



Regensburg, den 5. Januar 2004

An die Teilnehmer  
des INSTAND-Ringversuchs  
Bakteriengenomnachweis PCR / NAT  
(INSTAND-Ringversuchsnummern 430 bis 438)

**Dear Participant, dear Colleague,**

*Please find a cover letter in English on page 4 of this document.*

**Sehr geehrte Kolleginnen und Kollegen,**

Sie erhalten hiermit die Auswertung des aktuellen INSTAND-Ringversuchs zum Bakteriengenom-Nachweis mittels PCR oder anderer Nukleinsäureamplifikationstechniken.

Ihre individuellen Resultate und deren Bewertung können Sie der beigegeführten Teilnahmebescheinigung entnehmen.

Falls Sie an einer etwas umfangreicheren Diskussion unserer Ringversuchsaktivitäten im Bereich Bakteriengenom-Nachweis und näheren Informationen zur Konzeption der Ringversuchsproben interessiert sein sollten, sei hier auf folgende Veröffentlichung aus der Zeitschrift "Der Mikrobiologe" verwiesen (Herausgeber: Berufsverband der Ärzte für Mikrobiologie und Infektionsepidemiologie e.V.):

Reischl, U., N. Lehn, H. Wolf und E. Straube (2003) "Bakteriengenom-Nachweis PCR / NAT": Eine neue Ringversuchsreihe von INSTAND e.V. zur externen Qualitätskontrolle molekularbiologischer Nachweisverfahren in der bakteriologischen Diagnostik. *Mikrobiologe* 13:149-156.

An dieser Stelle möchte ich mich, auch im Namen von INSTAND e.V., bei Ihnen noch einmal für die "Panne" bei der Aussendung der Ringversuchsproben entschuldigen. Bei den zukünftigen Ringversuchsrunden sollten Sie dann die Informationen zur Testdurchführung, die entsprechenden Listen mit den Code-Nummern und die Protokollbögen zur Auswertung in gewohnter Weise wieder zusammen mit dem Probenmaterial erhalten.

Bei der Gestaltung zukünftiger erregerspezifischer Ringversuche sind wir nach wie vor für alle kritischen Kommentare und Anregungen überaus dankbar. Auch wenn die Zahl der Anmeldungen im Vergleich zum vorherigen Ringversuch deutlich zugenommen hat, so "wachsen" Projekte wie diese erst mit dem konstruktiven *feedback* der einzelnen Teilnehmer.

Mit freundlichen und kollegialen Grüßen,

**Dr. Udo Reischl**

Ringversuchsleiter  
Bakteriengenomnachweis

**Prof. Dr. Hans Wolf**

**Prof. Dr. Norbert Lehn**

**Prof. Dr. Eberhard Straube**

## Gesamtübersicht und Auswertung der Ringversuchsergebnisse aller Teilnehmer

### NOVEMBER 2003:

Nachdem die erste Runde dieser neuen Ringversuchs-Serie sehr erfolgreich verlaufen ist, wollten wir bei der Konzeption des zweiten Ringversuchs zum Bakteriengenomnachweis mittels PCR oder anderer Nukleinsäureamplifikationstechniken (NAT) auch ein paar Proben mit relativ niedriger Keimzahl einschließen. Diese zum Teil sogar als "grenzwertig positiv" zu bezeichnenden Proben sollen aber lediglich orientierenden Charakter haben und wurden bei der endgültigen Ringversuchsauswertung zur Erteilung der Zertifikate nicht als "falsch negativ" bewertet. Als Richtwert für die Bewertung von Ringversuchsergebnissen gilt nach wie vor das 50- bis 100-fache der unteren Nachweisgrenze durchschnittlich sensitiver PCR-Protokolle unter Standardbedingungen (50 µl Reaktionsansätze, 35 PCR-Zyklen, gut evaluierte Primersequenzen). Für *B. pertussis* (Probe #32202), *H. pylori* (Probe # 32302), *B. burgdorferi* (Probe # 32503), *L. pneumophila* (Probe #32601) und für *Salmonella enteritidis* (Probe # 32702) stehen aber jetzt standardisierte Probensets zur Verfügung, die zumindest im Rahmen der Testentwicklung bzw. Testoptimierung in gewisser Weise als wertvolle Sensitivitätsmarker dienen können. Bei Bedarf können Sie Rückstellproben dieser Probensets gerne über den Ringversuchsleiter nachbestellen (natürlich nur solange unser Vorrat reicht).

In bewährter Form werden im Folgenden die Ergebnisse der jeweiligen erregerspezifischen Ringversuche dargestellt. Tabelle 1 zeigt dabei die Probenzusammensetzung und das erwartete Ergebnis. Die von den einzelnen Teilnehmern mitgeteilten Ergebnisse werden in Tabelle 2 nach der Häufigkeit der Mitteilung von positiven oder negativen Ergebnissen und in Tabelle 3 nach der absoluten Anzahl der richtig positiven und richtig negativen Ergebnisse sowie deren prozentualem Anteil (Befundhäufigkeit) je Amplifikationssystem bzw. Testkonzept aufgeschlüsselt.

Eine weitergehende Aufschlüsselung nach den einzelnen Kategorien der DNA-Extraktion, Amplifikation, Detektion sowie den jeweils verwendeten Zielsequenzen erschien bei diesem Ringversuch aufgrund der relativ hohen Richtigkeitsquote unter den positiven Proben wenig sinnvoll. Die individuellen Angaben der einzelnen Teilnehmer zur Testdurchführung werden jedoch systematisch erfasst und bleiben für retrospektive Analysen verfügbar.

Erwartungsgemäß waren auch im Rahmen des hier diskutierten Ringversuchs einige Auffälligkeiten hinsichtlich der Spezifität und Sensitivität von bestimmten Testkonzepten und der für den Nachweis verwendeten Zielsequenzen zu beobachten. Diese Aspekte sind bei der Auswertung des jeweiligen Ringversuchs aufgeführt und auch kurz diskutiert. Zusätzlich stehen für den letzten, für diesen und für alle folgenden Ringversuche eine Reihe zusätzlicher Informationen (wie die anonymisierten Ergebnisse der einzelnen Sollwertlaboratorien oder die Ergebnisse unserer quantitativen *real-time* PCR) auch unter folgender Internetadresse:

"[www.udo-reischl.de](http://www.udo-reischl.de)"; Unterpunkt "INSTAND-Ringversuche (PCR / NAT)"

als *pdf*-Files zum download bereit.

## Erweiterung unseres Spektrums an erregerspezifischen NAT-Ringversuchen:

Wie bereits von INSTAND e.V. angekündigt werden wir unser ursprüngliches Ringversuchs-Programm auf vielfachen Wunsch aus dem Teilnehmerkreis ab April 2004 um die folgenden 3 Parameter erweitern. Um bei der Konfektion des Probenmaterials schon etwas Erfahrung gewinnen zu können, haben wir RV 430, RV 436, RV 437 und RV 438 bereits im Rahmen dieser Ringversuchs-Runde als "Studie" mitgeführt.

### RV 437: *Salmonella enterica*

Die relativ hohe Menge an Zielorganismen und die Verfügbarkeit von gut evaluierten selbstentwickelten bzw. kommerziellen NAT-gestützten Analysesystemen führte bei den beiden positiven Proben #32701 (*Salmonella agona*,  $\sim 10^4$  CFU/ml), #32703 (*Salmonella enteritidis*,  $\sim 10^6$  CFU/ml) und bei der negativen Probe #32704 zu sehr hohen Richtigkeitsquoten. Probe #32702 enthielt eine relativ geringe Menge an *S. enteritidis*, die aber zumindest mit den PCR-Testsystemen von 5 der 10 Ringversuchsteilnehmer noch eindeutig nachzuweisen war. Auch hier kann der positive Nachweis von *Salmonella*-DNA in Probe #32702 zweifellos als Qualitätskriterium für hohe Sensitivität des eingesetzten PCR-Testsystems betrachtet werden. Aufgrund der "grenzwertig" geringen Menge an Zielorganismen in Probe #32702 wurden bei der Erstellung der Ringversuchszertifikate negative Ergebnisse nicht als falsch-negativ bewertet. Wenn im Rahmen des NAT-gestützten Salmonellen-Nachweises jedoch eine sehr hohe Sensitivität angestrebt wird, dann sollte ein falsch-negatives Ergebnis bei Probe #32702 gegebenenfalls Anlaß zu einer Optimierung des jeweiligen Testsystems sein.

Zusammenfassend wurden im Rahmen dieser Ringversuchs-"Studie" zum NAT-gestützten Nachweis von Salmonellen von den insgesamt 10 Teilnehmern nur 1 falsch-positiver und kein falsch-negativer Befund für die Proben #32701, #32703 und #32704 mitgeteilt. Für die schwach positive Probe #32702 wurden 3 falsch-negative sowie 2 als "fraglich" eingestufte Befunde mitgeteilt. Zwei von 2 Teilnehmern, die die Verwendung eines "kommerziellen Testsystems / Kit" angaben, berichteten dagegen richtig-positive Ergebnisse für Probe #32702. Offensichtlich bestehen bei einigen der selbstentwickelten (*in house*) Testsysteme noch gewisse Defizite innerhalb einzelner Komponenten des laborspezifischen diagnostischen Protokolls. Es wird interessant sein zu verfolgen, inwieweit sich solche Unterschiede in der analytischen Sensitivität von selbstentwickelten und kommerziellen Testsystemen im Laufe der nächsten Ringversuchsrunden bestätigen werden.

Acht der 10 Teilnehmer verwendeten Testsysteme mit Inhibitions- und/oder Positivkontrollen und bei keinem der ausgesandten Probenmaterialien wurden Inhibitionsereignisse beobachtet.

Der falsch-positive Befund für Probe #32704 (*E. coli*) stammte dabei von einem Teilnehmer, der ein ribosomales Gensegment als Zielsequenz angegeben und bei allen 4 Proben ein positives Ergebnis für *Salmonella enterica* mitgeteilt hat. Entweder handelte es sich hier um eine "banale" Kreuzkontamination bzw. Verschleppung von Salmonellen-DNA bei der Probenaufarbeitung oder um eine Kreuzreaktion des verwendeten PCR-Testsystems.

Basierend auf den Erfahrungen mit dieser ersten Ringversuchs-"Studie" werden wir uns bemühen, daß auch die kommenden "offiziellen" Ringversuchsrunden eine gewisse Herausforderung an die jeweiligen Testsysteme zum NAT-gestützten Nachweis von Salmonellen darstellen. In enger Abstimmung mit den Sollwert-Laboratorien soll dabei auch zumindest eine der 4 Proben mit einer solchen Menge an Zielorganismen versetzt werden, die im Rahmen der gesetzlichen Vorschriften und/oder Richtlinien der einzelnen Fachgesellschaften als untere Nachweisgrenze für den NAT-gestützten Salmonellen-Nachweis gefordert wird.

To the participants of the  
INSTAND-Proficiency Test in  
Bacterial Genome Detection (PCR / NAT)  
(INSTAND Proficiency Test Numbers 430 to 438)

**Dear Participant, dear Colleague,**

Please find enclosed a brief analysis report of the recent proficiency test panel "Bacterial Genome Detection (PCR / NAT)". It summarizes some benchmarks and the overall assessment of results reported by all of the the participating laboratories.

The accuracy of your individual results is indicated on your personal certificate issued by INSTAND e.V. (attached to this letter).

This highly desired program for external validation was activated by the *German Society of Hygiene and Microbiology* (DGHM) and is now organized by INSTAND e.V., Düsseldorf, Germany. As you can learn from "[www.instand-ev.de](http://www.instand-ev.de)", this new segment of their huge proficiency testing program is now open for diagnostic laboratories worldwide. We are aiming at two validation rounds per year (April / November), a reasonable price, and a permanently expanding coverage of relevant bacterial pathogens. Any general or specific comments on sample composition or suggestions on additional bacterial, fungal, or parasitic organisms which should be covered, are highly appreciated.

Please do not feel irritated by some strong-positive samples among the present set. To make participants and ourselves familiar with the concept and the suitability of the proprietary sample matrix, "passing" should be easy in the initial rounds of proficiency testing. But as the program continues, it is our challenge (and duty) to rise at least some of the hurdles with every round of external validation.

Further information on this proficiency test panel "Bacterial Genome Detection (PCR / NAT)" can be downloaded in form of pdf-files at "[www.udo-reischl.de](http://www.udo-reischl.de)", subsection "INSTAND Ringversuche (PCR / NAT)". Although the preferred language of these documents is German, we are aiming to provide at least some key documents and the tables in a bilingual style.

Hopefully you found this kind of external validation benefitting and you will continue to join the future rounds of our QC program in bacterial genome detection (NAT/ PCR).

With best personal regards,

Udo Reischl

**PCR-/NAT *Salmonella enterica*  
 (RV 437) November 2003**



**Tabelle 1: Probenzusammensetzung und erwartetes Ergebnis.**  
*Sample composition and expected results.*

Gruppe A	Erwartet / expected		Probenzusammensetzung / Sample composition
32701	++	61	<i>Salmonella agona</i> ; group O:4(B) (~ 1x10 <sup>4</sup> CFU/mL)
32702	+	61	<i>Salmonella enteritidis</i> ; grp. O:9 (D1) (~ 1x10 <sup>3</sup> CFU/mL)
32703	+++	61	<i>Salmonella enteritidis</i> ; grp. O:9 (D1) (~ 1x10 <sup>6</sup> CFU/mL)
32704	∅	62	<i>Escherichia coli</i> K12

**Tabelle 2: Häufigkeit der Mitteilung verschiedener Befunde.**  
*Absolute numbers of reported individual results.*

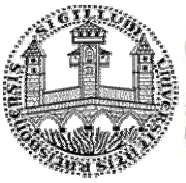
n = 59	Probennummer (Sample no.)					Inhibition			
	32701	32702	32703	32704		32701	32702	32703	32704
<b>Befund</b> <i>Result</i>									
<b>Positiv</b>	10	5	10	1	n.d.	2	2	2	2
<b>Negativ</b>	0	3	0	9	nein <i>no</i>	8	8	8	8
<b>Fraglich</b> <i>Questionable</i>	0	2	0	0	ja <i>yes</i>	0	0	0	0

**Tabelle 3: Häufigkeit richtig positiver und richtig negativer NAT-Befunde bei Anwendern verschiedener Methoden.**

*Absolute numbers and relative frequency of reported true positive and true negative results among various NAT methods.*

NAT-Methode [Code] (total number *)	NAT richtig positiv <i>True positive results</i>			NAT richtig negativ <i>True negative results</i>		
	Absolut <i>Absolute</i>	Relativ <i>Relative</i>	%	Absolut <i>Absolute</i>	Relativ <i>Relative</i>	%
<i>In house</i> PCR assay [28] (n = 8)	19	19 / 24	79	7	7 / 8	87
Other commercial tests [27] (n = 2)	6	6 / 6	100	2	2 / 2	100
Andere / other [29] (n = 0)	-	-	-	-	-	-

\* Durch Mehrfachnennung oder fehlende Angabe kann die absolute Zahl der Ergebnisse (Tab. 2) von der Anzahl der Teilnehmer abweichen.  
*Due to reporting results of multiple assay systems or missing specifications, the effective numbers are not correlating with the number of participants.*



# 437 Bakteriengenom-Nachweis *Salmonella enterica*

status 11.2003

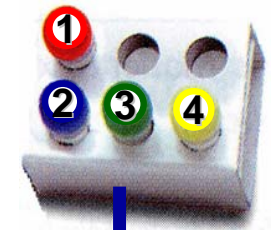
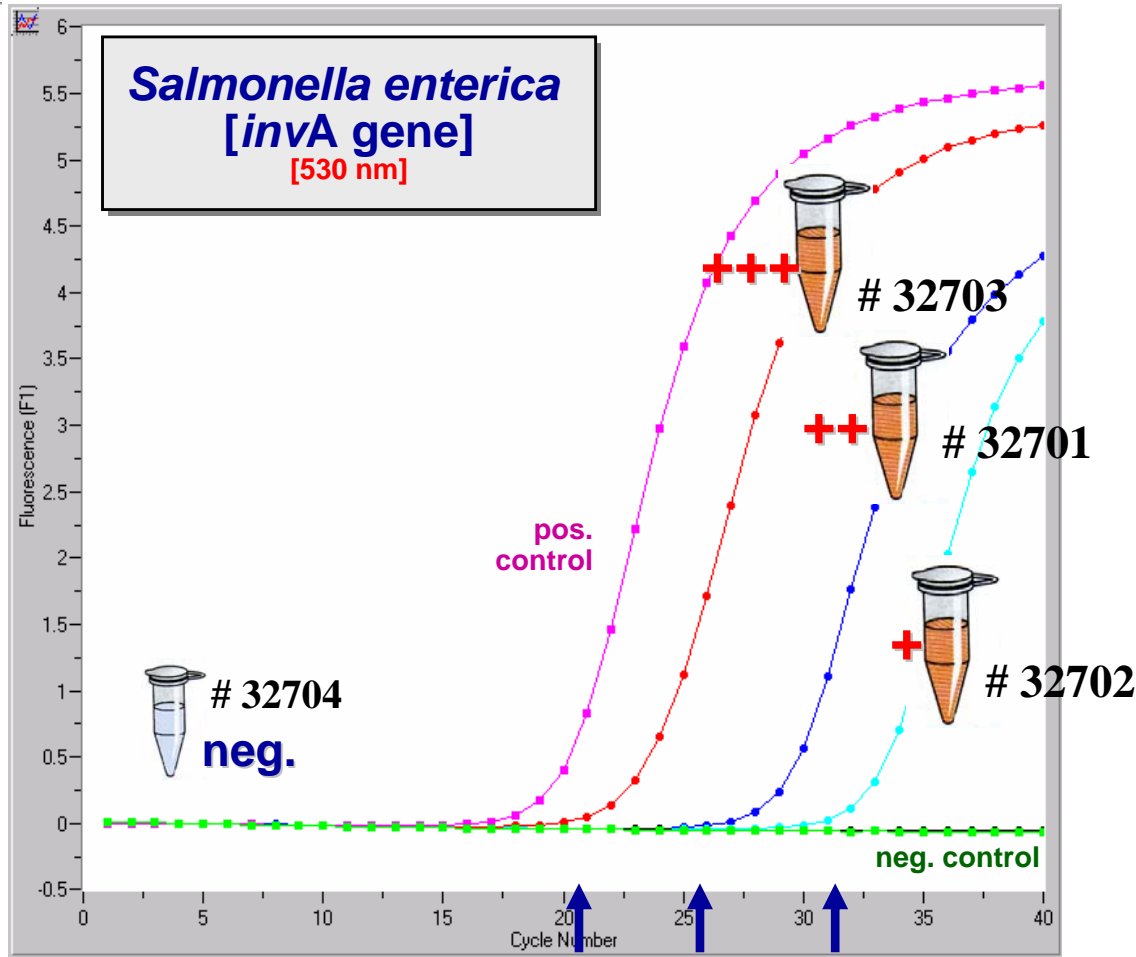
Reischl / Lehn / Wolf

## Evaluation (quantitative Real-Time PCR):

1	Saen 32701	26.11
2	Saen 32702	30.45
3	Saen 32703	19.70
4	Saen 32704	
5	poKo Salm. enteritidis	16.67
6	neg. MM H2O	



**LightCycler PCR protocol:**  
 Daum et al. (2002), *J. Clin. Microbiol.*  
 40: 3050-3052.  
 (TaqMan assay format)



- Centrifuge the vial to pellet the lyophilized sample and add 300 µL of PCR-grade water.
- Incubate at room temperature overnight or at 37°C for 30 min.
- Vortex and process an aliquot of each sample according to your sample preparation and diagnostic PCR / NAA protocol.

U. Reischl/RIMMH/11.2003



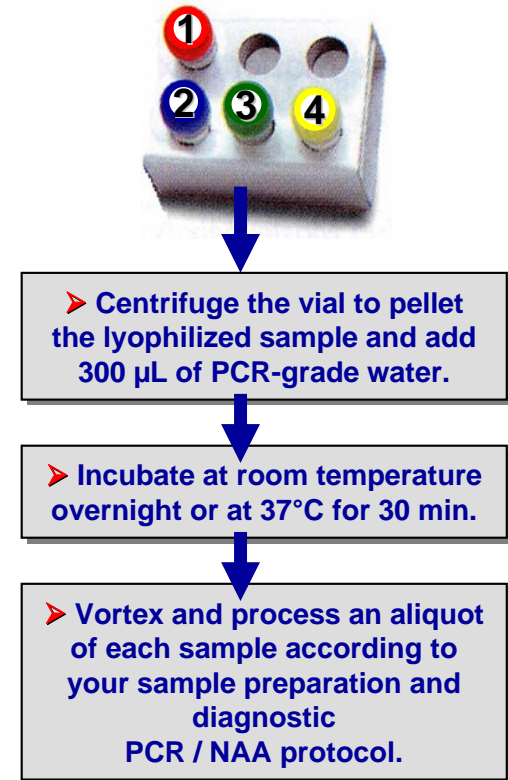
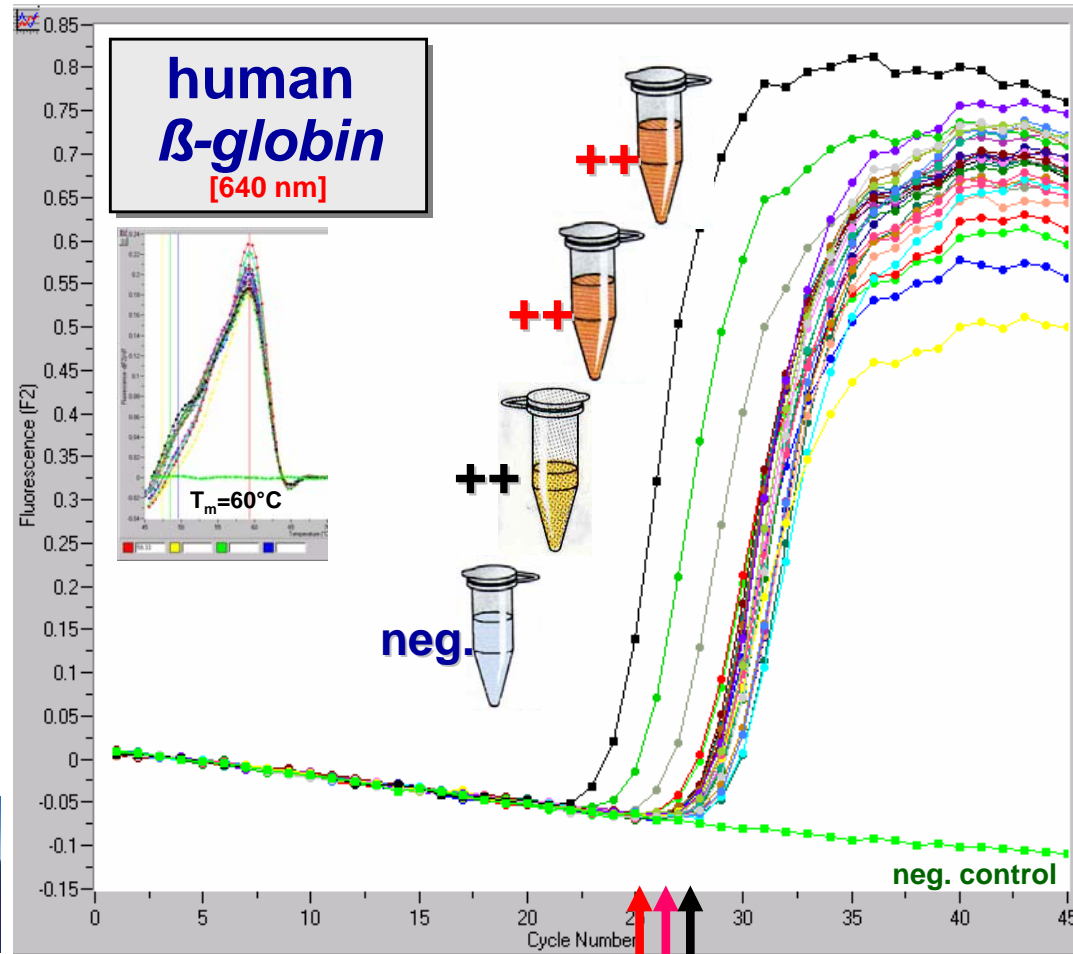
# 432- 438 Bakteriengenom-Nachweis *all sets*

status 11.2003

## Evaluation (quantitative Real-Time PCR):

Reischl / Lehn / Wolf

1	RV-Bope 32201	27.68
2	RV-Bope 32202	27.04
3	RV-Bope 32203	26.95
4	RV-Bope 32204	27.71
5	RV-Hepy 32301	28.17
6	RV-Hepy 32302	29.03
7	RV-Hepy 32303	28.84
8	RV-Hepy 32304	25.88
9	RV-EHEC 32401	28.74
10	RV-EHEC 32402	28.85
11	RV-EHEC 32403	28.70
12	RV-EHEC 32404	27.72
13	RV-Bobu 32501	27.84
14	RV-Bobu 32502	28.04
15	RV-Bobu 32503	28.14
16	RV-Bobu 32504	28.43
17	RV-Lepn 32601	27.85
18	RV-Lepn 32602	27.58
19	RV-Lepn 32603	28.29
20	RV-Lepn 32604	27.79
21	RV-Salspp. 32701	28.98
22	RV-Salspp. 32702	28.82
23	RV-Salspp. 32703	27.88
24	RV-Salspp. 32704	28.08
25	RV-Lisp 32801	27.97
26	RV-Lisp 32802	24.56
27	RV-Lisp 32803	28.10
28	RV-Lisp 32804	28.50
29	poKo $\beta$ -Globin 75ng	23.12
30	neg. MM H2O	37.42



LightCycler PCR protocol:  
 LightCycler Control Kit DNA  
 Roche Cat. No. 2 158 833



human cells / PCR reaction:  $\sim 10^3$

030923\_3\_RV\_β-Globin-ampl.bmp

U. Reischl/RIMMH/11.2003





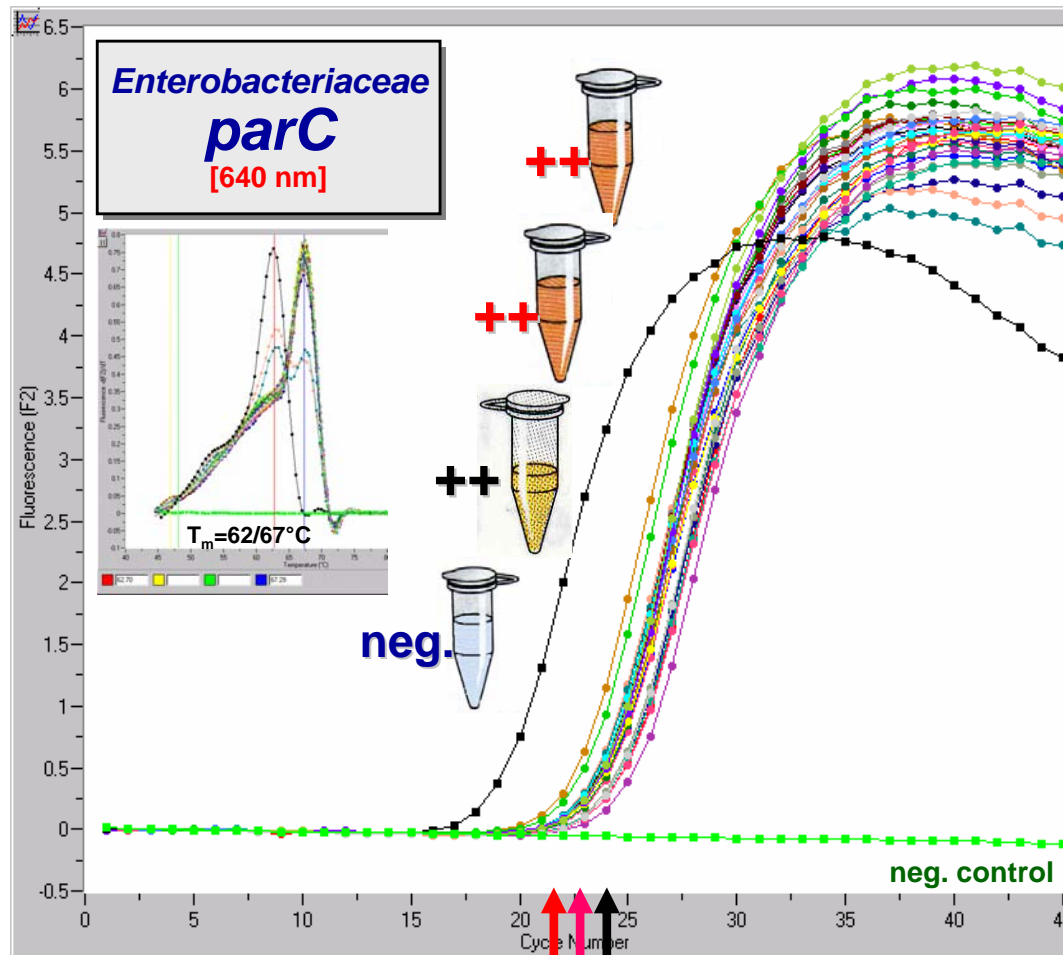
# 432- 438 Bakteriengenom-Nachweis *all sets*

status 11.2003

## ➤ Evaluation (quantitative Real-Time PCR):

Reischl / Lehn / Wolf

1	RV-Bope 32201	23.73
2	RV-Bope 32202	23.57
3	RV-Bope 32203	24.50
4	RV-Bope 32204	23.50
5	RV-Hepy 32301	23.87
6	RV-Hepy 32302	24.30
7	RV-Hepy 32303	24.21
8	RV-Hepy 32304	24.10
9	RV-EHEC 32401	23.05
10	RV-EHEC 32402	24.88
11	RV-EHEC 32403	22.33
12	RV-EHEC 32404	23.07
13	RV-Bobu 32501	23.66
14	RV-Bobu 32502	23.50
15	RV-Bobu 32503	23.81
16	RV-Bobu 32504	23.90
17	RV-Lepn 32601	23.56
18	RV-Lepn 32602	23.45
19	RV-Lepn 32603	24.24
20	RV-Lepn 32604	23.65
21	RV-Salssp. 32701	23.32
22	RV-Salssp. 32702	23.60
23	RV-Salssp. 32703	23.62
24	RV-Salssp. 32704	24.47
25	RV-Lisp 32801	23.75
26	RV-Lisp 32802	22.72
27	RV-Lisp 32803	23.68
28	RV-Lisp 32804	24.32
29	poKo parC (E.coli)	18.76
30	neg. MM H2O	



LightCycler PCR protocol:  
 -unpublished-



Enterobact. / PCR reaction: ~10<sup>5</sup>

030924\_3\_RV\_parC-ampl.bmp



- Centrifuge the vial to pellet the lyophilized sample and add 300 µL of PCR-grade water.
- Incubate at room temperature overnight or at 37°C for 30 min.
- Vortex and process an aliquot of each sample according to your sample preparation and diagnostic PCR / NAA protocol.

U. Reischl/RIMMH/11.2003





**PCR-/NAT *Salmonella enterica*  
(RV 437)**

**PCR-/NAA *Salmonella enterica*  
(RV 437)**

***Salmonella enterica* DNA-Nachweis mittels PCR oder anderen Nukleinsäure-Amplifikationstechniken (NAT)**

**Information zur Testdurchführung und Code Nummern (2 Seiten)**

**Vorsichtsmaßnahmen**

Die Probenmaterialien wurden einer speziellen Inaktivierungsmaßnahme unterzogen und sind daher **nicht** mehr als potentiell infektiös zu betrachten.

**Probenvorbereitung**

Die Proben sind nach Erhalt bei 4°C zu lagern.

Als lyophilisiertes Untersuchungsmaterial sind die Proben unmittelbar vor der Testung kurz zu zentrifugieren und dann je in **300 µl** sterilem Wasser (PCR-grade) aufzunehmen.

Die Proben sollten für 20 min. bei Raumtemperatur in einem Thermoschüttler resuspendiert und/oder mehrfach gut gevortext werden. Anschließend sind 100 µl-Aliquots der Proben wie eine Anreicherungskultur oder natives klinisches Probenmaterial mit der in Ihrem Labor angewandten Prozedur für die DNA-Extraktion und dem *Salmonella enterica*-PCR/NAT Nachweis zu untersuchen.

**Testdurchführung und Ergebnisinterpretation**

Das Konzept dieses Ringversuchs ist primär auf die Bestimmung von *Salmonella enterica* DNA im Probenmaterial ausgelegt. Auch der Einsatz von RNA-gestützten Nachweisverfahren sollte möglich sein. Da das Probenmaterial auch Proteine, div. Bakterien und menschliche Zellen beinhaltet, ist die Durchführung und Interpretation von optionalen Inhibitionskontrollen, die auf dem Nachweis humaner Gensequenzen (wie z.B. β-Globin) im Untersuchungsgut beruhen, möglich.

Benutzen Sie bitte die in Ihrem Labor routinemäßig angewendeten Methoden und geben Sie alle Informationen entsprechend der Code-Nummern an. Primär werden in diesem Ringversuch nur qualitative Angaben abgefragt. Die Ergebnisse bitte anhand der Code-Nummern als "positiv", "unterhalb der Nachweisgrenze", "inhibiert" oder "fraglich" angeben. Auch wenn nur die Richtigkeit der Ergebnisse für *S. enterica* bewertet werden, ist natürlich auch eine differenzierte Angabe von Serovaren möglich. Die zusätzliche Angabe von quantitativen oder semiquantitativen Ergebnissen (+, +++, etc.) im Bemerkungsfeld ist für die genaue Analyse der Ringversuche sehr hilfreich und daher, wie alle anderen Kommentare, stets willkommen.

**Rücksendung des Protokollbogens**

Das ausgefüllte Protokoll bitte zurücksenden an:  
Institut für Standardisierung und Dokumentation  
im Medizinischen Laboratorium e.V. (INSTAND)  
Abt. Qualitätssicherung  
Postfach 250211  
40093 Düsseldorf.

**Detection of *Salmonella enterica* DNA by PCR or other procedures for nucleic acid amplification & detection (NAA)**

**Instructions for testing and Code numbers (2 pages)**

**Precautions**

The samples in this panel were subjected to inactivation and they are **not** considered hazardous or capable of transmitting infection.

**Specimen preparation**

Samples should be stored at 4°C upon receipt.

The closed tubes should be briefly centrifuged to pellet the lyophilized material. Immediately before testing, renature the samples by adding **300 µl** of sterile water (PCR-grade) and incubate at room temperature for 20 min. on an orbital shaker and/or occasional vortexing.

When the pellets are completely dissolved, the resulting suspensions should be considered as enrichment broths or native clinical specimens and 100 µl aliquots processed as such using typical protocols for DNA extraction and *Salmonella enterica*-PCR/NAA established in your routine diagnostic setting.

**Testing and reporting of results**

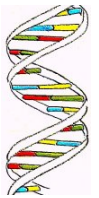
The concept of this proficiency panel is designed for determination of *Salmonella enterica* DNA in the sample material. RNA should be detectable as well. The sophisticated composition of the sample matrix comprises of proteins, bacteria, and human cells next to the target organisms, thereby allowing for the application of optional inhibition controls targeting human genes (like β-globin, etc.).

Please apply the same methods for DNA extraction and amplification like you are using for the workup of routine clinical samples. Protocol and workflow characteristics should be specified in the Report Form according to the provided code numbers. Although only reporting of qualitative results for the presence or absence of *S. enterica* is requested, you are free to report the corresponding serovars and/or to provide quantitative or semiquantitative data (e.g., +, +++) in the Comments column. The latter information is voluntary, but very helpful for the final evaluation of this proficiency testing program.

**Completing of Report Form**

Please return the completed Report Form no later than the requested date (postmark date) to:

INSTAND e.V.  
Abt. Qualitätssicherung  
Postfach 250211  
40093 Düsseldorf, GERMANY.



## BAKTERIENGENOM-NACHWEIS

### CODE-Nummern PCR-/NAT *Salmonella enterica* (437)

Die Code Nummern für die Verschlüsselung sind in 6 Gruppen aufgeteilt.

Angaben unter den technischen Kategorien [I] bis [V] erfolgen auf freiwilliger Basis. Sie werden vertraulich behandelt und dienen vor allem zu statistischen Zwecken.

Angaben unter [VI] sind verpflichtend.

#### Gruppe [I] (DNA Extraktion)

11: Proteinase K / Zentrifugensäulchen  
12: Kommerzieller DNA Extraktionskit \*\*  
13: Phenol / Chloroform Extraktion      19: Andere \*\*

#### Gruppe [II] (Amplifikation)

27: Kommerzielles Testsystem / Kit \*\*  
28: *In house* PCR Protokoll      29: Andere \*\*

#### Gruppe [III] (Detektion / Identifizierung)

31: Kommerzielles Testsystem (Codes 21-27)  
32: Agarosegel Elektrophorese  
33: Hybridisierung mit markierten Sonden  
34: Nested PCR  
35: Real-Time PCR (TaqMan-Format)  
36: Real-Time PCR (LightCycler)  
37: DNA Sequenzierung      39: Andere \*\*

#### Gruppe [IV] (Positiv u/o Inhibitionskontrollen)

41: Kommerzielles Testsystem (Codes 21-27)  
42: Interne Kontrolle (rekombinantes Plasmid o.ä.)  
43: Externe Kontrollen (Plasmid,  $\beta$ -Globin Gen, etc.)  
44: Genomische DNA d. entsprechenden Erregers  
48: Andere \*\*      49: Keine Kontrollen durchgeführt

#### Gruppe [V] (Zielsequenz)

51: Kommerzielles Testsystem (Codes 21-27)  
52: Ribosomales Gen (16S rDNA, 28S rDNA)  
53: *himA* Gen      54: *gyrB* Gen      55: *invA* Gen  
56: Ribosomale ITS Region      59: Andere \*\*

#### Gruppe [VI] (Ergebnisse)

61: Positiv      63: Fraglich  
62: Negativ      64: Inhibition

**optional:** Mitteilung von Serovaren

\*\* (bitte unter **Bemerkungen** kurz erläutern)

## BACTERIAL GENOME DETECTION

### CODE Numbers PCR-/NAA *Salmonella enterica* (437)

Code numbers are subdivided into six groups. Although providing technical specifications of the applied assays is highly desired for statistical purposes (individual data will be kept confidential), completing groups [I] to [V] is on a voluntary basis.

Completing of group [VI] is mandatory.

#### Group [I] (Sample preparation)

11: Proteinase K / spin column  
12: Commercial DNA extraction kit \*\*  
13: Phenol / chloroform extraction      19: Other \*\*

#### Group [II] (Amplification)

27: Commercial assay system / kit \*\*  
28: *In house* PCR assay      29: Other \*\*

#### Group [III] (Detection / identification)

31: Commercial assay system (codes 21-27)  
32: Agarose gel electrophoresis  
33: Hybridization with labelled probe  
34: Nested PCR  
35: Real-Time PCR (TaqMan format)  
36: Real-Time PCR (LightCycler)  
37: DNA sequencing      39: Other \*\*

#### Group [IV] (Positive and/or inhibition control)

41: Commercial assay system (codes 21-27)  
42: Internal control (recombinant plasmid etc.)  
43: External controls (plasmid,  $\beta$ -globin gene, etc.)  
44: Genomic DNA of the corresponding pathogen  
48: Other \*\*      49: No inhibition control applied

#### Group [V] (Target gene)

51: Commercial assay system (codes 21-27)  
52: Ribosomal gene (16S rDNA, 28S rDNA)  
53: *himA* gene      54: *gyrB* gene      55: *invA* gene  
56: Ribosomal ITS region      59: Other \*\*

#### Group [VI] (Results)

61: Positive      63: Questionable  
62: Negative      64: Inhibition

**optional:** Specification of serovars

\*\* (please specify in the **Comments** section)