgemäßen Verfahrens ausschließt.

[0073] In [Fig. 9](#) werden die Elutionsvolumina (in μ l) von zwei Säulen-Präparationen gegenüber gestellt, woraus eindeutig hervorgeht, dass mit der nach dem erfindungsgemäßen Verfahren eingesetzte Säule im Mini-Format, auch mit einer geringeren Menge Puffer, DNA eluiert werden kann. Durch die enthaltene kleine Membran entsteht so gut wie kein Totvolumen, so dass das erhaltene Elutionsvolumen mit der eingesetzten Puffermenge praktisch identisch ist.

Beispiel 3:

Einfluss der GF/D-Membran der erfindungsgemäßen Vorrichtung zur Isolierung von Nukleinsäuren während des Wechsels vom Midi-Maßstab auf den Mini-Maßstab; der reduzierten Säulenpräparation.

[0074] Es wurde ein synthetisches Lysat aus Resuspendierungs-, Lyse- und Neutralisationspuffer hergestellt. Anschließend wurden je 6 ml dieses "Lysats" mit unterschiedlichen Mengen Plasmid-DNA (10 μ g – 250 μ g) versetzt, Isopropanol zugegeben und durch die Säule der erfindungsgemäßen Vorrichtung, die je 2 Lagen einer GF/D-Membran (Firma Whatman) enthielt, gesaugt.

[0075] Die [Fig. 10](#) zeigt die DNA-Ausbeuten (in μ g) der Säulen-Präparation nach Zugabe von ansteigenden Mengen Plasmid-DNA (10 μ g – 250 μ g). Es konnte gezeigt werden, dass mit steigenden Mengen von Plasmid-DNA (10 μ g – 250 μ g) die erzielbare DNA-Ausbeute auf 211 μ g anstieg.

[0076] Die Durchflussgeschwindigkeiten liegen zwischen 10 – 35 ml/min, abhängig vom angelegten Va-

kuum (ca. 600 – 20 mbar).

[0077] Zusätzliche Untersuchungen zeigen, dass sich bei Verwendung von Membranen, die nominelle mittlere Porengrößen von 2 – 5 µm aufweisen, eine hohe Ausbeute mit großer Durchflussgeschwindigkeit erzielen lässt.

Beispiel 4:

Durchflussgeschwindigkeiten unter Verwendung von Filtervlies im Maxi-Maßstab

[0078] Dieses Experiment zeigt den Einfluss eines Filtervlieses (35 g/m²) auf die Durchflussgeschwindigkeit der erfindungsgemäßen Vorrichtung.

[0079] Protokoll zur Isolierung von Plasmid-DNA aus E. coli:

100 ml E. coli DH5α – Kultur mit dem Plasmid pCMVβ (DH5α/pCMVβ, Fa. BD Biosciences).

[0080] Die E. coli Kultur wurde nach den Präparationsschritten gemäß dem in Beispiel 2 beschriebenen Maxi-Protokoll lysiert, das Lysat durch Filtration geklärt und mit Isopropanol versetzt.

[0081] Die Lysat/Isopropanol-Mischung wurde anschließend bei 200 mbar durch die Säule gepresst. Die Präparat-Säule wurde mit einem Filtervlies (35 g/m²) bestückt.

[0082] Es konnte eine Durchflussgeschwindigkeit von 7,2 ml/min mit der erfindungsgemäßen Vorrichtung und dem verwendeten Filtervlies beobachtet werden.

[0083] Durch diese verbesserte Verstopfungsresistenz können wesentlich größere Lysatvolumina prozessiert werden, womit das Verfahren auch für größere Maßstäbe benutzt werden kann.

Patentansprüche

1. Vorrichtung zur Aufreinigung von Nukleinsäuren umfassend eine Säulenkombination bestehend aus:

a. einem offenen Hohlkörper (1) mit einer Einlassöffnung und einer Auslassöffnung, der auf einem weiteren

b. offenen Hohlkörper (2) mit einer Einlassöffnung und einer Auslassöffnung, mit einer darin enthaltenen Membran, angeordnet ist.

2. Vorrichtung nach Anspruch 1, dadurch gekennzeichnet, dass als Membran eine Glasfasermembran mit einer Porengröße in einem Intervall von 2 – 4 µm im Hohlkörper (2) angebracht ist.

3. Vorrichtung nach Anspruch 1 oder 2 dadurch

gekennzeichnet, dass als Glasfasermembran, vorzugsweise eine GF/D Membran, verwendet wird.

4. Vorrichtung nach einem der Ansprüche 1 bis 3, dadurch gekennzeichnet, dass der Hohlkörper (2) eine zur Ionenaustauschchromatographie geeignete Säule ist, wobei die Innenfläche der Säule mit einem zum Ionenaustausch befähigten chromatographischen Material beschichtet ist.

5. Verfahren zur Aufreinigung von Nukleinsäuren umfassend die folgenden Schritte

- a) Einbringen eines Nukleinsäure-Gemisches in eine Vorrichtung gemäß einem der Ansprüche 1 bis 4,
- b) Binden der Nukleinsäuren in Gegenwart eines aliphatischen Alkohols mit 1 bis 5 Kohlenstoffatomen, vorzugsweise Ethanol,
- c) Eluieren der Nukleinsäuren von der Membran in dem Hohlkörper (2) mit einem an sich bekannten Elutionspuffer.

6. Kit zur Durchführung eines Verfahrens gemäß Anspruch 5, enthaltend einen Hohlkörper (1) und einen Hohlkörper (2) gemäß einem der Ansprüche 1 bis 4 und gegebenenfalls weitere zur Aufreinigung von Nukleinsäuren geeignete Mittel.

7. Kit nach Anspruch 6, enthaltend eine Vorrichtung zur Aufreinigung von Nukleinsäuren, mindestens ein Zellkulturmedium, mindestens einen Resuspensionspuffer, Lysepuffer, Neutralisationspuffer, Waschpuffer und/oder Elutionspuffer.

Es folgen 4 Blatt Zeichnungen

Anhängende Zeichnungen

(1)

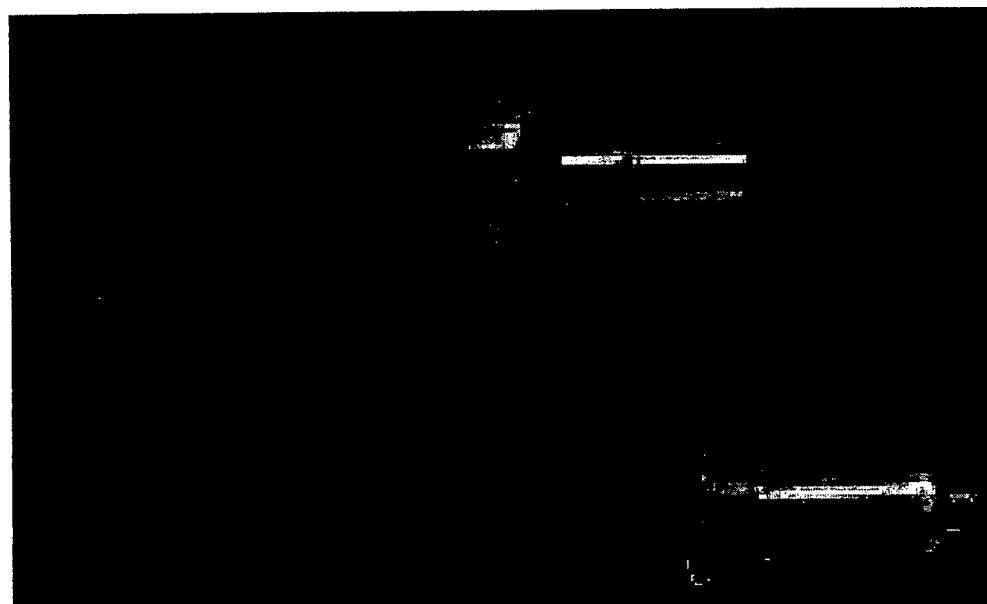


Fig. 1a

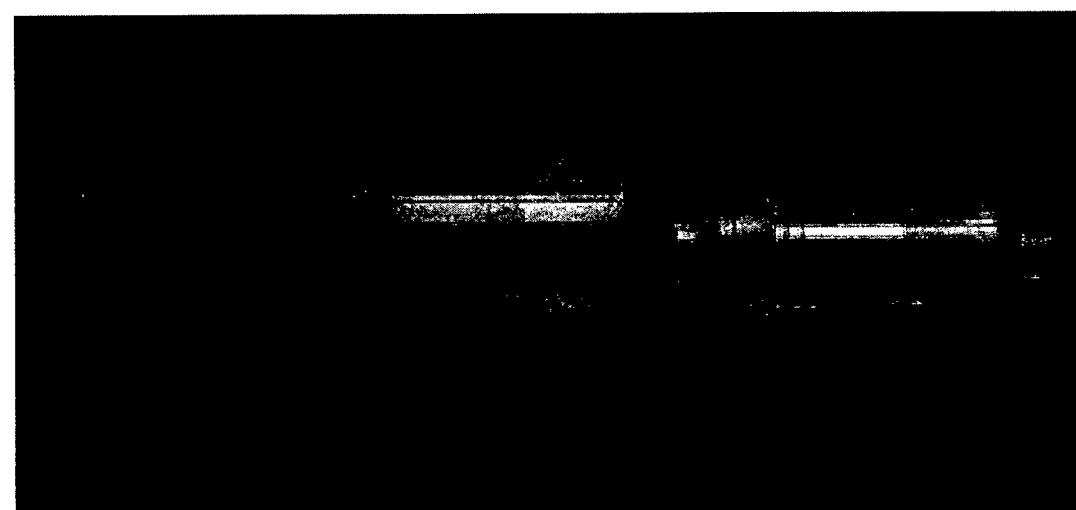


Fig. 1b

Präparationszeiten (min)

Produkt 1	Produkt 2	Produkt 3	Produkt 4
45	100	70	20

Fig. 2

Ausbeuten (μg)

	Produkt 1	Produkt 2	Produkt 3	Produkt 4
Versuch 1	126	201	246	304
Versuch 2	115	239	154	246
Mittelwert	121	220	200	275

Fig. 3

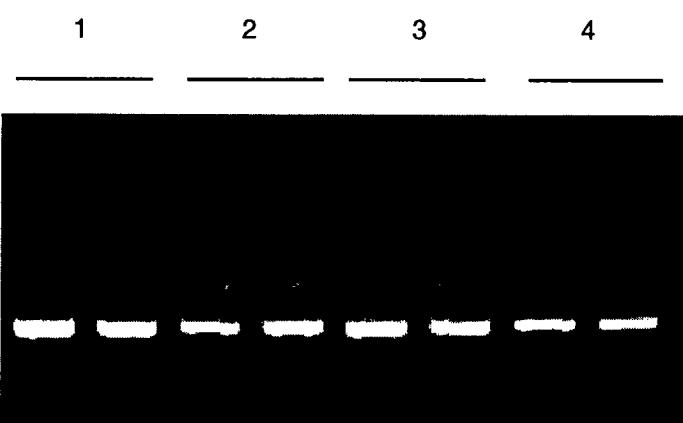


Fig. 4

Elutionsvolumina (μl)

Produkt 1	Produkt 2	Produkt 3	Produkt 4
480	720	970	100
460	800	970	100

Fig. 5

Präparationszeiten (min)

Invitek	Erfindungs-gemäß
50	20

Fig. 6

Ausbeuten (μg)

Versuch	Invitek	Erfindungs-gemäß
1	1084	1395
2	900	1168
Mittelwert	992	1282

Fig. 7

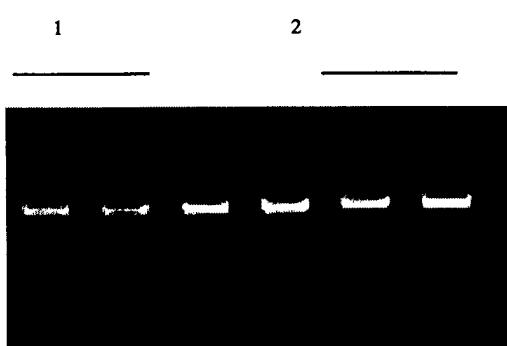


Fig. 8

Elutionsvolumina

Invitek	Erfindungs- gemäß
670	200
660	200

Fig. 9

Eingesetzte Menge DNA	10 µg	50 µg	100 µg	250 µg
1	6,8	20	70	233
2	6,0	29	73	190
Mittelwert	6,4	29	71,5	211

Fig. 10