

## Comparison of Leukocyte Reduction Efficiency and Residual Phenotypes in Blood Filtered with Two Different Leukocyte Reduction Filters

Samuel O. Sowemimo-Coker, PhD

Scientific and Laboratory Services,  
Pall Corporation, Port Washington, NY

### **Abstract :**

**Background :** Previous literature suggests that leukocyte associated transfusion reactions depend on the type and quantity of transfused white blood cells (WBC). Accordingly, to ensure the quality control of leukocyte reduced blood products it is important to use a technology that consistently meet or exceed FDA guidelines. We tested two different filters for their ability to effectively and consistently produce LR whole blood (WB) and defined phenotypic differences between the residual leukocyte populations produced.

**Study Design and Methods :** Sixteen units of 2-4 hour old CPD anticoagulated WB were studied. To create a homogenous challenge for each test, two units of ABO/Rh compatible WB were combined and redivided into equal aliquots of approximately 500mL each. Each aliquot was leukocyte reduced at  $22\pm 2^{\circ}\text{C}$  with either Pall Leukotrap® WBF-2 or Asahi Sepacell® RS2000. The residual WBC were quantified and phenotyped using previously published flow cytometric methods.

**Results :** Leukocyte residual counts in units filtered with the Pall filters ranged from  $0.02 \times 10^6$  -  $0.12 \times 10^6$  and from  $2.06 \times 10^6$  -  $11.7 \times 10^6$  for those filtered with Asahi RS-2000 filters. The data also demonstrate significant differences in these filters abilities to remove monocytes and B-lymphocytes from WB.

**Conclusion :** The present data confirm distinct differences in the leukocyte removal efficiency and residual white cell phenotypes obtained with the use of these filters. Such differences suggest that the clinical results produced by the transfusion of LR blood produced with different devices may not necessarily be identical which can only be ascertained by clinical study.

## Puces à ADN : Technologie et Données

Christelle Thibault

IGBMC, Parc d'Innovation,  
1 rue Laurent Fries, BP 163  
67404 Illkirch cedex, France  
E-mail : thibault@titus.u-strasbg.fr

**Résumé** : La technique des puces à ADN apparaît comme une technologie leader dans le domaine de la génomique fonctionnelle, une discipline récente qui vise à étudier la séquence et la fonction des gènes à l'échelle du génome. En substance, les puces à ADN sont des petits supports sur lesquels sont attachés des milliers de séquence d'ADN à des adresses connues disponibles pour appariement avec des ADN ou des ARN cibles marqués avec des molécules fluorescentes ou radioactives. Leurs multiples applications comprennent la cartographie ou le dosage de gènes, la détection de mutation ou encore la quantification du niveau d'expression de gènes.

Dans cet article nous nous concentrerons sur les puces d'expression destinées à évaluer la représentation absolue de milliers d'espèces d'ARN messager dans une cellule ou un tissu simultanément ou à mesurer leur abondance relative entre deux ou plusieurs échantillons. Nous présenterons les différentes techniques utilisées depuis la fabrication des puces jusqu'à l'obtention des données d'expression et nous discuterons de l'accessibilité de cette technologie d'un point de vue coût. Enfin, nous évoquerons les défis à relever pour analyser la masse des données générées.