



Regensburg, den 11. Dezember 2009

**An die Teilnehmer
der INSTAND-Ringversuche Bakteriengenomnachweis PCR / NAT
(INSTAND-Ringversuchsnummern 530 bis 541)**

Dear Participant, dear Colleague,

Please find a cover letter and a brief discussion (NEW !) of the current results in English on the following pages of this document. As always, result tables are depicted in a bilingual style.

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 in gewohnter Weise 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 wie gehabt auf folgende Veröffentlichungen in den Zeitschriften "Der Mikrobiologe" (Herausgeber: BÄMI, Berufsverband der Ärzte für Mikrobiologie und Infektionsepidemiologie e.V.) und "Hygiene und Mikrobiologie" (Herausgeber: DGHM, Deutsche Gesellschaft für Hygiene und Mikrobiologie e.V.) verwiesen:

> 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.

> Reischl, U., N. Lehn, H. Wolf und E. Straube (2004) *Hyg. Mikrobiol.* **8**:19-21.

Sowohl im Zusammenhang mit einer Erweiterung unseres Ringversuchsprogramms als auch bei der Gestaltung zukünftiger erregerspezifischer Ringversuche sind wir für alle kritischen Kommentare und Anregungen überaus dankbar. Projekte wie diese wachsen erst mit dem konstruktiven *feedback* der einzelnen Teilnehmer. Bis auf wenige Ausnahmen waren die bisherigen Kommentare jedoch durchwegs positiv - vielen Dank !!

Mit freundlichen und kollegialen Grüßen,

PD Dr. Udo Reischl

Ringversuchsleiter Bakteriengenomnachweis
Mitglied der Qualitätssicherungskommission der DGHM

Prof. Dr. H. Wolf, Dr. V. Fingerle, Prof. Dr. E. Straube, Prof. Dr. M. Maaß, Prof. Dr. E. Jacobs

December 11, 2009

To the participants of the
INSTAND external quality assessment scheme (EQAS)
for NAATs in Diagnostic Bacteriology
Bacterial Genome Detection (PCR / NAT)
(INSTAND Proficiency Test Numbers 530 to 541)

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 sheme for external quality assessment (EQAS) was activated in 2002 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.instandev.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 (spring and autumn), a reasonable price of less than €150 per set, 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. But now 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 as well as the documented and analyzed results of the past rounds of our quality control and proficiency test program "Bacterial Genome Detection (PCR / NAT)" can be downloaded in form of pdf-files at "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. **New in 2009:** due to the growing number of international participants, we will further include a brief discussion of the results in English (see the following pages).

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

If you should have any further questions, please do not hesitate to contact me by e-mail: "udo.reischl@klinik.uni-regensburg.de"

With best personal regards,



PD Dr. Udo Reischl

Organizer of the proficiency testing program "Bacterial Genome Detection"
Member of the Quality Assurance Board (DGHM; German Society of Hygiene and Microbiology)

Prof. Dr. H. Wolf, Dr. V. Fingerle, Prof. Dr. E. Straube, Prof. Dr. M. Maaß, Prof. Dr. E. Jacobs

Gesamtübersicht und Auswertung der Ringversuchsergebnisse aller Teilnehmer

Eine kurze Anmerkung vorab: Aufgrund zahlreicher Anfragen aus dem Teilnehmerkreis ist für den Herbst 2010 eine Erweiterung des Spektrums an Zielorganismen geplant. Wir werden im Laufe des Jahres je einen sog. **Proberingversuch** für den Nachweis von *Coxiella burnetti* und *Francisella tularensis* anbieten. Als Sollwertlabor wird hier das Institut für Mikrobiologie der Bundeswehr in München (Konsiliarlabor für Tularämie) in enger Absprache mit dem Konsiliarlabor für Q-Fieber in Stuttgart fungieren. Bei erfolgreichem Verlauf werden diese erregerspezifischen Ringversuche dann in das reguläre Ringversuchsprogramm "Bakteriengenomnachweis PCR/NAT" von INSTAND e.V. aufgenommen. Sollten Sie Interesse an der Teilnahme an diesem "Proberingversuch" mit limitierter Anzahl von entsprechenden Probensets haben, so bitten wir Sie um kurze Mitteilung an den Ringversuchsleiter (udo.reischl@klinik.uni-regensburg.de).

NOVEMBER 2009:

Entsprechend des Grundgedankens unserer Ringversuchsaktivitäten wurde auch bei der Konzeption des aktuellen Ringversuchs zum "Bakteriengenomnachweis mittels PCR oder anderer Nukleinsäureamplifikationstechniken (NAT)" bei einigen Zielorganismen der Versand von Proben mit relativ niedrigen Erregerzahlen angestrebt.

In den aktuellen Ringversuchssets befanden sich daher erneut einige Proben mit relativ geringer Menge folgender Zielorganismen: *Chlamydia trachomatis* (Proben # 92001, 92004, sowie die drei schwach positiven Proben des RV 531), *Neisseria gonorrhoeae* (Probe # 92003), *Borrelia burgdorferi* (Proben # 92504), *Salmonella enterica* (Probe # 92701), sowie cMRSA (Probe # 92903). Im Rahmen der Testentwicklung bzw. Testoptimierung können diese Probensätze u.a. als Qualitätskontrollen oder als standardisierte Sensitivitätsmarker für die Austestung der unteren Nachweisgrenze von eigenentwickelten Nukleinsäure-gestützten Testsystemen dienen.

An dieser Stelle möchten wir auch darauf hinweisen, daß zahlreiche Rückstell-Probensätze der früheren Ringversuche noch verfügbar sind und bei Bedarf über den Ringversuchsleiter formlos nachbestellt werden können.

Mit Ausnahme der zuvor erwähnten "grenzwertig positiven" Einzelproben wurden die Mengen der entsprechenden Zielorganismen in den Probensätzen der aktuellen Ringversuchsrunde wieder relativ deutlich über der Nachweisgrenze von "durchschnittlich sensitiven PCR/NAT-Testkonzepten" eingestellt. Diese definieren wir wie folgt: als Richtwert für die Bewertung von Ringversuchsergebnissen gilt das 10- bis 50-fache der unteren Nachweisgrenze durchschnittlich sensitiver PCR-Protokolle unter Standardbedingungen (50 µl Block-Cycler Reaktionsansätze, 35 PCR-Zyklen, ggf. entsprechende *real-time* PCR Protokolle; gut evaluierte Primersequenzen).

Bei den meisten Probenmaterialien der aktuellen Ringversuchsrunde stellen falsch-negative Ergebnisse damit einen deutlichen Hinweis auf ernstzunehmende Mängel innerhalb der eingesetzten Verfahren zur Nukleinsäure-Extraktion, Amplifikation und Detektion dar.

Falsch-positive Ergebnisse sind dagegen in der Regel als Hinweis auf eine Kreuzkontamination während der Probenextraktion und -abarbeitung und/oder auf mangelnde Spezifität der eingesetzten Testsysteme zu betrachten.

In bewährter Form werden im Folgenden die Ergebnisse der jeweiligen erregerspezifischen Ringversuche dargestellt. Tabelle 1 zeigt dabei die Probenzusammensetzung und das erwartete Ergebnis (Sollwert) mit den entsprechenden Codenummern der Ergebnisbögen. 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 prozentuaalem Anteil (Befundhäufigkeit) je Amplifikationssystem bzw. Testkonzept aufgeschlüsselt. Für die objektive

Bewertung von kommerziellen Testsystemen sollten neben der rein statistischen Betrachtung der mitgeteilten Ringversuchsergebnisse auch die Anzahl und vor allem die methodische bzw. technische Qualifikation der individuellen Teilnehmer berücksichtigt werden. Da wir im Zuge unserer Ringversuche aber das gesamte Spektrum von spezialisierten Expertenlabors bis hin zum "Gelegenheitsanwender" abdecken, müssen die arithmetisch ermittelten Richtigkeitsquoten bei der Bewertung einzelner Testsysteme immer mit einem gewissen Toleranzbereich betrachtet werden. Auch im Rahmen des hier diskutierten Ringversuchs waren wieder 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 dort auch kurz diskutiert. Zusätzlich stehen für die früheren, für diesen und für alle folgenden Ringversuche eine Reihe zusätzlicher Informationen (wie die graphisch dokumentierten Ergebnisse unserer quantitativen *real-time* PCR Testsysteme oder die Ergebnisse einiger kommerzieller PCR Testsysteme) auch unter folgender Internetadresse: "www.udo-reischl.de"; Unterpunkt "Auswertung der Ringversuche" und neuerdings auch über die Homepage von INSTAND e.V. (www.instandev.de) als *pdf*-Files zum freien Download bereit. An dieser Stelle möchte ich mich noch einmal ausdrücklich bei den geschätzten Kolleginnen und Kollegen für ihre zahlreichen und überaus konstruktiven Kommentare und Anregungen zu den Ausführungen in dieser Ringversuchsdiskussion bedanken.

RV 534: EHEC / STEC

Wie auch bereits bei den vorhergegangenen Runden dieses Ringversuchs mehrfach diskutiert, besteht die eigentliche Herausforderung bei dem Nukleinsäure-gestützten Nachweis von EHEC/STEC prinzipiell nicht so sehr in dem Nachweis sehr geringer Mengen an Zielorganismen, sondern vielmehr in der differenzierten Analyse und der Typisierung unterschiedlicher Shiga-Toxin-Gene und anderer putativer Pathogenitätsfaktoren (wie das für Intimin kodierende *eae*-Gen oder das für Enterohämolysin kodierende *hlyA*-Gen) von entsprechenden Zielorganismen. Aus diesem Grund werden von uns bei der Probenkonfektionierung meist nicht nur klassische "Prototyp" EHEC-Stämme (wie z.B. O157:H7), sondern relativ willkürlich auch Routineisolate aus einer inzwischen sehr umfangreichen Sammlung von *stx*-positiven *E. coli* ausgewählt.

Das aktuelle Set an Ringversuchsproben enthielt eine Probe mit einer relativ hohen Menge von ca. 1×10^6 CFU/ml der entsprechenden EHEC Zielorganismen (# 92401, *E. coli*, klinisches Isolat, *stx*₁-positiv, *stx*₂-negativ, *eae*-positiv und *hlyA*-positiv), eine EHEC-negative Probe # 92402 mit einem *eae*- und *hlyA*-negativen *E. coli* K12 Stamm, eine EHEC-negative Probe # 92403 mit einem ***eae*-positiven** *E. coli* Patientenisolat sowie eine Probe mit einem klinischen Isolat von *Salmonella enterica* Enteritidis als "verwandte Spezies" (# 92404).

Die Verfügbarkeit von mittlerweile bestens etablierten NAT-gestützten Testsystemen und molekularbiologischen Differenzierungsstrategien für EHEC führte hier durchwegs zu hohen Richtigkeitsquoten - sowohl für positive als auch für negative Befunde. Aus Sicht des Ringversuchsleiters zeigten sich diesmal keine besonderen Auffälligkeiten hinsichtlich der Performance bestimmter Testkonzepte. Bis auf 3 Teilnehmer mit falsch-positivem "EHEC-Ergebnis" für die Probe mit dem *stx*- und *hlyA*-negativem aber *eae*-positivem *E. coli* Patientenisolat (Probe # 92403), und je einem falsch-positiven Ergebnis für EHEC-negative Proben # 92402 und # 92404 wurden durchwegs richtige PCR/NAT-Befunde übermittelt. In Anbetracht der hohen Menge an Zielorganismen in Probe # 92401 könnten zumindest einige der insgesamt 5 falsch-positiven Ergebnisse bei den nachfolgenden Proben durch laborinterne Kontaminationsereignisse verursacht worden sein.

Da in den meisten der teilnehmenden Laboratorien ein NAT-gestützter Nachweis von Shiga-Toxin Genen im Umfeld der EHEC-Diagnostik primär als Kulturbestätigungstest eingesetzt wird, werden bei zukünftigen Ringversuchen auch die meisten der positiven Proben wieder relativ hohe Mengen an Zielorganismen enthalten, und der Schwerpunkt bleibt auf der Abprüfung der analytischen Spezifität der eingesetzten Testsysteme und weniger auf der dabei erzielten unteren Nachweisgrenze.

Die Mehrzahl der Teilnehmer gab die Verwendung von selbstentwickelten oder "anderen" Testsystemen mit Inhibitions- und/oder Positivkontrollen zum NAT-gestützten Nachweis von EHEC an, und bei keiner der ausgesandten Proben wurden signifikante Inhibitionsereignisse beobachtet. Neben den 10 Teilnehmern, die für die Testung der Ringversuchsproben den Hain GenoType EHEC Kit einsetzten, gaben weitere 7 Teilnehmer hier die Verwendung von kommerziellen NAT-Testsystemen für die Nukleinsäure-gestützte EHEC-Diagnostik an - leider wurden die Hersteller der entsprechenden Testkits nicht durchgehend spezifiziert. Es wurden lediglich von 3 Teilnehmern der BAG Hyplex EHEC Kit und von 2 Teilnehmern der Hain GenoType EHEC Kit angegeben.

Wie bereits bei der letzten Ringversuchsrunde beobachtet und hier erfreulicherweise erneut bestätigt, wurden mit der Verwendung dieser kommerziellen Kits durchwegs Richtigkeitsquoten von 100 % sowohl für die positiven als auch für die negativen Proben erzielt.

Zudem wurden von 58 der insgesamt 62 Teilnehmer die Ergebnisse der molekulargenetischen Shiga-Toxin Subtypisierung sowie des gezielten Nachweises von Intimin- (*eae*) und/oder Enterohämolysin (*hlyA*)-Genen mitgeteilt. Wenn auch die Typisierung nicht immer vollständig durchgeführt wurde, so waren diese Angaben bei 53 Teilnehmern, zumindest in dem mitgeteilten Umfang, korrekt. Lediglich von 5 Teilnehmern wurden bei der EHEC-positiven Probe # 92401 fälschlicherweise neben *stx*-1 auch positive Resultate für *stx*-2 mitgeteilt.

Brief discussion of the current EQAS results in English:

RV 534: EHEC / STEC

The current set of QC samples contained only one sample which was positive for EHEC: # 92401 (*E. coli*, 1×10^6 CFU/ml, clinical isolate, *stx*₁-positive, *stx*₂-negative, *eae*-positive and *hlyA*-positive). The other three EHEC-negative samples contained an *eae*- and *hlyA*-negative *E. coli* K12 strain (# 92402), an ***eae*-positive** but *hlyA*-negative *E. coli* patient strain (# 92403), and a patient isolate of *Salmonella enterica* Enteritidis (# 92404), which served as a "related organism" in the course of assay specificity testing. Overall, there was a pretty good diagnostic performance of the EHEC-specific assays used by the 62 participants and false-positive or false-negative results were only sporadically observed.

Three false-positive results were observed for the *stx*-negative but *eae*-positive patient isolate of *E. coli* (sample # 92403) and one false-positive result was observed for each of the two remaining "negative" samples # 92402 and # 92404; this may be caused by some contamination events in the course of sample preparation, amplification or amplicon detection. Otherwise there were no noticeable problems with the current set of QC samples.

Partial or complete shiga-toxin subtyping, *eae*-, and *hlyA*-detection was performed by 58 laboratories and, with the exception of 5 false-positive results for *stx*-2, all of the reported results were correct.

**PCR-/NAT EHEC / STEC
 (RV 534) November 2009**



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

Gruppe A	Erwartet / expected		Probenzusammensetzung / Sample composition
92401	++	61 / 71,77,78	EHEC (~1x10 ⁶ CFU/mL) (<i>stx-1, eae, hlyA</i>)
92402	∅	62	<i>Escherichia coli</i> K12 (negative for <i>eae</i> and <i>hlyA</i>)
92403	∅	62 / 77	<i>Escherichia coli</i> (~1x10 ⁶ CFU/mL) (positive for <i>eae</i>)
92404	∅	62	<i>Salmonella enterica</i> Enteritidis (~ 1x10 ⁶ CFU/mL)

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

n = 62	Probennummer (Sample no.)					Inhibition			
	92401	92402	92403	92404		92401	92402	92403	92404
Befund Result									
Positiv	62 ¹⁾	1	3	1	n.d.	1	1	1	1
Negativ	0	61	59	61	nein no	61	61	61	61
Fraglich Questionable	0	0	0	0	ja yes	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 True positive results			NAT richtig negativ True negative results		
	Absolut Absolute	Relativ Relative	%	Absolut Absolute	Relativ Relative	%
GenoType EHEC (Hain) [20] (n = 10)	10	10 / 10	100	30	30 / 30	100
Other commercial tests [27] (n = 7)	7	7 / 7	100	21	21 / 21	100
In house PCR assay [28] (n = 44)	44	44 / 44	100	127	127 / 132	96
Andere/ k.A. / other [29] (n = 1)	1	1 / 1	100	3	3 / 3	100

Comments: ¹⁾ Partial or complete shiga-toxin subtyping, *eae*-, and *hlyA*-detection was performed by 58 laboratories. With the exception of 5 laboratories (who report false-positive results for *stx-2*), the reported results were correct.



534 Bakteriengenom-Nachweis EHEC / STEC status 11.2009

Evaluation (quantitative Real-Time PCR):

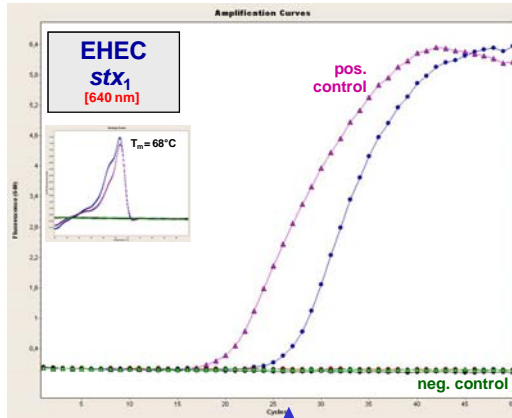
Reischl / Linde / Wolf

- 13 92401 26,25
- 14 92402
- 15 92403
- 16 92404
- 17 Pos. Ko. EHEC 19,75
- 18 NTC

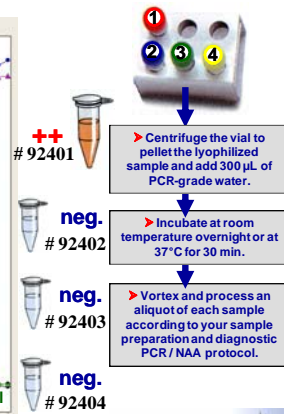


LightCycler PCR protocol:

Reischl, U., M.T. Youssef, J. Kilwinski, N. Lehn, W.L. Zhang, H.Karch, and N.A. Stroockhine (2002). Real-time fluorescence PCR assays for the detection and characterization of Shiga toxin, intimin and enterohemolysin genes from Shiga toxin-producing *Escherichia coli*. J. Clin. Microbiol. 40:2555-2565.



organisms / PCR reaction: 090518_7_RV_Sep09_EHEC



INSTAND-D03_II/09



534 Bakteriengenom-Nachweis EHEC / STEC status 11.2009

Evaluation (quantitative Real-Time PCR):

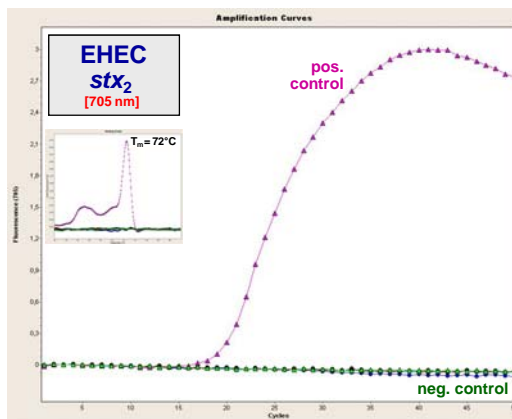
Reischl / Linde / Wolf

- 13 92401
- 14 92402
- 15 92403
- 16 92404
- 17 Pos. Ko. EHEC 18,63
- 18 NTC

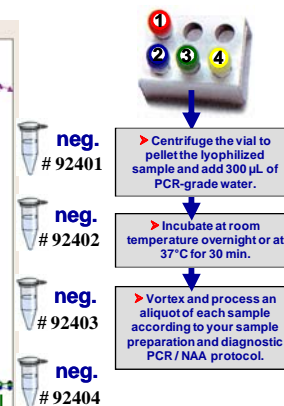


LightCycler PCR protocol:

Reischl, U., M.T. Youssef, J. Kilwinski, N. Lehn, W.L. Zhang, H.Karch, and N.A. Stroockhine (2002). Real-time fluorescence PCR assays for the detection and characterization of Shiga toxin, intimin and enterohemolysin genes from Shiga toxin-producing *Escherichia coli*. J. Clin. Microbiol. 40:2555-2565.



organisms / PCR reaction: 090518_7_RV09_EHEC



INSTAND-D04_II/09



534 Bakteriengenom-Nachweis EHEC / STEC status 11.2009

Evaluation (quantitative Real-Time PCR):

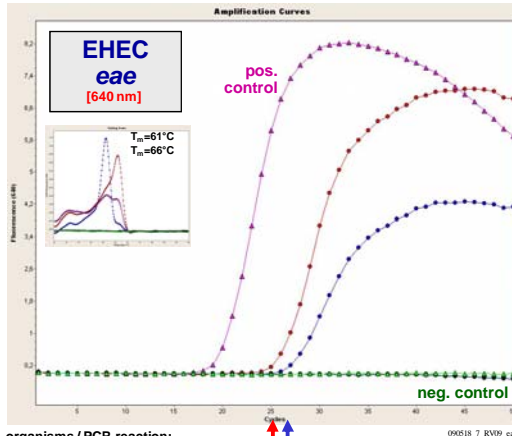
Reischl / Linde / Wolf

25	92401	26,03
26	92402	
27	92403	24,84
28	92404	
29	Pos. Ko. eae	18,75
30	NTC	



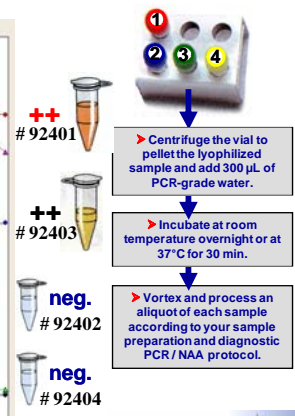
LightCycler PCR protocol:

Reischl, U., M.T. Youssef, J. Kilwinski, N. Lehn, W.L. Zhang, H.Karch, and N.A. Stroockhine (2002). Real-time fluorescence PCR assays for the detection and characterization of Shiga toxin, intimin and enterohemolysin genes from Shiga toxin-producing *Escherichia coli*. J. Clin. Microbiol. 40:2555-2565.



organisms / PCR reaction:

~10⁴



INSTAND-D05_II/09



534 Bakteriengenom-Nachweis EHEC / STEC status 11.2009

Evaluation (quantitative Real-Time PCR):

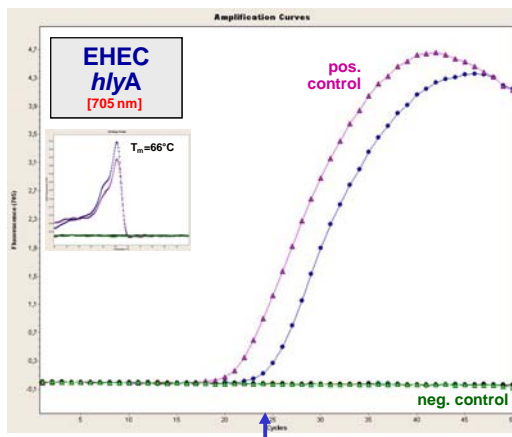
Reischl / Linde / Wolf

19	92401	23,86
20	92402	
21	92403	
22	92404	
23	Pos. Ko. hlyA	20,54
24	NTC	



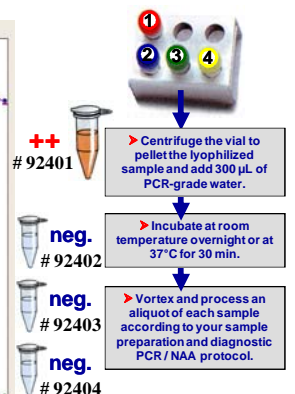
LightCycler PCR protocol:

Reischl, U., M.T. Youssef, J. Kilwinski, N. Lehn, W.L. Zhang, H.Karch, and N.A. Stroockhine (2002). Real-time fluorescence PCR assays for the detection and characterization of Shiga toxin, intimin and enterohemolysin genes from Shiga toxin-producing *Escherichia coli*. J. Clin. Microbiol. 40:2555-2565.



organisms / PCR reaction:

~10⁴



INSTAND-D06_II/09



Institut für Medizinische Mikrobiologie und Hygiene
 Universität Regensburg, FJS-Allee 11, 93053 Regensburg
<http://www.udo-reischl.de>

INSTAND e. V.
 Gesellschaft zur Förderung der Qualitätssicherung
 in medizinischen Laboratorien e.V.
<http://www.instand-ev.de>



534 Bakteriengenom-Nachweis EHEC / STEC

status 11.2009

➤ Evaluation (quantitative Real-Time PCR):

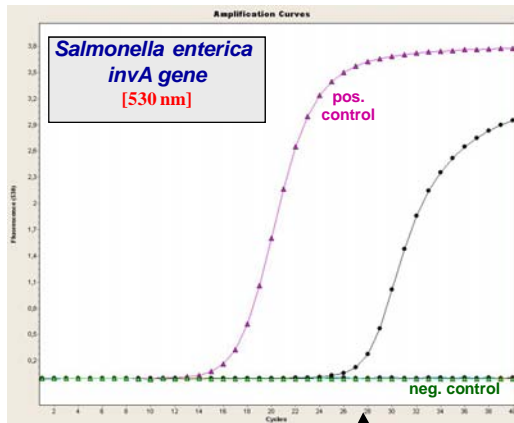
Reischl / Linde / Wolf

- 1 92401
- 2 92402
- 3 92403
- 4 92404
- 5 Pos. Ko. Salmonella
- 6 NTC

26,33

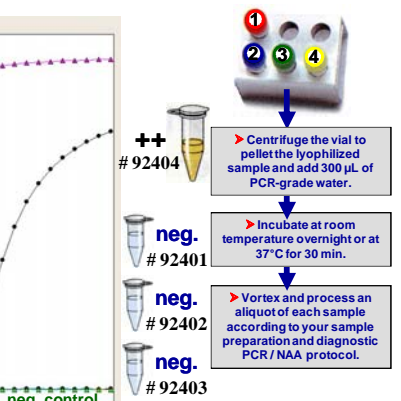


LightCycler PCR protocol:
 unpublished in house protocol.



organisms / PCR reaction:

~10⁴



INSTAND-D07_II/09



Institut für Medizinische Mikrobiologie und Hygiene
 Universität Regensburg, FJS-Allee 11, 93053 Regensburg
<http://www.udo-reischl.de>

INSTAND e. V.
 Gesellschaft zur Förderung der Qualitätssicherung
 in medizinischen Laboratorien e.V.
<http://www.instand-ev.de>



534 Bakteriengenom-Nachweis EHEC / STEC

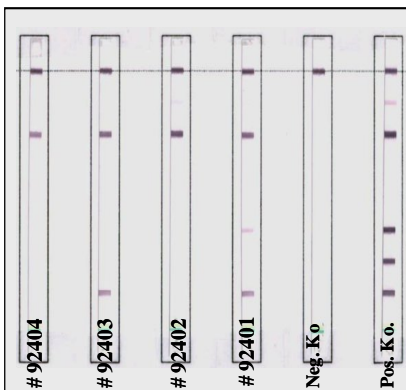
status 11.2009

➤ Evaluation (commercial PCR assay):

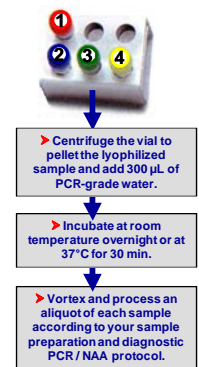
Reischl / Linde / Wolf

GenoType EHEC VER 2.0

GenoType EHEC
 Molekulargenetisches Testsystem zur Bestimmung der
 Shiga-Toxin-Gene *stx1* und *stx2*, des Intimin-Gens *eae*
 sowie des *ipaH*-Gens



- ← Konjugatkontrolle (CC)
- ← Universalkontrolle (UC)
- ← *E. coli* / *Shigella* ssp.
- ← *ipaH* / *EIEC*
- ← *stx1*
- ← *stx2*
- ← *eae*



Hain Lifescience GmbH
 Hardwiesenstraße 1, 72147 Nehren, Germany
<http://www.hain-lifescience.de>



INSTAND-D08_II/09

Hain_EHEC