



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 541: *Mycoplasma pneumoniae*

Aufgrund zahlreicher Rückfragen von Teilnehmern des vergangenen Ringversuchs hier eine wichtige Anmerkung vorab: der Ringversuch Bakteriengenomnachweis PCR/NAT *Mycoplasma pneumoniae* ist **ausschließlich** für die Abprüfung von NAT-gestützten Methoden und Protokollen **zum Direktnachweis geringer Mengen an *Mycoplasma pneumoniae* DNA** aus geeignetem klinischem Untersuchungsgut, wie beispielsweise respiratorischem Probenmaterial, konzipiert. Einige der positiven Proben innerhalb des ausgesandten 4-er Sets werden daher typischerweise relativ geringe Mengen der entsprechenden Zielorganismen enthalten (auch wenn im aktuellen Set von Ringversuchsproben ausnahmsweise keine dieser schwach positiven Proben enthalten war).

Da NAT-gestützte Verfahren zum Direktnachweis geringer Mengen an *Mycoplasma pneumoniae* aus geeignetem klinischem Untersuchungsmaterial vor allem zur differentialdiagnostischen Abklärung respiratorischer Infektionen zunehmend an Aktualität gewinnen, sind bereits einige Testsysteme bzw. Testkits kommerziell verfügbar. Deren Verwendung wird im Zuge dieses Ringversuchs auch systematisch abgefragt. Zum gegenwärtigen Zeitpunkt können aber noch keine grundlegenden Bewertungen hinsichtlich der Sensitivität und Spezifität von individuellen Testkonzepten getroffen werden, und die in der Tabelle 3 dargestellten Zahlenwerte haben noch eher einen orientierenden Charakter.

Wie in Tabelle 1 dargestellt, enthielt das aktuelle Set an Ringversuchsproben diesmal nur zwei positive Proben: Probe # 92423 mit relativ hoher Menge an Zielorganismen (*M. pneumoniae*, $\sim 1,5 \times 10^6$ Genomkopien/mL) und Probe # 92421 mit ca. zehnfach geringerer Menge (*M. pneumoniae*, $\sim 1,2 \times 10^5$ Genomkopien/mL). Probe # 92424 enthielt diesmal ein Isolat von *M. genitalium* als verwandte Spezies ($\sim 1 \times 10^5$ Genomkopien/mL). Im Ringversuchsprobenset befand sich zudem eine Probe ohne Zielorganismen (# 92422), die diesmal nur humane Zellen und *E. coli* enthielt. Insgesamt betrachtet wurden im Rahmen des aktuellen Probensets von den Teilnehmern durchwegs hohe Richtigkeitsquoten erzielt.

So konnten diesmal 73 bzw. alle der insgesamt 75 Teilnehmer die DNA der *M. pneumoniae* Zielorganismen in der relativ stark positiven Probe # 92423 bzw. in der etwas geringer positiven Probe # 92421 problemlos und zuverlässig nachweisen. Auf den ersten Blick ist es in diesem Zusammenhang natürlich etwas verwunderlich, daß von 2 Teilnehmern die stark positive Probe als "negativ" klassifiziert wurde wogegen die etwas schwächer positive Probe von allen Teilnehmern korrekt befundet wurde. Aber neben einer "banalen" Probenverwechslung mag dies auch PCR Reaktions- oder amplifikationstechnische Gründe haben die sich einer detaillierten Analyse im Rahmen der Ringversuchsauswertung entziehen. Ein falsch-negatives Ergebnis bei einer derart hochpositiven Probe sollte den entsprechenden Teilnehmern dennoch Anlaß zur kritischen Überprüfung des jeweiligen Testsystems oder der Optimierung des diagnostischen Arbeitsablaufs geben.

Mit Ausnahme eines Teilnehmers wurden bei der negativen Probe # 92422 von den 75 teilnehmenden Laboratorien keine falsch-positiven Ergebnisse berichtet, was auch im Rahmen des aktuellen Ringversuchs für ein gutes Funktionieren von Test- bzw. laborspezifischen Maßnahmen zur Vermeidung von Kontaminationsereignissen spricht.

Um im Rahmen der Möglichkeiten dieses Ringversuchskonzepts auch die Spezifität der eingesetzten Testsysteme abzu prüfen, enthielt eine der 4 Proben (# 92424) diesmal eine nennenswerte Menge ($\sim 1 \times 10^5$ Genomkopien/mL) an *M. genitalium* als verwandte Spezies, was bei der Mehrzahl der Teilnehmer erfreulicherweise zu keinen falsch-positiven NAT-Ergebnissen führte. Auch wenn es sich hier um einen relativ neu eingeführten Ringversuch handelt und umfassende Erfahrungswerte aus früheren Ringversuchsrunden noch fehlen, so zeigt die Auswertung der Ergebnisse bereits deutlich auf, daß auch die Spezifität der gegenwärtig eingesetzten und z.T. auch bereits sehr gut evaluierten NAT-gestützten Analysesysteme für den Nachweis von *M. pneumoniae* DNA relativ hoch zu sein scheint.

Nur bei 5 der insgesamt 75 Teilnehmer zeigten sich offenkundige Spezifitätsprobleme bei den eingesetzten Testsystemen, die im Ergebnisformular als "in-house PCR assay" oder "Andere" klassifiziert wurden. Unter der Rubrik "Zielsequenz" wurde hier einmal die Verwendung ribosomaler Zielsequenzen unter Einsatz eines eigenentwickelten real-time PCR Protokolls, von zwei Teilnehmern die Verwendung des P1 Adhesin Gens sowie von einem Teilnehmer die Verwendung des ATPase Operon Gens als *M. pneumoniae*-spezifische Zielsequenzen angegeben. Da sich *M. genitalium* zumindest auf Ebene der 16S rDNA Sequenz jedoch in zahlreichen Nukleotidpositionen von *M. pneumoniae* unterscheidet, sollten hier von den entsprechenden Teilnehmern mit falsch-positivem Ergebnis die Annealingbedingungen, die Hybridisierungsregionen der verwendeten Primer und/oder Sonden sowie die Auswahl einer geeigneten Zielsequenz überprüft und gegebenenfalls nachgebessert werden.

Die im Rahmen dieser Ringversuchserie mit eigenen Codenummern aufgeführten kommerziellen Testsysteme TIB Molbiol LightMix *M. pneumoniae* (3 Teilnehmer), Qiagen/artus *M. pneumoniae* LC PCR Kit (5 Teilnehmer), sowie Minerva Venor Mp (2 Teilnehmer) konnten mit erfreulich guten Ergebnissen aufwarten: von den entsprechenden Teilnehmern wurden alle 4 Proben dieses Ringversuchs korrekt analysiert und detektiert.

Die diagnostische Performance eines etablierten *in-house* Protokolls und ausgewählter kommerzieller NAT-Testsysteme zum Nachweis von *M. pneumoniae* DNA wurde kürzlich im Rahmen einer systematischen Studie untersucht. Auch hier erwiesen sich diese Testsysteme als spezifisch, sensitiv und auch zuverlässig bezüglich der Erfassung aller relevanten *M. pneumoniae* Subtypen und Varianten: Dumke, R. und E. Jacobs (2009) Comparison of commercial and in-house real-time PCR assays used for the detection of *Mycoplasma pneumoniae*. J. Clin. Microbiol. 47: 441-444.

Im Kommentarfeld des Ergebnisformulars wurde unter Code [27] "Andere kommerzielle Testsysteme" zusätzlich die Verwendung folgender Kits aufgeführt: Argene Chlamylege (1x), CAP Bac Kit von Autoimmun Diagnostika (4x), GeneProof *M. pneumoniae* PCR Detection Kit (1x), LCD Array Kit (1x), MYPD-LC von PIIM (2x), Minerva Biolabs Venor MP-QP (1x) und DYNEX Pneumoplex (1x).

Brief discussion of the current EQAS results in English:

RV 541: *Mycoplasma pneumoniae*

The concept of this proficiency testing series is designed to determine the analytical sensitivity and specificity of NAT-based assays for the direct detection of *M. pneumoniae* in typical sample material. With the development and composition of the corresponding sample materials we want to mimic the situation of processing typical clinical samples like BAL or other respiratory materials. So the lyophilized samples may contain low amounts of target organisms in a natural background of human cells and other components typically present in patient specimens. As a consequence, diagnostic assays designed for *M. pneumoniae* antigen detection in clinical specimens or other serological assays will fail due to the low number of *M. pneumoniae* infected cells in individual samples of the QC set.

The current set of QC samples contained two positive samples. A relatively high amount of *M. pneumoniae* ($\sim 1,5 \times 10^6$ genome copies/mL) was present in sample # 92423 and an approximately tenfold lower amount of *M. pneumoniae* ($\sim 1,2 \times 10^5$ genome copies/mL) was present in sample # 92421. Sample # 92424 was designed to monitor assay specificity: it contained a considerable amount of *M. genitalium*-infected cells ($\sim 1 \times 10^5$ genome copies/mL) as a related species to the target organism. The set was completed by sample # 92422, which contained only human cells and a considerable amount of *E. coli* organisms.

As already observed during the past rounds of our EQAS scheme, the availability of well-established commercial or *in-house* PCR/NAT-assays has led to a surprisingly high portion of

correct results. Among the *Mycoplasma pneumoniae*-specific results reported by the 75 participants, only 2 false-negative results (surprisingly) for the very strong positive sample # 92423), 5 false-positive results for the *M. genitalium* sample # 92424 (presumably due to intralaboratory cross-contamination events or analytical specificity issues with the corresponding PCR-based assays), and one false-positive result for sample # 92422 (presumably caused by intralaboratory cross-contamination events) were reported. All in all, a very good diagnostic performance was observed for the *M. pneumoniae*-specific PCR assays used by the 75 participants. It is noteworthy to mention that all of the participants who indicated the use of the following commercial test systems or commercial PCR kits have obtained correct results for all samples of this ring trial: TIB Molbiol LightMix *M. pneumoniae* (3 participants), Qiagen/artus *M. pneumoniae* LC PCR Kit (5 participants), and Minerva Venor Mp (2 participants).

**PCR-/NAT *Mycoplasma pneumoniae*
 (RV 541) November 2009**



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

Gruppe A	Erwartet / expected		Probenzusammensetzung / Sample composition
92421	++	61	<i>Mycoplasma pneumoniae</i> (~ 1,2x10 ⁵ genome copies/mL)
92422	∅	62	<i>Escherichia coli</i> K12
92423	+++	61	<i>Mycoplasma pneumoniae</i> (~ 1,5x10 ⁶ genome copies/mL)
92424	∅	62	<i>Mycoplasma genitalium</i> (~ 10 ⁵ genome copies/mL)

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

n = 75	Probennummer (Sample no.)				Inhibition				
	92421	92422	92423	92424	92421	92422	92423	92424	
Befund Result									
Positiv	75	1	73	5	n.d.	2	2	2	2
Negativ	0	74	2	70	nein no	73	73	73	73
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	%
LightMix <i>M.pneumoniae</i> [20] (n = 3)	6	6 / 6	100	6	6 / 6	100
Qiagen <i>M.pneumoniae</i> [21] (n = 5)	10	10 / 10	100	10	10 / 10	100
Minerva Venor Mp [22] (n = 2)	4	4 / 4	100	4	4 / 4	100
Commercial assay / kit [27] (n = 15)	30	30 / 30	100	30	30 / 30	100
In house PCR assay [28] (n = 48)	95	95 / 96	99	90	90 / 96	94
Andere / k.A. / other [29] (n = 2)	3	3 / 4	75	4	4 / 4	100



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>



541 Bakteriengenom-Nachweis *Mycoplasma pneumoniae* status 11.2009

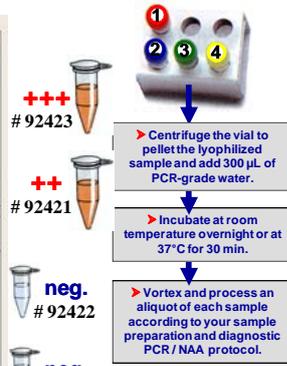
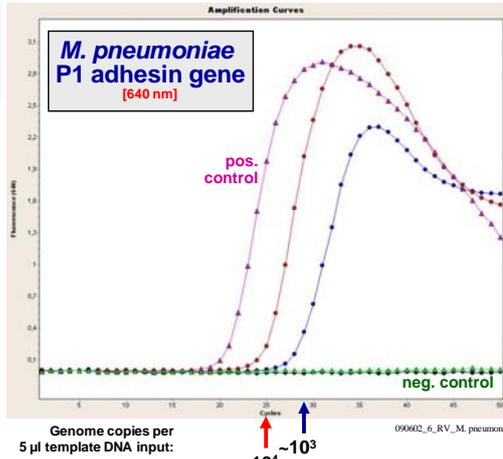
Evaluation (quantitative Real-Time PCR):

Reischl / Linde / Wolf / Jacobs

1	92421	27,15
2	92422	
3	92423	23,68
4	92424	
5	Pos. Ko. <i>M. pneumoniae</i>	19,63
6	NTC	



LightCycler PCR protocol:
 In-house LightCycler protocol based on:
 Sharma et al. (1998) Detection and
 Confirmation of *Mycoplasma pneumoniae*
 in Urogenital Specimens by PCR. JCM
 36:277-280.



INSTAND-K03_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>



541 Bakteriengenom-Nachweis *Mycoplasma pneumoniae* status 11.2009

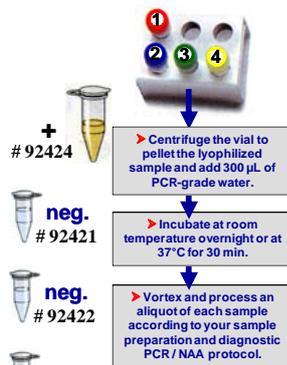
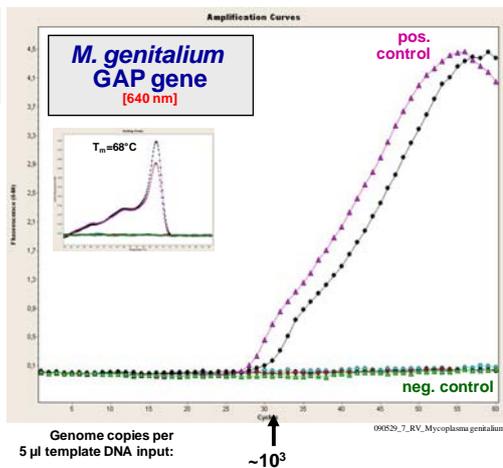
Evaluation (quantitative Real-Time PCR):

Reischl / Linde / Wolf / Jacobs

1	92421	
2	92422	
3	92423	29,14
4	92424	26,30
5	pos. Ko. <i>M. genitalium</i>	
6	NTC	



LightCycler PCR protocol:
 unpublished in house protocol
 (Reischl, U., Regensburg).



INSTAND-K04_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>



541 Bakteriengenom-Nachweis *Mycoplasma pneumoniae* status 11.2009

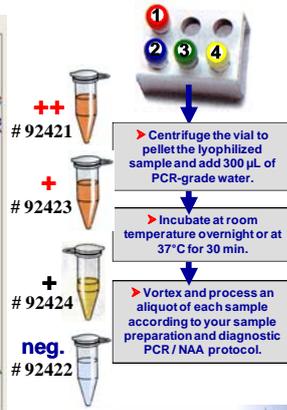
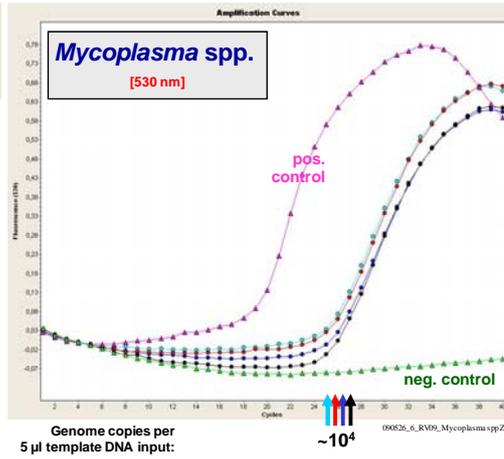
➤ **Evaluation (quantitative Real-Time PCR):**

Reischl / Linde / Wolf / Jacobs

1	92421	27,86
2	92422	26,36
3	92423	26,60
4	92424	27,85
5	Pos. Ko. Mycoplasma spp.	16,17
6	NTC	



LightCycler PCR protocol:
 unpublished *in house* protocol
 (Reischl, U., Regensburg).



INSTAND-K05_II/09