



**INSTAND e.V.**

**Gesellschaft zur Förderung der Qualitätssicherung  
in medizinischen Laboratorien e. V.**



in Zusammenarbeit mit der  
Deutschen Gesellschaft für  
Hygiene und Mikrobiologie (DGHM)

**INSTAND-Geschäftsstelle**

Ublerstr. 20  
40223 Düsseldorf  
Telefon: +49 (0)211 1592 13 0  
Fax: +49 (0)211 1592 1330  
E-mail: [instand@instand-ev.de](mailto:instand@instand-ev.de)  
Internet: [www.instand-ev.de](http://www.instand-ev.de)

**Ringversuchsleiter:**

Prof. Dr. Udo Reischl  
Institut für Medizinische Mikrobiologie und Hygiene  
Universitätsklinikum Regensburg (UKR)  
Franz-Josef-Strauss Allee 11  
93053 REGENSBURG  
Tel.: +49-(0)941-944-6450  
Email: [udo.reischl@ukr.de](mailto:udo.reischl@ukr.de)



Regensburg, den 12. Dezember 2013

## **RINGVERSUCHSAUSWERTUNG - November 2013**

### **An die Teilnehmer**

**der INSTAND e.V. Ringversuche Bakterien- und Pilzgenomnachweis PCR / NAT**  
(INSTAND-Ringversuchsnummern 530 bis 543 sowie 560)

**Dear Participant, dear Colleague,**

*Please find a cover letter and a brief discussion of the current results in English on pages 23-32 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 beigelegten 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 die regelmäßigen Veröffentlichungen der Zeitschrift "Der Mikrobiologe" (Herausgeber: BÄMI, Berufsverband der Ärzte für Mikrobiologie und Infektionsepidemiologie e.V.) verwiesen.

Im Zusammenhang mit einer Erweiterung unseres Ringversuchsprogramms und der Gestaltung zukünftiger erregerspezifischer Ringversuche sind wir für alle kritischen Kommentare und Anregungen überaus dankbar. Projekte wie diese wachsen mit dem konstruktiven *feedback* der einzelnen Teilnehmer. Im Voraus vielen Dank für Ihren Kommentar !

Mit freundlichen und kollegialen Grüßen,

**Prof. Dr. Udo Reischl**

Ringversuchsleiter Bakteriengenomnachweis  
Mitglied der Qualitätssicherungskommission der DGHM

**Prof. Dr. E. Straube, Prof. Dr. M. Maaß, Prof. Dr. E. Jacobs, PD Dr. W. Schneider, Dr. V. Fingerle,  
Dr. U. Busch, Dr. D. Frangoulidis, PD Dr. W. Splettstösser, PD Dr. G. Grass, Dr. I. Reiter-Owona**

## Gesamtübersicht und Auswertung der Ringversuchsergebnisse aller Teilnehmer

Neben der Aussendung von lyophilisierten Probenmaterialien zur systematischen Abprüfung von NAT-gestützten Testsystemen für derzeit 15 unterschiedliche bakterielle und fungale Zielorganismen bzw. Pathogenitätsfaktoren gab es im Rahmen dieser Ringversuchsrunde auch wieder gewisse „highlights“: so wurde beispielsweise im aktuellen **RV 535 *Borrelia burgdorferi*** eine Probe mit *Borrelia bisetti* versandt die innerhalb der 18 *Borrelia burgdorferi* sensu lato Spezies bisher nur sehr selten in klinischem Probenmaterial beobachtet bzw. nachgewiesen werden konnte. Als weiteres "Highlight" innerhalb der aktuellen Ringversuchsrunde wurde in einer der 4 Einzelproben des **RV 534 ein Shiga-Toxin 2f (*stx-2f*)-positives EHEC Isolat** ausgesandt, das erwartungsgemäß nicht von allen Teilnehmern mit ihren jeweiligen EHEC-spezifischen PCR/NAT-Testsystemen detektiert werden konnte. Die Gensequenz von *stx-2f* weist bekanntermaßen relativ wenig Homologie zu den übrigen Shiga-Toxin Gensequenzen auf und zudem ist dessen humanpathogene Relevanz nach wie vor etwas umstritten. Aber mehr dazu im EHEC-spezifischen Teil dieser Ringversuchsdiskussion. Mit der Probe # 1325434 des RV 543 wurde erstmalig auch DNA der „4.“ Subspezies, von *F. tularensis* (**spp. novicida**) ausgesandt. Stämme dieser Subspezies treten sehr selten als Ursache einer Infektion beim Menschen auf - es gibt aber Beschreibungen von z.T. tödlich verlaufenden Einzelerkrankungen bei Patienten mit eingeschränkter Immundefizienz.

Angesichts der beiden Milzbrandfälle bei Heroinkonsumenten aus dem Raum Regensburg, die wir letztes Jahr sowohl kulturell isolieren, mittels real-time PCR identifizieren und in enger Zusammenarbeit mit dem Institut für Mikrobiologie der Bundeswehr (München) und dem RKI (Berlin) auch molekular feintypisieren konnten, wird der Ringversuch **RV 542** (Bakteriengenomnachweis PCR/NAT *Coxiella burnetti*) zukünftig um den Zielorganismus *Bacillus anthracis* erweitert und im Ringversuchsprogramm von INSTAND e.V. als kombinierter PCR/NAT-Ringversuch „**RV 542** Bakteriengenomnachweis PCR/NAT *Coxiella burnetti* / *B. anthracis*“ gelistet. Aufgrund des großen Interesses an geeigneten PCR-Protokollen und der Verfügbarkeit von entsprechendem Positivkontrollmaterial haben wir uns entschlossen, diesen kombinierten Ringversuch RV 542 als speziellen Service für die im L3-Bereich tätigen Kolleginnen und Kollegen ohne Mehrkosten im Vergleich zu dem vormaligen *C. burnetti* Ringversuch anzubieten. Bei der fachlichen Betreuung werden wir hier dankenswerterweise durch Herrn Kollegen PD Dr. Gregor Grass vom Institut für Mikrobiologie der Bundeswehr (München) unterstützt.

Der neue **RV 560** zum PCR/NAT-gestützten Nachweis von *Pneumocystis jirovecii* DNA wird ebenfalls in das reguläre Ringversuchsprogramm "Bakteriengenom-Nachweis PCR/NAT" von INSTAND e.V. aufgenommen. An der Ringversuchsleitung wird meine Kollegin Frau Dr. Ingrid Reiter-Owona vom Institut für Medizinische Mikrobiologie, Immunologie und Parasitologie (IMMIP) in Bonn maßgeblich beteiligt sein.

Und hier noch eine kurze Anmerkung in eigener Sache: neben meinem Kollegen und stellvertretenden Ringversuchsleiter Herrn PD Dr. Wulf Schneider werden uns zukünftig noch zwei weitere Kollegen aus unserem Hause, Herr Dr. Dr. Martin Ehenschwender und Herr Dr. Andreas Hiergeist, bei der Konzeption und Auswertung der zahlreichen Ringversuche zum Bakterien- und Pilzgenomnachweis PCR/NAT unterstützen. Bereits im Voraus allerherzlichsten Dank für ihre spontane Bereitschaft sowie ihr ehrenamtliches Engagement für unsere gemeinsamen Bemühungen zur externen Qualitätssicherung molekularbiologischer Nachweisverfahren der infektiologischen Diagnostik.

Alle Teilnehmer sind natürlich weiterhin dazu aufgerufen, attraktive Parameter für eine zukünftige Erweiterung des Spektrums an Zielorganismen vorzuschlagen und deren mögliche Umsetzung mit dem Ringversuchsleiter zu diskutieren.

## **NOVEMBER 2013:**

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* (Probe # 1325304), sowie zwei der positiven Proben des RV 531 (# 1325311 und # 1325313), *Neisseria gonorrhoeae* (Probe # 1325302 und # 1325304), *Listeria* spp. (Probe # 1325383), *Mycoplasma pneumoniae* (Probe # 1325413), *Coxiella burnetii* (Probe # 1325422), sowie *Bacillus anthracis* (Probe # 1325423). 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 prozentualen 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](http://www.udo-reischl.de)"; Unterpunkt "Auswertung der Ringversuche" und neuerdings auch über die Homepage von INSTAND e.V. ([www.instand-ev.de](http://www.instand-ev.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 530: *Neisseria gonorrhoeae* & *Chlamydia trachomatis***

Die Ergebnislage des aktuellen Ringversuchs deckt sich weitgehend mit den Beobachtungen aus vorangegangenen Ringversuchen zum kombinierten NAT-gestützten *C. trachomatis* und Gonokokken-Nachweis. Trotz der relativ geringen Erregermenge in den vier unterschiedlich zusammengesetzten positiven Proben führte auch diesmal die Verfügbarkeit gut evaluierter und zum Teil automatisierter NAT-gestützter Analysensysteme für *Chlamydia trachomatis* zu hohen Richtigkeitsquoten sowohl für positive als auch für negative Befunde.

Das aktuelle Set an Ringversuchsproben enthielt zwei Proben mit relativ geringen Menge an *C. trachomatis* (# 1325303,  $\sim 5 \times 10^3$  IFU/mL und # 1325304,  $\sim 1 \times 10^3$  IFU/mL), zwei Proben (# 1325302 und # 1325304) mit ca.  $1 \times 10^3$  CFU/mL an *N. gonorrhoeae* und eine Probe mit 10-fach höherer Menge an *N. gonorrhoeae* Zielorganismen (# 1325301;  $\sim 1 \times 10^4$  CFU/mL).

Der Übersichtlichkeit halber werden wir bei diesem kombinierten Ringversuch (CT / NG) die Ergebniskonstellation zukünftig **in 7 getrennten Tabellen** darstellen. Damit wird die diagnostische Performance der jeweiligen Testsysteme beim Nachweis von CT und NG aussagekräftiger (Tabelle 4: Übersichtsdarstellung der Ergebnislage bei CT, Tabelle 6: Übersichtsdarstellung der Ergebnislage bei NG; jeweils gefolgt von den Richtigkeitsquoten nach aufgeführten Testsystemen in den Tabellen 5 und 7).

Auch wenn die beiden positiven Proben # 1325303 und # 1325304 des aktuellen Ringversuchs diesmal nur mit einer relativ geringen Menge an *C. trachomatis* Zielorganismen versetzt worden waren, fanden sich unter den von insgesamt 147 Teilnehmern mitgeteilten NAT-Ergebnissen für *C. trachomatis* lediglich 4 falsch-negative Ergebnisse. Da von einem Großteil der Anwender mit den unterschiedlichsten Testsystemen durchwegs korrekte Ergebnisse berichtet wurden, handelt es sich bei den falschen Ergebnissen vermutlich um Ringversuchstypische "sporadische Ausreißer".

Im Rahmen des NAT-gestützten Gonokokken-Nachweises wurden für die Proben # 1325302 und 1325304 (*N. gonorrhoeae*; ca.  $1 \times 10^3$  CFU/mL) diesmal von 19 der insgesamt 144 Teilnehmer falsch-negative Ergebnisse für Gonokokken DNA mitgeteilt. In der dritten GO-positiven Probe # 1315301 befand sich mit  $1 \times 10^4$  CFU/mL eine etwa 10-fach höhere Menge an *N. gonorrhoeae* Zielorganismen, die diesmal erfreulicherweise von allen Teilnehmern einwandfrei nachgewiesen werden konnten.

Offenbar bereitet der spezifische Nachweis von Gonokokken DNA in Probenmaterial das neben Gonokokken zusätzlich auch noch *C. trachomatis* Zielorganismen enthält, manchen Teilnehmern (bzw. den von diesen Teilnehmern eingesetzten Testsystemen) gewisse Schwierigkeiten: 12 falsch-negative Ergebnisse bei Probe # 1325304 gegenüber nur 7 falsch-negativen Ergebnissen bei Probe # 1325302. Für diesen Effekt, der in ähnlicher Konstellation ja bereits in einigen der vorhergehenden Ringversuchsrunden beobachtet wurde, hat der Ringversuchsleiter keine naheliegende Erklärung. Denkbar wäre natürlich eine gewisse Konkurrenzsituation der im Reaktionsgemisch der proprietären Testkits vorhandenen Primer-Moleküle. Zumindest aus wissenschaftlicher Sicht ist bei Chlamydien und Gonokokken aber davon auszugehen, daß die spezifische Amplifikation von Genomsegmenten dieser beiden unterschiedlichen Zielorganismen über unterschiedliche Primersets verläuft und seitens der Hersteller dafür keine Konsensus-Primersequenzen eingesetzt werden.

Angeichts der mit  $1 \times 10^3$  CFU/mL ehrlicherweise nicht als "äußerst gering" zu bezeichnenden Menge an Zielorganismen in den Proben # 1325302 und # 1325304 sollten falsch-negative Ergebnisse bei betroffenen Ringversuchsteilnehmern Anlaß zur Überprüfung und Optimierung ihres jeweiligen Gonokokken-spezifischen NAT-gestützten Testsystems geben.

Da sich das hier beobachtete "Sensitivitätsproblem" offensichtlich nicht auf bestimmte Testkonzepte eingrenzen lässt und sich sporadisch durch das ganze Portfolio der eingesetzten Testsysteme zieht, kann dem großen Rest des Teilnehmerfeldes erneut eine erfreulich gute

analytische Sensitivität und Spezifität ihrer CT- und GO-spezifischen NAT Testsysteme sowie der angewandten Prozeduren zur Probenaufarbeitung und -prozessierung attestiert werden.

Angesichts der streng normierten und standardisierten Abarbeitungsprotokolle von kommerziellen Testsystemen bleibt es für den Ringversuchsleiter jedes Mal aufs Neue verwunderlich, daß ein nennenswerter Anteil der teilnehmenden Laboratorien mit den betroffenen Testsystemen erfolgreich die vorgegebenen Zielwerte erreicht. Ohne denjenigen Teilnehmern, die mit bestimmten kommerziellen Testsystemen die Zielwerte nicht erreichen zu nahe treten zu wollen, deutet dieser Umstand in diesen Fällen dann wohl eher auf individuelle Abweichungen vom Protokoll oder bestimmte Fehler bei der Probenabarbeitung als auf intrinsische Unzulänglichkeiten der in der Regel gut evaluierten Testsysteme hin.

Ich glaube es ist auch für den Leser dieser Ringversuchsdiskussion weitgehend nachvollziehbar daß wir als Organisatoren von Testkonzept- und Testplattform-übergreifenden Ringversuchen bei der Konfektionierung unserer Probenmaterialien leider nicht jede Besonderheit im Abarbeitungsprotokoll von kommerziellen Testsystemen berücksichtigen oder unterschiedliche Arten von Ringversuchprobenmaterial für bestimmte Testsysteme bereitstellen können.

Auf diesen Umstand wurde bereits bei früheren Ringversuchen mehrfach im Zusammenhang mit den RNA-Zielsequenzen der AMPLIFIED CT Testkits oder der APTIMA COMBO 2 Testkits (Hersteller: Gen-Probe Inc.) hingewiesen. Werden von Teilnehmern bestimmte NAT-Testsysteme eingesetzt, die erregerspezifische RNA-Zielsequenzen nachweisen oder auf einem RNA-basierten Amplifikationsprozess (TMA; Transcription-Mediated Amplification, o.ä.) beruhen, so kann mit dem hier versandten Probenmaterial offiziell keine regelgerechte Abprüfung der entsprechenden Sensitivitäten unter Routinebedingungen gewährleistet werden. Aber selbst wenn das Herstellungsverfahren unserer Ringversuchproben primär nicht auf die Stabilisierung von RNA-Molekülen hin optimiert und getestet wurde, so konnten dennoch sowohl bei der aktuellen wie auch bei den vorhergegangenen Ringversuchsrunden von vielen Teilnehmern mit RNA-gestützten Testsystemen hohe Richtigkeitsquoten erzielt werden. Aktuell wurden zumindest die *C. trachomatis* Zielorganismen von allen 10 Teilnehmern mit RNA-basierten Gen-Probe Testsystemen erfolgreich nachgewiesen. Selbst der erfolgreiche Nachweis von Gonokokken RNA Zielsequenzen in der Probe # 1325302 mit ca.  $1 \times 10^2$  CFU/mL gelang den meisten der Teilnehmer mit RNA-basierten Gen-Probe Testsystem. Dies deutet, zumindest indirekt, auf ausreichend hohe Mengen an erregerspezifischen RNA-Molekülen in dem konfektionierten und lyophilisierten Probenmaterial hin. Auffällig war jedoch die Ergebnislage unter den GenProbe Usern bei der Probe # 1325304 (ca.  $1 \times 10^3$  IFU/mL an *C. trachomatis* und ca.  $1 \times 10^3$  CFU/mL an *N. gonorrhoeae*): hier konnten lediglich zwei der insgesamt 10 Anwender des konfektionierten und standardisierten GenProbe CT/NT Testsystems die Gonokokken RNA erfolgreich nachweisen.

Entsprechende Inhibitionskontrollen wurden von allen 148 Teilnehmern durchgeführt, und Inhibitionsereignisse wurden diesmal nicht mitgeteilt.

Bei den ermittelten Richtigkeitsquoten für Teilnehmer mit dem Roche COBAS AmpliCor, COBAS TaqMan, dem Becton Dickinson ProbeTec, Abbott RealTime CT/NG, Artus CT, LightMix CT/NG oder anderen Testsystemen muss berücksichtigt werden, daß im Rahmen dieser Ringversuchsauswertung in Tabelle 3 nicht zwischen dem spezifischen Nachweis von Chlamydien und Gonokokken differenziert wurde. Mit dem Großteil dieser kombinierten Testsysteme wurden insgesamt erfreulich hohe Richtigkeitsquoten sowohl für die positiven als auch für die negativen Ergebnisse beobachtet. Um eine detaillierter Bewertung der *C. trachomatis*- und GO-spezifischen NAT-Komponenten dieser kombinierten Testsysteme zu ermöglichen wurden diesmal zusätzlich die Tabellen 4 bis 7 angefertigt. In den Tabellen 4 und 5 sind dabei nur die *C. trachomatis* (CT)-spezifischen Ergebnisse und in den Tabelle 6 und 7 nur die *Neisseria gonorrhoeae* (GO)-spezifischen Ergebnisse dargestellt und statistisch ausgewertet.

**Anmerkung:** Bevor durch einen kurzen Blick auf die prozentualen Richtigkeitsquoten in diesen Tabellen ein eventuell etwas zu voreiliger Rückschluss auf die diagnostische "Performance" bestimmter kommerzieller Testsysteme gezogen wird, sollten erst die effektiven Teilnehmerzahlen berücksichtigt werden, die den dargestellten Richtigkeitsquoten arithmetisch zugrunde liegen.

Dies gilt im aktuellen Ringversuch vor allem für den einen (!) Teilnehmer mit dem neuen Cepheid Xpert CT/NG Testsystem und den drei Teilnehmern mit dem Artus CT / NG Testkits - auch wenn diese Teilnehmer mit ihren Testsystemen im aktuellen Ringversuch nahezu durchgehend 100 % Richtigkeitsquoten erzielen konnten. Von einem der drei Teilnehmer mit Artus Testkit wurde hier ein falsch-negatives Ergebnis bei NG mitgeteilt und die Richtigkeitsquote sinkt dadurch von 100 auf 89 %.

Im handschriftlichen Kommentarfeld der Ergebnisformulare wurden unter Code [27] "Andere kommerzielle Testsysteme" u.a. die Verwendung folgender Kits aufgeführt: Roche Cobas 4800 System (6x), HAIN Lifescience GenoQuick CT (1x), HAIN Lifescience FluoroType CT (1x), HAIN Lifescience FluoroType NG (1x), Mikrogen Diagenode *N. gonorrhoeae* Real Time PCR kit (5x), TIB Molbiol LightMix *N. gonorrhoeae* (6x), TIB Molbiol LightMix *C. trachomatis* (1x), GeneProof *C. trachomatis* PCR Kit (4x), GeneProof *N. gonorrhoeae* PCR Kit (4x), BD ProbeTec (2x), Artus CT (1x), Amplex Hyplex STD *Chlamydia* und *Neisseria* (2x), Urethritis basic von fast-track Diagnostics (2x), VERSANT CT/GC DNA Assay von Siemens (2x), Mikrogen Diagenode *C. trachomatis* Real Time PCR kit (2x), Autoimmun Diagnostika Gen ID STD Kit (1x), *N. gonorrhoeae* Amplex Multiplex ELISA (1x), Medac/Goffin CT/NG Assay (1x), Bioron RealLine *C. trachomatis*/ *N. gonorrhoeae* (1x), AmpliGnost *C. trachomatis* PCR Kit von Priv. Inst. für Immunologie und Molekulargenetik Karlsruhe (1x), Sacace *N. gonorrhoeae* Real-TM (2x), Sacace *C. trachomatis* Real-TM (2x), Seegene Anyplex™ STI-7 Detection (1x) und Seegene Seeplex STI Master Panell (1x).

Unabhängig von der Art des verwendeten Testsystems soll in diesem Zusammenhang auch noch einmal darauf hingewiesen werden, daß in Gegenwart von relativ hohen Mengen an Zielorganismen (bzw. deren Nukleinsäure) die interne Kontrollreaktion aufgrund der "Konkurrenzsituation" mit der Amplifikation der eigentlichen Zielsequenz durchaus negativ ausfallen kann, obwohl keine Inhibition der PCR-Reaktion im eigentlichen Sinne vorliegt.

### **RV 531: *Chlamydia trachomatis***

Das aktuelle Ringversuchsset enthielt diesmal zwei Proben mit relativ niedriger Menge an Zielorganismen (# 1325311 und # 1325313,  $\sim 1 \times 10^3$  IFU/mL), eine Probe (# 1325314) mit ca.  $5 \times 10^3$  IFU/mL an *C. trachomatis*, sowie eine Probe ohne Zielorganismen (# 1325312), die ausschließlich nicht infizierte Zellen und *Escherichia coli* enthielten.

Wie Tabelle 2 der statistischen Auswertung zu entnehmen ist, wurden bei den drei positiven Proben von den insgesamt 102 Teilnehmern überwiegend korrekte Ergebnisse mitgeteilt. Bei der etwas stärker positiven Probe # 1325314 fanden sich 2 falsch-negative Ergebnisse und bei den etwas schwächer positiven Proben # 1325311 und # 1325313 jeweils 2 bzw. 6 falsch-negative Ergebnisse auf den Reportformularen.

Bei der negativen Probe # 1325312, die ausschließlich nicht infizierte Humanzellen und *Escherichia coli* enthielt, sollten die falsch-positiven Ergebnisse bei den drei betroffenen Ringversuchsteilnehmern jedoch Anlaß zur Überprüfung und Optimierung ihres DNA-Isolierungsprozesses bzw. des jeweiligen *Chlamydia trachomatis*-spezifischen NAT-gestützten Testsystems geben.

Von je einem Teilnehmer wurden die Ergebnisse bei den Proben # 1325312 und # 1325313 als "fraglich" klassifiziert. Bei der Mitteilung von fraglichen Ergebnissen werden die entsprechenden Zertifikate nur dann erteilt, wenn diese Teilnehmer bei den übrigen 3 Proben des RV 531 korrekte Ergebnisse angegeben haben.

Die markante Übereinstimmung der aktuellen Ergebniskonstellation mit den Beobachtungen und Richtigkeitsquoten vorhergegangener Ringversuche mit ähnlicher Menge an *C. trachomatis* Zielorganismen kann, zumindest indirekt, erneut als Beleg für eine hohe Zuverlässigkeit und Konstanz der eingesetzten Testsysteme und der Probenabarbeitung angesehen werden.

Auch wenn mit  $1 \times 10^3$  IFU/mL an Zielorganismen im Probenmaterial die untere Nachweisgrenze hochsensitiver und standardisierter PCR/NAT-gestützter Testsysteme erreicht zu sein scheint,

sollten bei Ringversuchsteilnehmern mit hohem Anspruch an die individuelle Testsensitivität sowohl falsch-negative als auch falsch-positive Ergebnisse Anlaß zur Überprüfung und Optimierung ihres jeweiligen NAT-gestützten Testsystems geben. Angesichts der nach wie vor anhaltenden Diskussion um das "Pooling" von entsprechendem Untersuchungsmaterial bleibt der Aspekt der analytischen Sensitivität der jeweils eingesetzten Testsysteme bedeutsam.

Anmerkung: Wie bereits bei der Diskussion des RV 530 erwähnt, sollten in der Ergebnistabelle vor einer vorschnellen Bewertung einzelner kommerzieller Testsysteme erst die effektiven Teilnehmerzahlen berücksichtigt werden, die den dargestellten Richtigkeitsquoten arithmetisch zugrunde liegen. Dies gilt im aktuellen Ringversuch vor allem für den einen (!) Teilnehmer mit dem TIB Molbiol LightMix CT/NG Testsystem und die vier Teilnehmer mit dem Abbott CT/NG Test - bei kleiner Teilnehmerzahl schlagen einzelne "Ausreisser" prozentual natürlich stärker zu Buche und interessanterweise wurden mit beiden Testsystemen von anderen Teilnehmern bei vergleichbarer Fragestellung und CT Zielorganismen-Menge im RV 530 wesentlich bessere Ergebnisse erzielt...

Inhibitionskontrollen wurden von allen 102 Teilnehmern durchgeführt und Inhibitionsergebnisse wurden diesmal nicht mitgeteilt. In diesem Zusammenhang sei kurz angemerkt, daß wir auch im aktuellen Ringversuch keine der Einzelproben absichtlich mit inhibitorischen Substanzen versetzt haben. Erfreulicherweise waren im Rahmen dieses Ringversuchs im Großen und Ganzen keine auffälligen Unterschiede hinsichtlich Sensitivität und Spezifität zwischen den jeweils eingesetzten kommerziellen und den selbstentwickelten *in-house*-Testsystemen zu beobachten. Trotz der relativ geringen Menge an Zielorganismen bewegten sich die Richtigkeitsquoten dabei durchwegs auf hohem Niveau mit geringer statistischer Streuung.

Im Kommentarfeld des Ergebnisformulars wurde hier unter Code [27] "Andere kommerzielle Testsysteme" u.a. folgende Testsysteme aufgeführt: HAIN Lifescience FluoroType CT (4x), BD ProbeTec (2x), HAIN Lifescience GenoQuick CT (1x), Autoimmun Diagnostika Gen ID STD Kit (1x), GeneProof *C. trachomatis* PCR Kit (1x), VERSANT CT DNA Assay von Siemens (1x) und AmpliGnost *C. trachomatis* PCR Kit von Priv. Inst. für Immunologie und Molekulargenetik Karlsruhe (1x).

### **RV 532: *Bordetella pertussis***

Das aktuelle Set an Ringversuchsproben enthielt diesmal nur eine positive Probe mit einer relativ hohe Menge an Zielorganismen (# 1325322 mit  $1 \times 10^4$  CFU/mL) sowie eine Probe mit einem klinischen Isolat von *Bordetella parapertussis* als verwandte Spezies (# 1325324 mit  $1 \times 10^4$  CFU/mL). Proben # 1325321 und # 1325323 enthielten diesmal keine Zielorganismen, sondern lediglich *E. coli* und eine Suspension aus humanen Zellen.

Die Verfügbarkeit von offensichtlich inzwischen sehr gut evaluierten NAT-gestützten Analysesystemen für den Nachweis von *Bordetella pertussis* DNA führte auch diesmal wieder zu durchwegs hohen Richtigkeitsquoten sowohl bei den positiven als auch bei den negativen Proben. Lediglich von einem der insgesamt 116 Teilnehmer wurde ein falsch-negatives Ergebnis für die positive Probe # 1325322 (*B. pertussis*,  $1 \times 10^4$  CFU/mL) mitgeteilt.

Bei der Probe # 1325324 mit  $1 \times 10^4$  CFU/mL an *B. parapertussis* wurden von 3 Teilnehmern falsch-positive Ergebnisse beobachtet. Hierbei handelt es sich offensichtlich um *in-house* PCR/NAT Testsysteme mit unzureichender Speziespezifität oder um laborinterne Kontaminationsereignisse bzw. Kreuzkontaminationen während der Probenextraktion und -abarbeitung.

Inhibitionskontrollen wurden von 115 der insgesamt 116 Teilnehmer durchgeführt und Inhibitionsergebnisse wurden dabei von keinem Teilnehmer beobachtet.

Bei einer Menge von  $10^4$  CFU/mL an *B. pertussis* Zielorganismen (entspricht ca.  $10^3$  CFU in dem für PCR-Untersuchungen typischerweise prozessierten Probenvolumen von 100 µl) liegt man deutlich über den in früheren Ringversuchsrunden beobachteten unteren Nachweisgrenzen entsprechender PCR-Testsysteme. In der mikrobiologischen Praxis sind vor allem bei

Rachenabstrichen gelegentlich auch geringe Erregermengen zu erwarten - daher sollten falsch-negative Ergebnisse bei dem betroffenen Teilnehmer durchaus Anlaß zur Überprüfung und Optimierung seines jeweiligen NAT-gestützten Testsystems geben.

Wie auch bei den vorhergegangenen Ringversuchen verwendete die überwiegende Anzahl der Teilnehmer selbstentwickelte (*in-house*) Testsysteme oder auf dem Ergebnisformular nicht näher spezifizierte kommerzielle Testkits mit Inhibitions- und/oder Positivkontrollen zum NAT-gestützten Nachweis von *B. pertussis*. In diesem Zusammenhang wurde von 54 Teilnehmern explizit die Verwendung der Insertionssequenz IS481, von 10 Teilnehmern die Verwendung des Pertussis Toxin Gens und von 3 Teilnehmern die Verwendung eines ribosomalen Gensegments als *B. pertussis*-spezifische Zielsequenz angegeben.

Im Kommentarfeld des Ergebnisformulars wurde unter Code [27] "Andere kommerzielle Testsysteme" u.a. die Verwendung folgender Kits aufgeführt: r-biopharm RIDA GENE Bordetella Real Time PCR (7x), Autoimmun Diagnostika Gen ID CAP *B. pertussis* (5x), GeneProof *B. pertussis* / *parapertussis* PCR Kit (5x), AmpliGnost *B. pertussis*/*parapertussis* PCR Kit von Priv. Inst. für Immunologie und Molekulargenetik Karlsruhe (5x), ARGENE Bordetella R-gene (2x), TIB Molbiol LightMix BP (1x), HAIN Lifescience GenoQuick Bordetella (1x), Mikrogen Diagenode *B. pertussis* / *B. parapertussis* kit (1x), SIMPLEXA Bordetella Universal Direct Assay (1x), fast-track Diagnostics Bordetella (1x), fast-track Diagnostics Respiratory pathogens 33 (1x) und Bordetella Real-TM von Sacace (1x).

### **RV 533: *Helicobacter pylori***

Wie in Tabelle 1 dargestellt, enthielt das aktuelle Set an Ringversuchsproben diesmal drei positive Proben in einer Art Verdünnungsreihe. Eine Probe mit einer sehr hohen Menge an Clarithromycin-sensiblen *H. pylori* (# 1325332;  $\sim 10^6$  CFU/ml), eine mit ca. zehnfach geringerer Menge (# 1325333;  $\sim 10^5$  CFU/ml), eine Probe mit ca. hundertfach geringerer Menge (# 1325334,  $\sim 10^4$  CFU/ml), sowie eine Probe ohne Zielorganismen (# 1325331), die nur humanes Zellmaterial und *E. coli* enthielt.

Die Verfügbarkeit gut evaluierter NAT-gestützter Analysensysteme und die relativ hohe Menge an Zielorganismen in zwei der drei positiven Proben (# 1325332 mit  $\sim 1 \times 10^6$  CFU/mL und # 1325333 mit  $\sim 1 \times 10^5$  CFU/mL) führte beim Nachweis von *H. pylori* DNA im aktuellen Ringversuch erfreulicherweise zu Richtigkeitsquoten von 100%. Auch wenn diesmal keine "non-pylori" *Helicobacter*-Spezies in einzelnen Proben des 4-er Sets versandt wurden, deutet die Ergebniskonstellation dennoch auf eine gute analytische Spezifität und analytische Sensitivität der eingesetzten PCR Testsysteme hin. Sowohl die kommerziellen als auch die eigenentwickelten Testsysteme schnitten im aktuellen Ringversuch wieder einmal erfreulich gut ab.

Bis auf 5 Teilnehmer mit kommerziellen Testsystemen (im Kommentarfeld des Ergebnisformulars wurde unter Code [27] "Andere kommerzielle Testsysteme" 3 x r-biopharm RIDA GENE *Helicobacter pylori* und 1 x *H. pylori* Real TM von Sacace angegeben) verwendeten die Teilnehmer zum NAT-gestützten Nachweis von *H. pylori* selbstentwickelte, sog. *in-house* Testsysteme. Inhibitionskontrollen wurden von allen der insgesamt 35 Teilnehmer durchgeführt und Inhibitionsereignisse wurden dabei von keinem Teilnehmer beobachtet.

Wie in der Testbeschreibung des RV 533 vermerkt, konnten die Teilnehmer auf freiwilliger Basis auch die vermeintliche Clarithromycin-Resistenz der untersuchten *H. pylori* Isolate mitteilen. Diese Spezialuntersuchung zur molekularbiologischen Resistenztestung erfolgt in der Regel über die Amplifikation und Sequenzierung von charakteristischen Bereichen innerhalb der *H. pylori* 23S rDNA bzw. der Sequenzanalyse dieses Genombereichs mittels Hybridisierungssonden. Ergebnisse wurden hier von 29 der insgesamt 35 Teilnehmer mitgeteilt, und mit Ausnahme eines einzigen Teilnehmers waren die mitgeteilten Ergebnisse der molekularen Resistenztestung auch durchwegs korrekt.

### **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). Das aktuelle Set an Ringversuchsproben enthielt daher drei unterschiedliche aber relativ stark EHEC positive Proben: mit ca.  $1 \times 10^5$  CFU/mL (# 1325341: *E. coli*, *stx*<sub>1</sub>-, *eae*-, *hlyA*- und O157-positiv und # 1325343: *E. coli*, *stx*<sub>2f</sub>- und *eae*-positiv) und mit ca.  $1 \times 10^4$  CFU/mL (# 1325342: *E. coli*, *stx*<sub>1</sub>-, *stx*<sub>2</sub>-, *eae*-, *hlyA*- und O157-positiv). Probe # 1325344 enthielt einem *E. coli* K12 Stamm (*eae*-, *hlyA*-negativ).

Mit Ausnahme der Probe #1325343 (*stx*<sub>2f</sub>-positiven EHEC Isolat) führte die Verfügbarkeit von mittlerweile bestens etablierten NAT-gestützten Testsystemen und molekularbiologischen Differenzierungsstrategien für EHEC bei den restlichen drei Proben durchwegs zu hohen Richtigkeitsquoten - sowohl für positive als auch für negative Befunde. Von 98 der insgesamt 104 Teilnehmer wurden durchwegs korrekte Ergebnisse berichtet.

Für die 3 falsch-negativen PCR-Resultate bei dem *stx*-1 positiven EHEC Isolat (# 1325341) sowie den 6 falsch-negativen PCR-Befunden bei dem *stx*-1 und *stx*-2 positiven EHEC Isolat (# 1325342) gibt es keine naheliegenden Erklärungen - eventuell decken die eingesetzten Testkonzepte der entsprechenden Teilnehmer nicht das gesamte zu erwartende Spektrum an "üblichen" *stx*-1 und *stx*-2 Genen ab (Gennachweis gilt als molekularer Marker für das Vorliegen von EHEC/STEC bzw. *Shigella dysenteriae* Typ 1 bei *stx*-1). Interessanterweise waren von den falsch-negativen EHEC Ergebnissen bei der Proben # 1325341 und # 1315342 diesmal vorwiegend Anwender mit kommerziellen Testsystemen betroffen. Da jedoch bei genauerer Betrachtung der Ergebnislage von der überwiegenden Mehrzahl der Anwender solch vorkonfektionierter und standardisierter kommerzieller PCR-Kits richtige Befunde berichtet wurden, sollten entsprechende Defizite in Einzelfällen nicht so sehr bei den Konzepten oder dem Design der PCR-Testsysteme selbst, sondern vermutlich eher auf Seiten der betroffenen Anwender gesucht werden.

Aus wissenschaftlicher Sicht ist bei den üblicherweise eingesetzten PCR/NAT-Testsystemen eine "diagnostische Lücke" allenfalls für *stx*-2f aufgrund der deutlich von den anderen Shiga-Toxingenen abweichenden Gensequenz zu erwarten. Dies wurde im aktuellen Ringversuch mit der Probe # 132343 eindrucksvoll bestätigt. Hier wurde lediglich von 25 der insgesamt 104 Teilnehmer ein positives Ergebnis für die Anwesenheit von Shiga-Toxin Genen berichtet. Auch wenn die humanpathogene Relevanz von *stx*<sub>2f</sub>-positiven EHEC Isolaten in der Fachwelt nach wie vor umstritten ist, soll hier an einem Beispiel aus der mikrobiologischen PCR-Routinediagnostik wieder einmal die überraschende Vielfalt an möglichen Genkonstellationen im Umfeld von EHEC-Isolaten aufgezeigt werden.

Der bisher einzige Nachweis eines *stx*-2f positiven EHEC Isolats in unserem Hause erfolgte aus einer Lebensmittelprobe als im Zuge des EHEC Ausbruchsgeschehens im Jahre 2011 umfangreiche Screeninguntersuchungen aus Stuhl-, Umwelt- und Lebensmittelproben durchgeführt wurden. In diesem Fall passte der *stx*-2f Nachweis übrigens "anamnestisch" hervorragend zu den bekannten Übertragungsrouten (Blattsalat aus Gewächshaus, das aus ökologischen Gründen mit Regenwasser aus der Dachrinne bewässert wurde; das Dach dieses Gewächshauses war ein beliebter Rastplatz für die Bewohner von umliegenden Taubenkobel...). Zur Thematik der "*stx*<sub>2f</sub>-positiven *E. coli* Isolate" sind inzwischen auch zahlreiche wissenschaftliche Arbeiten veröffentlicht worden. Exemplarisch sei hier auf eine Publikation von Mitarbeitern des RKI in Wernigerode aus dem Jahre 2009 verwiesen: Prager et al., ***Escherichia coli* encoding Shiga toxin 2f as an emerging human pathogen** (2009) Int. J. Med. Microbiol. **299**:343-353. doi: 10.1016/j.ijmm.2008.10.008.

Anmerkung an die Teilnehmer des aktuellen Ringversuchs: bitte keine Angst um die Zertifikate, denn diese Probe wurde als "edukative Probe" deklariert und die entsprechenden Ergebnisse

werden daher bei der offiziellen Bewertung zur Erteilung von Ringversuchszertifikaten außen vor gelassen.

Die Probe # 1325344 (*E. coli* K12 Stamm, *eae*-, *hlyA*-negativ) wurde von nahezu allen Teilnehmern korrekterweise als negativ befundet - sie führte lediglich bei 2 der insgesamt 104 Teilnehmer zu einem falsch-positiven Ergebnis.

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.

Neben der stark ansteigenden Zahl an "Hain Lifescience GenoType EHEC"- und "r-biopharm RIDAGENE EHEC"-Anwendern gab die Mehrzahl der Teilnehmer nach wie vor die Verwendung von selbstentwickelten oder "anderen" kommerziellen Testsystemen mit Inhibitions- und/oder Positivkontrollen zum NAT-gestützten Nachweis von EHEC an, und bei keiner der ausgesandten Proben wurden signifikante Inhibitionsereignisse beobachtet.

Zudem wurden von 95 der insgesamt 104 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 zur Typisierung, zumindest in dem mitgeteilten Umfang, größtenteils korrekt.

Im Kommentarfeld des Ergebnisformulars wurde unter Code [27] "Andere kommerzielle Testsysteme" u.a. die Verwendung folgender Kits aufgeführt: RealStar EHEC PCR Kit von Altona diagnostic (2x), r-biopharm RIDA GENE EHEC/EPEC (2x), r-biopharm RIDA GENE STEC (1x), fast-track Diagnostics (1x), GastroFinder SMART 17 (1x), Surefood pathogen EHEC/EPEC von Congen (1x) und LightMix Kit von TIB Molbiol (1x).

### **RV 535: *Borrelia burgdorferi***

Wie im Rahmen dieser Ringversuchsserie bereits mehrfach angesprochen, sind die starken Schwankungen vieler etablierter Testsysteme hinsichtlich ihrer Sensitivität und Spezifität bei der Erfassung von unterschiedlichen *B. burgdorferi* sensu lato Genotypen bzw. auch OspA-Typen, die in Europa und Asien mit relativ hoher Inzidenz gefunden werden, nach wie vor ein zentrales Problem der NAT-gestützten Borrelien-Diagnostik. Diese Situation spiegelte sich auch in gewissem Umfang bei der Auswertung der bisherigen Ringversuche zum Nachweis von Borrelien-DNA wider. Im Umfeld des aktuellen Ringversuchs wollten wir uns bei der Auswahl von Art und Menge der Zielorganismen wieder auf die Abprüfung der analytischen Spezifität fokussieren.

Diesmal wurden bei der Konzeption des Ringversuchs unterschiedliche Borrelien-Spezies in 3 der 4 Einzelproben an die Teilnehmer versandt und das aktuelle Set an Ringversuchsproben enthielt daher eine Probe mit ca.  $1 \times 10^4$  Organismen/mL an *Borrelia bissettii* (# 1325351), eine Probe mit ca.  $1 \times 10^4$  Organismen/mL an *Borrelia spielmanii* (# 1325353), eine Probe mit ca.  $1 \times 10^4$  Organismen/mL an *Borrelia afzelii* (# 1325354) sowie eine Probe, die ausschließlich *E. coli* und humanes Zellmaterial enthielt (# 1325352).

Zur kurzen Rekapitulation: Mittlerweile sind 18 verschiedene dem *B. burgdorferi* sensu lato Komplex zugehörige, genetisch eindeutig unterscheidbare Spezies beschrieben, die selbstverständlich auch entsprechende Unterschiede bei verschiedenen Zielgenen aufweisen. Von besonderem Interesse - da gesichert humanpathogen und weit in Europa verbreitet - sind *B. burgdorferi* sensu stricto, *B. afzelii*, *B. garinii* und die aktuell als neue Spezies akzeptierte *B. bavariensis*. Zur Häufigkeit der ebenfalls gesichert humanpathogenen *B. spielmanii* existieren bislang keine breit angelegten Studien. *B. spielmanii* wurde bislang nur bei Hautmanifestationen der Lyme-Borreliose beschrieben und scheint insgesamt nur selten an Erkrankungen beteiligt zu sein. Als möglicherweise humanpathogen werden *B. bissettii*, *B. lusitaniae* und *B. valaisiana*

eingestuft. Bezogen auf das OspA zeigt insbesondere *B. garinii* eine auffällige Heterogenität mit wenigstens 5 verschiedenen genetisch differenzierbaren Typen.

*B. bissettii* und *B. spielmanii* wurden bewusst als ungewöhnliche bzw. seltene *B. burgdorferi* Spezies in den Ringversuch eingeschlossen. Beide Stämme wurden von Patienten isoliert. Der Patient mit der *B. spielmanii* Infektion hatte im Vorfeld der aktuellen Infektion schon drei bei uns mittels Erregernachweis oder PCR gesicherte Borrelieninfektionen – jeweils durch exogene Re-Infektion da es sich um unterscheidbare Stämme handelte. Der *B. spielmanii* Stamm konnte nach verlängerter (10-wöchiger) Kultur aus einem Erythema migrans isoliert werden welches sich im Bereich einer zuvor abgeheilten Acrodermatitis chronica atrophicans entwickelt hatte. Der Patient hatte bei Zustand nach mehreren Borrelien-Infektion sehr hohe IgG-Antikörpertiter und ein breites Spektrum erkannter Banden im IgG-Blot, was erneut zeigt, dass vorhandene Antikörper nicht zuverlässig gegen eine Re-Infektion schützen.

Der *B. spielmanii*-Stamm konnte aus Liquor eines Patienten isoliert werden der nur leichte Symptome einer Neuroborreliose präsentierte. Auch der Liquor zeigte nur schwache entzündliche Veränderungen. Diese Spezies konnte ansonsten bislang nur bei wenigen Patienten aus Slowenien angezüchtet werden, wobei diese Stämme nicht mehr existieren. Interessanterweise wurde diese Spezies in Europa bei verschiedenen Prävalenzstudien mit Zecken lediglich in einer Zecke gefunden, während in den USA diese Spezies nur in Zecken und bislang aus keinem Patient nachgewiesen werden konnte.

Zu den Ringversuchsergebnissen:

*Borrelia afzelii* in der positiven Probe # 1325354 ( $\sim 1 \times 10^4$  Organismen/mL) wurden bei 91 (95%) der insgesamt 96 Teilnehmer von den jeweils eingesetzten Borrelien-spezifischen PCR/NAT Testsystemen erfasst und korrekterweise als positiv befundet, lediglich 5 Teilnehmer berichteten hier ein falsch-negatives Ergebnis. Probe # 1325353 mit ca.  $10^4$  *B. spielmanii* Zielorganismen / mL wurde von 92 (97%) der Teilnehmer als richtig positiv erkannt und 4 Teilnehmer berichteten ein falsch negatives Ergebnis. Immerhin noch 87 (90%) der Teilnehmer identifizierten die Probe # 1325351 mit ca.  $10^4$  *Borrelia bissettii* Zielorganismen / mL als richtig positiv, während 7 Teilnehmer diese Probe mit der nur sehr selten anzutreffenden Borrelienspezies als falsch negativ beurteilten und 2 weitere Teilnehmer diese als fraglich klassifizierten.

Falsch-negative Ergebnisse insbesondere bei den beiden relativ stark positiven Proben mit *B. spielmanii* und *B. afzelii* sollte den entsprechenden Teilnehmern Anlass geben, ihre Testsysteme einschließlich der Aufarbeitung und DNA-Extraktion einer eingehenderen Prüfung zu unterziehen. Ein Teilnehmer beobachtete mit seinem Borrelien-spezifischen PCR/NAT Testsystem ein positives Ergebnis bei der negativen Probe # 1325352. Da diese Probe lediglich *E. coli* Zellen enthielt ist eine Kreuzreaktion aufgrund mangelnder Spezifität des entsprechenden Testsystems bei dieser Konstellation sehr unwahrscheinlich. Vermutlich ist das falsch-positive Ergebnis hier durch laborinterne Kontaminationsereignisse bzw. Kreuzkontaminationen während der Probenextraktion und -abarbeitung bedingt.

Wie bei den vorhergehenden Ringversuchsrunden haben auch diesmal wieder ungefähr die Hälfte der Teilnehmer selbstentwickelte (*in-house*) Testsysteme mit Inhibitions- und/oder Positivkontrollen zum NAT-gestützten Nachweis von Borrelien-DNA verwendet, kommerzielle Testsysteme wurden von 43 der 96 Teilnehmer eingesetzt. Im Großen und Ganzen waren im Rahmen dieses Ringversuchs auch keine auffälligen Unterschiede hinsichtlich Sensitivität zwischen den jeweils eingesetzten kommerziellen (Sensitivität zwischen 95 und 100%) und der, zumindest aus methodischer Sicht, relativ heterogenen Gruppe von selbstentwickelten (*in-house*) Testsystemen (durchschnittliche Sensitivität ca. 93%) zu beobachten. Interne oder externe Inhibitionskontrollen wurden großteils mitgeführt und signifikante Inhibitionsereignisse der PCR-Reaktion wurden im Rahmen dieser Ringversuchsrunde von keinem der 96 Teilnehmer beobachtet.

Neben den drei kommerziellen Systemen mit vorgegebenem Code (Qiagen artus Borrelia LC Kit (Code [20]), Demeditec GenFlow (Code [21]) und LightMix Borrelia from TIB Molbiol (Code [22]), wurden unter Code [27] "Andere kommerzielle Testsysteme" u.a. folgende Kits angegeben: GeneProof *Borrelia burgdorferi* PCR Kit (7x), Autoimmun Diagnostika GenID Zecken Screening

Kit (2x), EliGene Borrelia LC von Elisabeth Pharmacon (1x), TIB Molbiol LightMix Borrelia (1x), BactoReal *B. burgdorferi* von Ingenetix (1x) und Attomol *Borrelia burgdorferi* Realtime (1x).

### **RV 536: *Legionella pneumophila***

Aufgrund zahlreicher Anfragen hier eine wichtige Anmerkung vorab: dieser Ringversuch ist ausschließlich für die Abprüfung von NAT-gestützten Methoden und Protokollen zum Direktnachweis geringer Mengen an *Legionella pneumophila* aus geeignetem klinischem Untersuchungsgut (wie beispielsweise respiratorischem Probenmaterial) konzipiert. Er ist daher NICHT für die Abprüfung von immunologischen Direktnachweisverfahren wie *L. pneumophila* SG1 Urin-Antigen Testen o.ä. geeignet. Einzelne Proben innerhalb des ausgesandten 4-er Sets können daher typischerweise auch relativ geringe Mengen der entsprechenden Zielorganismen enthalten. Aus diesem Grund ist eine Teilnahme an diesem Ringversuch nur für solche diagnostische Laboratorien erfolgversprechend und sinnvoll, die hochsensitive und spezifische PCR-gestützte Verfahren zum Direktnachweis von *L. pneumophila* DNA etabliert haben oder solche im Zuge einer externen Qualitätskontrolle evaluieren wollen.

Das aktuelle Set an Ringversuchsproben enthielt diesmal eine sehr stark positive Probe # 1325361, die mit einer Menge von ca.  $10^6$  CFU/mL an *Legionella pneumophila* Serogruppe 3 versetzt war, sowie eine Probe mit etwa hundertfach geringerer Menge (# 1325362, ca.  $10^4$  CFU/mL) an *Legionella pneumophila* Serogruppe 3. Die Probe # 1325363 des aktuellen Sets enthielt ca.  $10^6$  IFU/mL an *Chlamydia pneumoniae*. Die „negative“ Probe # 1325364 des aktuellen Probensets enthielt neben humanem Zellmaterial lediglich *E. coli*. Letztere wurde erfreulicherweise von 83 der insgesamt 84 Teilnehmer als negativ für *Legionella pneumophila* DNA befundet. Dies spricht wieder einmal für ein gutes Funktionieren von Test- bzw. laborspezifischen Maßnahmen zur Vermeidung von Kontaminationsereignissen.

Die relativ stark positive Probe # 1325361 mit ca.  $10^6$  CFU/mL an *Legionella pneumophila* wurde diesmal von allen 84 Teilnehmern korrekterweise als positiv befundet. Die etwa 100-fach geringere Menge an *Legionella pneumophila* Zielorganismen in Probe # 1325362 (ca.  $10^4$  CFU/mL) konnte immerhin noch von 78 Teilnehmern mit ihren jeweiligen speziesspezifischen PCR-Testsystemen erfolgreich nachgewiesen werden.

Unter den 6 Teilnehmern mit falsch-negativem Ergebnis fanden sich überwiegend eigenentwickelte *real-time* PCR Protokolle mit 16S rDNA, dem *omp*- oder dem *mip*-Gen als spezifische Zielsequenz, sowie ein *nested* Block-Cycler PCR-Protokoll zur Amplifikation von spezifischen Bereichen der 16S rDNA und anschließender DNA-Sequenzierung zur Charakterisierung der Amplifikationsprodukte. Letzteres Testkonzept sollte über das große Amplifikationsvolumen und den *nested*-PCR Schritt eigentlich empfindlich genug sein, um auch etwas geringere Mengen an *L. pneumophila* Zielorganismen im Probenmaterial zuverlässig nachweisen zu können.

Probe # 1325363 enthielt diesmal eine nennenswerte Menge an *Chlamydia pneumoniae* mit ca.  $1 \times 10^6$  IFU pro mL, deren DNA in den jeweiligen *L. pneumophila*-spezifischen PCR-Testsystemen aller 84 Teilnehmer keine Kreuzreaktionen und die damit verbundenen falsch-positiven Ergebnisse zeigte.

Bei dem einzelnen falsch-positiven Ergebnis bei Probe # 1325364 (ausschließlich *E. coli* und humanes Zellmaterial) handelt es sich offenbar um ein sporadisches laborinternes Kontaminationsereignis bzw. Kreuzkontamination während der Probenextraktion und Abarbeitung.

Im Rahmen des aktuellen Ringversuchs kamen bei insgesamt 39 Teilnehmern kommerzielle NAT-Testsysteme für den Nachweis von *L. pneumophila* DNA im Untersuchungsmaterial zum Einsatz. Im Kommentarfeld des Ergebnisformulars wurde hier unter Code [27] "Andere kommerzielle Testsysteme" u.a. die Verwendung folgender Kits aufgeführt: Autoimmun Diagnostika Gen ID CAP Bac Kit von (9x), AmpliGnost *L. pneumophila* von Priv. Inst. für Immunologie und Molekulargenetik Karlsruhe (5x), Mikrogen Diagenode Lpn-050 Kit (4x), GeneProof

*L.pneumophila* PCR Kit (1x), Seegene Anyplex II RB5 (1x), TIB Molbiol LightMix Legionella (1x), Vircell Speed-oligo *L. pneumophila* (1x), fast-track Diagnostics Respiratory pathogens 33 (1x), Congen Sure Aqua *L. pneumophila* (1x) und Euroclone Duplica Real Time *L. pneumophila* Detection Kit (1x).

Von den anderen Teilnehmern wurden selbstentwickelte (*in-house*) NAT Testsysteme verwendet. Inhibitionskontrollen wurden offenbar von allen 84 Teilnehmern durchgeführt und Inhibitionsereignisse wurden diesmal bei keiner der 4 untersuchten Einzelproben beobachtet.

### **RV 537: *Salmonella enterica***

Das aktuelle Set an Ringversuchsproben enthielt diesmal drei positive Proben in einer Art von Verdünnungsreihe (siehe auch Tabelle 1): eine Probe mit hoher Menge an Zielorganismen (# 1325371; *Salmonella enterica* ser. Typhi, ca.  $10^6$  CFU/mL), eine mit etwa zehnfach geringerer Menge (# 1325374; *Salmonella enterica* ser. Typhi, ca.  $10^5$  CFU/mL), eine mit etwa hundertfach geringerer Menge (# 1325373; *Salmonella enterica* ser. Typhi, ca.  $10^4$  CFU/mL), sowie eine Probe ohne Zielorganismen (# 1325372), die nur *E. coli* und eine Suspension aus humanen Zellen enthielt.

Die Verfügbarkeit von spezifischen und mittlerweile gut evaluierten selbstentwickelten bzw. kommerziellen NAT-gestützten Analysesystemen führte diesmal bei allen 4 Proben des Ringversuchssets zu sehr hohen Richtigkeitsquoten. Insgesamt betrachtet waren keine falsch-positiven Ergebnisse und lediglich zwei falsch-negative Ergebnisse bei den positiven Proben # 1325373 (ca.  $10^4$  CFU/mL) und # 1325374 (ca.  $10^5$  CFU/mL) zu beobachten. Im direkten Vergleich zu manchen der vorhergehenden Ringversuchsrunden deutet dies auf eine verbesserte Vorgehensweise hinsichtlich der Vermeidung von Kontaminationsereignissen während der individuellen Probenaufarbeitung und PCR/NAT-Analytik in den teilnehmenden diagnostischen Laboratorien hin, denn unmittelbar nach der stark positiven Probe # 1325371 (ca.  $10^6$  CFU/mL) folgte diesmal eine negative Probe, die von keinem der 11 Teilnehmer positiv getestet wurde. Hoffentlich bestätigt sich diese erfreuliche Beobachtung auch in den zukünftigen Ringversuchsrunden.

Zusammenfassend wurden im Rahmen dieses Ringversuchs zum NAT-gestützten Nachweis von Salmonellen von den insgesamt 11 Teilnehmern durchgehend korrekte Ergebnisse bei der negativen Probe # 1325372 sowie bei der positiven Probe # 1325371 mit relativ hoher Menge an Zielorganismen mitgeteilt. Lediglich die etwas schwächer positive Probe # 1325373 (*Salmonella enterica* ser. Typhi, ca.  $10^4$  CFU/mL) wurden von je einem Teilnehmer falsch-negativ befundet. Die Richtigkeitsquoten lagen somit wieder erfreulich hoch.

Im Kommentarfeld des Ergebnisformulars wurde hier unter Code [27] "Andere kommerzielle Testsysteme" von einem Teilnehmer die Verwendung des folgenden Kits aufgeführt: GastroFinder SMART 17 (1x).

In enger Abstimmung mit unserem Sollwert-Laboratorium am Bayerischen Landesamt für Gesundheit und Lebensmittelsicherheit, Oberschleißheim, werden wir weiterhin versuchen, ab und an ein etwas exotischeres Serovar von *Salmonella enterica* zu versenden und zumindest eine der 4 Proben mit einer relativ geringen Menge an Zielorganismen zu versetzen - auch wenn im Rahmen der gesetzlichen Vorschriften und/oder Richtlinien der einzelnen Fachgesellschaften derzeit noch keine genauen unteren Nachweisgrenzen für den NAT-gestützten Salmonellen-Nachweis festgelegt wurden.

### **RV 538: *Listeria* spp.**

Neben der wohl prominentesten Spezies *Listeria monocytogenes* sind auch eine Reihe weiterer Listerienspezies bekannt, für die inzwischen auch einige selbstentwickelte und kommerzielle NAT-gestützte Nachweisverfahren zur Verfügung stehen. Auch wenn diese Spezies (mit Ausnahme von *L. ivanovii*) zumeist nicht von humanpathogener Relevanz sind, werden wir uns bei der Konzeption des Probenmaterials für RV 538 vor allem zur Abprüfung der Spezifität

individueller Testsysteme nicht nur auf *L. monocytogenes* beschränken. Daher werden gelegentlich auch andere Listerienspezies in der einen oder anderen Probe dieses Ringversuchs zu finden sein. Im aktuellen Ringversuch wurde hingegen eine Art Verdünnungsreihe von *Listeria monocytogenes* angefertigt, um primär die untere Nachweisgrenze der derzeit eingesetzten Testsysteme abzuprüfen. Probe # 1325381 enthielt eine relativ hohe Menge an *L. monocytogenes* (ca.  $10^5$  CFU/mL), die auch von 23 der insgesamt 25 Teilnehmer korrekt erfasst wurde. Probe # 1325382 enthielt mit ca.  $10^4$  CFU/mL eine etwa zehnfach geringere Menge an Zielorganismen, die ebenfalls von nahezu allen Teilnehmern mit ihren jeweiligen spezifischen PCR-Testsystemen zuverlässig detektiert werden konnte. Lediglich 2 der 25 Teilnehmer berichteten hier ein negatives Ergebnis - vermutlich wurde in diesen Fällen ein Testsystem mit unzureichender analytischer Sensitivität verwendet.

Falsch-negative Ergebnisse bei den beiden relativ stark positiven Proben # 1325381 und # 1325382 sollten den entsprechenden Teilnehmern definitiv Anlass geben, ihre PCR/NAT-gestützten *L. monocytogenes*-spezifischen Testsysteme einschließlich der Probenaufarbeitung und DNA-Extraktion einer eingehenderen Prüfung zu unterziehen.

Mit ca.  $10^3$  CFU/mL *L. monocytogenes* pro mL Probenmaterial enthielt die Probe # 1325383 diesmal eine sehr geringe Menge der entsprechenden Zielorganismen. Erfreulicherweise konnte selbst diese schwach-positive Probe noch von 23 der insgesamt 25 Teilnehmer als "positiv" klassifiziert. Aufgrund der relativ geringen Menge an Zielorganismen wurden die mitgeteilten Ergebnisse bei der letztgenannten Probe diesmal nicht in die Bewertung für die Zertifikate mit einbezogen. Dies ist auch durch die beiden grau schraffierten Felder in Tabelle 2 gekennzeichnet.

Bei der Probe ohne Zielorganismen (# 1325384), die ausschließlich humanes Zellmaterial und eine nennenswerte Menge an *E. coli* enthielten, wurde im Rahmen des aktuellen Ringversuchs nur von einem der 25 Teilnehmer ein falsch-positives Ergebnis beobachtet. Dabei könnte es sich eventuell um ein sporadisches laborinternes Kontaminationsereignis bzw. eine Kreuzkontamination während der Probenextraktion und -abarbeitung handeln.

Da wir uns innerhalb dieses Ringversuchsprogramms gelegentlich auch mit einzelnen Proben an die derzeit technisch machbare untere Nachweisgrenze annähern wollen (Anmerkung: wir sind uns dabei sehr wohl bewusst, daß bei vielen Fragestellungen das "technisch machbare" nicht unmittelbar gleichbedeutend mit dem "diagnostisch sinnvollen" ist), bestand beim aktuellen Listerien-Ringversuch die diagnostische Herausforderung in der Abprüfung der analytischen Sensitivität individueller Testkonzepte. Der möglichst selektiven Detektion bzw. differenzierten Erfassung von non-monocytogenes Listerienspezies werden wir uns wieder in einigen der zukünftigen Ringversuchsrunden widmen.

Für Kollegen, die an einer aussagekräftigen Abprüfung der Sensitivität von neu- oder eigenentwickelten Testsystemen interessiert sind, stehen mit dem aktuellen Ringversuch auch wieder standardisierte Rückstellproben mit geringerer Menge an Zielorganismen zur Verfügung, die als untere Messlatte bezüglich der analytischen Sensitivität dienen können und direkt über den Ringversuchsleiter zu beziehen sind. Von allen 25 Teilnehmern wurden Testsysteme mit Inhibitions- und/oder Positivkontrollen verwendet. Vermeintliche Inhibitionsereignisse bei der Aufarbeitung und Analyse der Ringversuchsproben wurden nicht beobachtet. Im Kommentarfeld des Ergebnisformulars wurde hier unter Code [27] "Andere kommerzielle Testsysteme" u.a. die Verwendung folgender Kits aufgeführt: AmpliGnost *L. monocytogenes* von Priv. Inst. für Immunologie und Molekulargenetik Karlsruhe (1x) und DYNEX Real Time PCR MeningoPlex (1x).

Bei diesem Ringversuch besteht explizit die Option einer differenzierten Befundmitteilung. Hält ein Teilnehmer lediglich ein ***L. monocytogenes*-spezifisches NAT-Verfahren** vor, so kann er dies über den **Zusatzcode [71]** im Ergebnisfeld angeben und für die Erstellung des individuellen Zertifikats seitens INSTAND e.V. werden dann auch nur die *L. monocytogenes*-spezifischen Ergebnisse zur Bewertung herangezogen.

## RV 539: MRSA

Zuerst einmal, wie gehabt, eine wichtige Anmerkung vorab: dieser Ringversuch ist ausschließlich für den **Direktnachweis von MRSA DNA** aus geeignetem klinischem Untersuchungsgut (wie beispielsweise Nasen- oder Wundabstrichen) konzipiert. Die positiven Proben innerhalb des ausgesandten 4-er Sets enthalten daher typischerweise relativ geringe Mengen an entsprechenden Zielorganismen. Für interessierte Teilnehmer soll an dieser Stelle noch einmal explizit darauf hingewiesen werden, daß sich mit Testsystemen, die üblicherweise für die Kulturbestätigung von *S. aureus* und/oder MRSA ausgelegt sind, diese geringen Mengen nicht immer zuverlässig nachweisen lassen werden. Eine Teilnahme an diesem Ringversuch ist daher nur für solche diagnostische Laboratorien erfolgversprechend und sinnvoll, die hochsensitive und spezifische NAT/PCR-gestützte Verfahren zum Direktnachweis von MRSA etabliert haben bzw. im Zuge einer externen Qualitätskontrolle evaluieren wollen.

Nach den zugegebenermaßen etwas umfangreichen und ausführlichen Diskussionen der Ergebniskonstellationen vorhergegangener MRSA Ringversuche kann die Auswertung des aktuellen Ringversuchs erfreulich kurz gehalten werden. Da wir diesmal, abgesehen von einer Mischung aus einem MSSA Isolat und einer Methicillin-resistenten Koagulase-negativen Staphylokokkenspezies (eine Konstellation die in der täglichen Praxis nicht gerade selten beobachtet wird), keine "interessanten", "schwierigen" oder komplexen Probenkonstellationen versandt haben, wurden von den insgesamt 241 Teilnehmern mit ihren unterschiedlichsten NAT-gestützten Testsystemen nahezu durchwegs korrekte PCR Ergebnisse für 3 der insgesamt 4 Proben des aktuellen Panels berichtet.

Wie in Tabelle 1 der statistischen Auswertung dargestellt, enthielt die Probe # 1325391 diesmal ein Gemisch aus einem *S. aureus* Isolat (MSSA, PVL-negativ,  $\sim 10^4$  CFU/mL) und einer Koagulase-negativen Staphylokokkenspezies (*S. epidermidis*; mecA-positiv,  $\sim 10^4$  CFU/ mL), die Probe # 1325392 ein typisches MRSA Patientenisolat (MRSA; PVL-negativ,  $\sim 1 \times 10^3$  CFU/mL) und Probe # 1325393 eine relativ hohe Menge eines Methicillin-resistenten *S. aureus* Patientenisolats (cMRSA; PVL-positiv; spa: t310;  $\sim 1 \times 10^4$  CFU/mL). Die letzte der 4 Proben, # 1325394, enthielt neben humanem Zellmaterial lediglich eine nennenswerte Menge an *E. coli*.

Erfreulicherweise wurden im aktuellen Ringversuch bei der relativ stark positiven cMRSA Probe # 1325393 von allen 241 Teilnehmern durchwegs korrekt positive PCR/NAT-Ergebnisse mitgeteilt. Auch wenn sich in der zweiten MRSA-positiven Probe # 1325392 eine etwas geringere Menge an entsprechenden Zielorganismen befand, so ist die diesmal beobachtete Richtigkeitsquote von 99 % als durchaus respektabel zu bezeichnen. Für diese Probe wurden von 237 der insgesamt 241 Teilnehmer korrekt positive Ergebnisse mitgeteilt. Der technische oder methodische Hintergrund der 4 falsch-negativen Ergebnisse bei dieser Probe ist seitens des Ringversuchsleiters nicht näher zu ergründen. Möglicherweise wurden von diesen 4 Teilnehmern selbstentwickelte (in-house) PCR-Testsysteme mit unzureichender analytischer Sensitivität eingesetzt oder es ging während der Probenaufarbeitung ein gewisser Anteil der Template-DNA bei der DNA-Isolierung oder der Komplettierung der PCR-Ansätze verloren. Angesichts der mit  $1 \times 10^3$  CFU/mL ehrlicherweise nicht gerade als "äußerst gering" zu bezeichnenden Menge an Zielorganismen sollten falsch-negative Ergebnisse bei Probe # 1325392 den betroffenen Ringversuchsteilnehmern durchaus Anlaß zur Überprüfung und Optimierung ihrer entsprechenden NAT-gestützten Testsysteme geben.

Im Vergleich zu früheren Ringversuchen mit vergleichbarer Probenkonstellation wurde bei Mischung aus einem MSSA Isolat und einer Methicillin-resistenten Koagulase-negativen Staphylokokkenspezies in Probe # 1325391 diesmal eine erfreulicherweise hohe Richtigkeitsquote erzielt. Von 214 der insgesamt 241 Teilnehmer wurde dieses Gemisch mit den jeweils eingesetzten Testsystemen korrekt als "MRSA-negativ" befundet, weitere 11 Teilnehmer haben ihr Ergebnis bei dieser Probe als "fraglich" klassifiziert. Von 6 dieser 11 Teilnehmer mit fraglichem Befund wurde explizit die Verwendung eines PCR-Testsystems angegeben, das auf einer getrennten Erfassung von *S. aureus*-spezifischen Markern und dem *mecA* Gen beruht. Da mit dieser Art von

Testsystemen zwar die Anwesenheit des *mecA* Gens nachgewiesen werden kann, dessen Herkunft aber nicht zweifelsfrei dem Genom der ebenfalls nachgewiesenen *S. aureus* und/oder der Koagulase-negativen Staphylokokkenspezies zugeordnet werden kann, ist in diesem Fall "fraglich" auch das wissenschaftlich korrekte Untersuchungsergebnis.

Die restlichen Teilnehmer berichteten bei dieser Mischung aus einem MSSA Isolat und einer Methicillin-resistenten Koagulase-negativen Staphylokokkenspezies falsch-positive Ergebnisse für MRSA. Diesen 16 Teilnehmern mit falsch-positivem Ergebnis für Probe # 1325391 ist dringend anzuraten, ihre Testsysteme zu überprüfen bzw. die methodische Eignung ihres jeweiligen Testkonzepts zu hinterfragen. In der mikrobiologischen Praxis wird relativ häufig die gleichzeitige Anwesenheit einer Methicillin-resistenten (also *mecA*-positiven) Koagulase-negativen Staphylokokkenspezies und eines Methicillin-empfindlichen (also *mecA*-negativen) *S. aureus* Isolats in dem entsprechenden Abstrichmaterial beobachtet. In diesem Fall würden die Testsysteme der letztgenannten 16 Teilnehmer vermutlich fälschlicherweise einen Hinweis auf das Vorliegen einer MRSA-Infektion bzw. -Besiedelung anzeigen (mit allen hinlänglich bekannten Konsequenzen für den betroffenen Patienten!).

Wenn man sich die entsprechenden Richtigkeitsquoten für Probe # 1325391 in Tabelle 3 nach Testkonzepten differenziert betrachtet, dann wird schnell ersichtlich dass alle der derzeit etablierten SCC*mec*-basierten Testsysteme bei diesem Gemisch korrekterweise MRSA-negative Befunde liefern (da das *S. aureus* Genom der MSSA Komponente ja *de facto* keine integrierte SCC*mec* Kassette aufweist).

Bei der Probe ohne Zielorganismen (# 1325394), die ausschließlich humanes Zellmaterial und eine nennenswerte Menge an *E. coli* enthielt, wurde im Rahmen des aktuellen Ringversuchs nur von einem der 241 Teilnehmer ein falsch-positives MRSA Ergebnis beobachtet. Dabei liegt das Auftreten eines sporadischen laborinternen Kontaminationsereignisses oder einer Kreuzkontamination während der Probenextraktion und -abarbeitung nahe. Solche "Ausreißer" sind bei technisch aufwändigen Ringversuchen mit über 200 Teilnehmern nichts Ungewöhnliches und bedürfen meines Erachtens keiner weiteren Diskussion.

Insgesamt bleibt festzuhalten, daß der erfreulich große Anteil von richtig-positiven Ergebnissen bei der einen positiven Probe und die überwiegend richtig-negativen Befunde bei den 2 MRSA-negativen Proben erneut für ein hervorragendes Funktionieren von Test- bzw. laborspezifischen Maßnahmen zur Vermeidung von Kontaminations- und Verschleppungsereignissen spricht.

Abgesehen von der zuletzt diskutierten Probe spricht die Ergebnislage dieses Ringversuchs erneut für eine hohe Zuverlässigkeit des NAT-gestützten Direktnachweises von MRSA aus klinischem Untersuchungsmaterial. Für Kollegen, die an einer aussagekräftigen Abprüfung der Spezifität und Sensitivität von neu- oder eigenentwickelten Testsystemen interessiert sind, stehen mit den Proben dieses Ringversuchs wieder standardisierte Rückstellproben zur Verfügung, die über den Ringversuchsleiter bezogen werden können.

Optional wird im Rahmen unserer Ringversuchsreihe auch der molekulargenetische Nachweis des putativen Pathogenitätsfaktors **PVL (Panton-Valentine Leukozidin)** bzw. dessen kodierende Gene *lukF/S-PV* abgefragt. Entsprechende Ergebnisse wurden von 57 der insgesamt 241 teilnehmenden Laboratorien mitgeteilt und mit Ausnahme eines Teilnehmers waren diesmal sowohl die negativen als auch die positiven Ergebnisse für die molekularbiologische PVL-Testung durchwegs korrekt. Nähere Informationen zu der nach wie vor hochaktuellen cMRSA bzw. CA-MRSA Problematik finden sich beispielsweise unter: Linde, H.J. und N. Lehn (2005) Dtsch. Med. Wochenschr. 130:2397-2401, oder Witte, W. et al. (2005) Eur. J. Clin. Microbiol. Infect. Dis. 24:1-5. Ein gut evaluiertes *real-time* PCR Protokoll für den gezielten Nachweis von PVL-positiven *S. aureus* Isolaten findet sich beispielsweise in: Eur. J. Clin. Microbiol. Inf. Dis. (2007) **26**:131-135. Mittlerweile sind auch schon einige kommerzielle *real-time* PCR Testsysteme für den zuverlässigen molekulargenetischen Nachweis von PVL-Genen bei MRSA und MSSA Isolaten verfügbar (z.B. von r-biopharm oder von TIB Molbiol).

Im Kommentarfeld des Ergebnisformulars wurde hier unter Code [27] "Andere kommerzielle Testsysteme" u.a. die Verwendung folgender Kits aufgeführt: BD Max GeneOhm MRSA (8x), r-biopharm RIDA GENE MRSA PCR (8x), r-biopharm RIDA GENE PVL (1x), r-biopharm test kit

(1x), HAIN Lifescience FluoroType MRSA (6x), HAIN Lifescience Genotype *Staphylococcus* (4x), HAIN Lifescience Genotype MRSA (2x), Alere detect ready MRSA Panel Plus (5x), Sentosa SA MRSA PCR test von VELA diagnostics (1x), Autoimmun Diagnostika Gen ID MRSA combi (1x), TIB Molbiol CA-MRSA LightMix Kit (1x) und Congen Sure line MRSA (1x).

### **RV 540: *Chlamydia pneumoniae***

Eine wichtige Anmerkung vorab: dieser Ringversuch ist **ausschließlich** für die Abprüfung von NAT-gestützten Methoden und Protokollen **zum Direktnachweis geringer Mengen an *Chlamydia pneumoniae* DNA** aus geeignetem klinischem Untersuchungsgut (wie beispielsweise respiratorischem Probenmaterial) konzipiert. Die positiven Proben innerhalb des ausgesandten 4-er Sets enthalten daher typischerweise relativ geringe Mengen der entsprechenden Zielorganismen. Aus diesem Grund ist eine Teilnahme an diesem Ringversuch nur für solche diagnostische Laboratorien erfolgversprechend und sinnvoll, die hochsensitive und spezifische NAT/PCR-gestützte Verfahren zum Direktnachweis von *C. pneumoniae* DNA etabliert haben oder solche im Zuge einer externen Qualitätskontrolle evaluieren wollen.

Wie in Tabelle 1 dargestellt, enthielt das aktuelle Set an Ringversuchsproben diesmal eine Probe mit einer relativ hohen Menge an entsprechenden Zielorganismen (# 1325404; *Chlamydia pneumoniae*,  $\sim 1 \times 10^5$  IFU/ mL) und eine Probe mit etwa zehnfach geringerer Menge (# 1325401; *Chlamydia pneumoniae*,  $\sim 1 \times 10^4$  IFU/mL), eine Probe mit ca.  $\sim 1 \times 10^5$  Genomkopien/mL an *Mycoplasma pneumoniae* (# 1325402), sowie eine Probe ohne Zielorganismen (# 1325403), die ausschließlich humanes Zellmaterial und eine nennenswerte Menge an *E. coli* enthielt.

Wie bereits in den vorhergegangenen Ringversuchen zu beobachten war, so wird bei der Auswertung der Ergebnisse auch diesmal die hervorragende analytische Sensitivität und Spezifität der gegenwärtig eingesetzten und z.T. auch bereits sehr gut evaluierten NAT-gestützten Analysesysteme für den Nachweis von *C. pneumoniae* DNA eindrucksvoll aufgezeigt. Aus den in der Tabelle 2 aufgeführten Daten ist zu entnehmen, daß im aktuellen Ringversuch alle Teilnehmer die Zielorganismen in der positiven Probe # 1325401 (ca.  $10^4$  IFU/ mL) sicher und zuverlässig nachweisen konnten. Mit ca.  $10^5$  IFU pro mL Probenmaterial enthielt die Probe # 1325404 diesmal eine relativ hohe Menge an *C. pneumoniae* Zielorganismen. Erfreulicherweise wurde diese Probe ebenfalls von 93 der insgesamt 94 Teilnehmer als (richtig-) positiv befundet.

Angesichts der mit  $1 \times 10^5$  IFU/mL ehrlicherweise nicht gerade als "äußerst gering" zu bezeichnenden Menge an Zielorganismen sollten falsch-negative Ergebnisse bei Probe # 1325404 dem betroffenen Ringversuchsteilnehmer jedoch Anlaß zur Überprüfung und Optimierung seines entsprechenden NAT-gestützten Testsystems geben.

Erfreulicherweise wurden für die beiden Proben ohne Zielorganismen # 1325402 (*Mycoplasma pneumoniae*) und # 1325403 (humanes Zellmaterial und nennenswerte Menge an *E. coli*) ebenfalls von 93 der insgesamt 94 Teilnehmer richtig negative Ergebnisse berichtet. Dies unterstreicht wieder einmal aufs Neue die hohe analytische Spezifität der eingesetzten PCR/NAT-Testsysteme zum Nachweis von *C. pneumoniae* DNA. Bei den beiden isoliert falsch-positiven Ergebnissen könnte es sich eventuell um sporadische laborinterne Kontaminationsereignisse bzw. eine Kreuzkontamination während der Probenextraktion und -abarbeitung handeln. Kreuzreaktivitäten der *C. pneumoniae*-spezifischen PCR Testsysteme mit DNA von Mykoplasmen oder *E. coli* erscheinen eher als unwahrscheinlich.

Die Teilnehmer haben entweder kommerzielle oder selbstentwickelte (*in-house*) Testsysteme mit Inhibitions- und/oder Positivkontrollen zum NAT-gestützten Nachweis von *C. pneumoniae* DNA verwendet; eine signifikante Inhibition der PCR-Reaktion bei den vier versandten Proben innerhalb des aktuellen Ringversuchs wurde dabei von keinem der Teilnehmer beobachtet. Aufgrund des leider noch relativ geringen Anteils und der nicht durchgehenden Spezifizierung von kommerziellen Testsystemen innerhalb des Teilnehmerfeldes lassen sich derzeit keine seriösen Vergleiche zwischen bestimmten kommerziellen Kits und der, zumindest aus methodischer Sicht, relativ heterogenen Gruppe von selbstentwickelten (*in-house*) Testsystemen hinsichtlich

Sensitivität, Spezifität oder Kontaminationsanfälligkeit führen. Im Rahmen des aktuellen Ringversuchs wurde von 12 Teilnehmern die Verwendung des TIB Molbiol LightMix *C. pneumoniae* Testsystems, von 6 Teilnehmern der Diagenode MP/CP Kit und von 2 Teilnehmern der kommerzielle AmpliGnost CP PCR Kit angegeben.

Unter Code [27] "Andere kommerzielle Testsysteme" wurde im Kommentarfeld des Ergebnisformulars u.a. die Verwendung folgender Testkits aufgeführt: Autoimmun Diagnostika Gen ID CAP Bac Kit (8x), GeneProof *C. pneumoniae* PCR Kit (7x), AmpliGnost *C. pneumoniae* PCR Kit von Priv. Inst. für Immunologie und Molekulargenetik Karlsruhe (4x), Biomerieux Argene Chla/Myco pneumo r-gene (3x), Mikrogen Diagenode *Mycoplasma /Chlamydophila pneumoniae* Real Time PCR (2x), fast-track Diagnostics Respiratory pathogens 33 (2x), AnDiaTec *C. pneumoniae* real time PCR Kit (1x), r-biopharm RIDA GENE *C. pneumoniae* (1x) und Seegene Anyplex II RB5 (1x).

### **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. Dieses Mal waren jedoch keine Proben mit geringen Mengen an Zielorganismen im ausgesandten Probenset vertreten ;-)

Wie in Tabelle 1 dargestellt, enthielt das aktuelle Set an Ringversuchsproben diesmal zwei positive Proben: Probe # 1325412 mit einer hohen Menge an Zielorganismen (*M. pneumoniae*,  $\sim 1 \times 10^5$  Genomkopien/mL) und Probe # 1325413 mit einer etwa zehnfach geringeren Menge an Zielorganismen (*M. pneumoniae*,  $\sim 1 \times 10^4$  Genomkopien/mL). Um im Rahmen der Möglichkeiten dieses Ringversuchskonzepts auch die Spezifität der eingesetzten Testsysteme abzutesten, enthielten Probe # 1325411 (*Mycoplasma genitalium*;  $\sim 1 \times 10^4$  Genomkopien/mL) und Probe # 1325414 (*Mycoplasma genitalium*;  $\sim 1 \times 10^5$  Genomkopien/mL) diesmal nennenswerte Mengen an einer zu dem Zielorganismus verwandten Mykoplasmen-Spezies.

Insgesamt betrachtet wurden von den Teilnehmern im Rahmen der aktuellen Ringversuchsrunde zumindest für 3 der insgesamt 4 Proben wieder erfreulich hohe Richtigkeitsquoten erzielt. Mit Ausnahme eines Teilnehmers konnten diesmal alle der insgesamt 104 Teilnehmer die DNA der *M. pneumoniae* Zielorganismen in der relativ stark positiven Probe # 1325412 problemlos und zuverlässig nachweisen. Der zuverlässige Nachweis von *M. pneumoniae* DNA in der etwas schwächer positiven Probe # 1325413 gelang immerhin noch 94 von allem 104 Teilnehmern. Zum Vergleich sei hier kurz auf den vorhergehenden Ringversuch Mai 2013 verwiesen: hier konnten ebenfalls 109 von 119 Teilnehmern die *M. pneumoniae* DNA in einer vergleichbar konzentrierten positiven Probe mit ca.  $10^4$  Genomkopien/mL nachweisen.

Erfreulicherweise wurden für die beiden "negativen" Proben des aktuellen Probensets, die diesmal jedoch mit nennenswerten Mengen einer mit dem Zielorganismus verwandten Bakterienspezies versetzt waren, ebenfalls sehr hohe Richtigkeitsquoten beobachtet. Wie in Tabelle 2 dargestellt, berichteten lediglich je 4 der insgesamt 104 Teilnehmer bei den Proben # 1325411 (*Mycoplasma genitalium*; ca.  $10^4$  Genomkopien/mL) und # 1325414 (*M. genitalium*; ca.  $10^5$  Genomkopien/mL) falsch-positive Ergebnisse. Diese Ergebniskonstellation in einem breiten Teilnehmerfeld mit unterschiedlichsten Testsystemen und PCR-Protokollen belegt eine relativ hohe analytische Spezifität der eingesetzten PCR/NAT-Testsysteme zum Nachweis von *M. pneumoniae* DNA.

Bei den jeweils 4 isoliert falsch-positiven Ergebnissen könnte es sich eventuell um sporadische laborinterne Kontaminationsereignisse bzw. eine Kreuzkontamination während der Probenextraktion und -abarbeitung handeln. Eventuelle Kreuzreaktivitäten der *M. pneumoniae*-spezifischen PCR Testsysteme mit DNA von anderen Mykoplasmen-Spezies sollten von den

betroffenen Teilnehmern abgeprüft und die entsprechenden Testkonzepte ggf. nachgebessert werden.

Insgesamt deutet diese Ergebnislage auf eine verbesserte Vorgehensweise hinsichtlich der Vermeidung von Kontaminationsereignissen während der individuellen Probenaufarbeitung und PCR/NAT-Analytik in den teilnehmenden diagnostischen Laboratorien hin.

Die diagnostische Performance eines etablierten *in-house* Protokolls und ausgewählter kommerzieller NAT-Testsysteme zum Nachweis von *M. pneumoniae* DNA wurde im Sollwertlabor für RV 541 (Prof. Jacobs und Dr. Dumke, Dresden) 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 Rahmen des aktuellen Ringversuchs wurde von 52 Teilnehmern die Verwendung von kommerziellen Testkits aufgeführt: LightMix *M. pneumoniae* [n=10], Minerva Venor Mp Testsystem [n=1], AmpliGnost MP PCR Kit [n=1], Diagenode MP/CP [n=6], sowie "andere kommerzielle Testsysteme" [n=34]. Teilnehmer mit den ersten drei der aufgeführten Testkits konnten damit durchwegs Richtigkeitsquoten von 100 %, sowohl für die positiven als auch für die negativen Proben erzielen. Im Kommentarfeld des Ergebnisformulars wurde unter Code [27] "Andere kommerzielle Testsysteme" zusätzlich die Verwendung folgender Kits aufgeführt: GeneProof *M. pneumoniae* PCR Detection Kit (11x), Autoimmun Diagnostika Gen ID CAP Bac Kit (7x), AmpliGnost *M. pneumoniae* PCR Kit von Priv. Inst. für Immunologie und Molekulargenetik Karlsruhe (4x), Biomerieux Argene Chla/Myco pneumo r-gene (3x), Mikrogen Diagenode *Mycoplasma/Chlamydophila pneumoniae* Real Time PCR (2x), fast-track Diagnostics Respiratory pathogens 33 (2x), Minerva biolabs Intego PCR Kit (1x) und Seegene Anyplex II RB5 (1x).

### **RV 542: *Coxiella burnetii* & *B. anthracis***

Dieser seit kurzem in unser Ringversuchsprogramm aufgenommene kombinierte Ringversuch Bakteriengenomnachweis PCR/NAT *Coxiella burnetii* & *Bacillus anthracis* ist **ausschließlich** für die Abprüfung von NAT-gestützten Methoden und Protokollen **zum Direktnachweis geringer Mengen an *Coxiella burnetii* und *Bacillus anthracis* DNA** aus geeignetem klinischem Untersuchungsmaterialien konzipiert. Einige der positiven Proben innerhalb des ausgesandten 4-er Sets enthalten daher typischerweise relativ geringe Mengen der entsprechenden Zielorganismen.

Das aktuelle Set an Ringversuchsproben enthielt zwei Proben mit verschiedenen Mengen an *Coxiella burnetii* ( $\sim 1 \times 10^3$  Genomkopien/mL in Probe # 1325422 und  $\sim 1 \times 10^4$  Genomkopien/mL in Probe # 1325424), zwei Proben mit 10-fach unterschiedlicher Menge an *Bacillus anthracis* DNA ( $\sim 1 \times 10^4$  Genomkopien/mL in Probe # 1325423 und  $\sim 5 \times 10^4$  Genomkopien/mL in Probe # 1325422), sowie eine Probe ohne Zielorganismen (# 1325421), die nur *E. coli* und eine Suspension aus humanen Zellen enthielt.

Der Übersichtlichkeit halber haben wir uns bei diesem kombinierten Ringversuch entschlossen, die Ergebnislage für die beiden unterschiedlichen Erreger auch in zwei getrennten Tabellen darzustellen: für *Coxiella burnetii* in den Tabellen 2 und 3 sowie für *Bacillus anthracis* in den Tabellen 4 und 5.

***Coxiella burnetii***: Erfreulicherweise kann die Ergebnislage des aktuellen Ringversuchs sehr einfach dargestellt werden. Sowohl die etwas stärker positive Probe # 1325424 mit ca.  $10^4$  Genomkopien *C. burnetii* /mL als auch die zweite positive Probe # 1325422 des Probesets mit einer etwa zehnfach geringeren Menge an *C. burnetii* (ca.  $10^3$  Genomkopien/mL) wurde diesmal von allen der insgesamt 20 Teilnehmern mit ihren jeweiligen *C. burnetii*-spezifischen PCR-Testsystemen zuverlässig detektiert. Diese Ergebnislage deckt sich weitgehend mit den

Beobachtungen aus den vorherigen Ringversuchen - Schwierigkeiten beim zuverlässigen bzw. reproduzierbaren Nachweis von *C. burnetii* DNA traten damals erst bei Proben mit weniger als ca.  $10^3$  Genomkopien pro mL auf. Diese untere Nachweisgrenze bestätigt sich offenbar auch im aktuellen Ringversuch.

Bei den Proben ohne entsprechende Zielorganismen # 1325421 (nur *E. coli* und eine Suspension aus humanen Zellen) sowie # 1325423 (ca.  $1 \times 10^4$  Genomkopien/mL *Bacillus anthracis* DNA und eine Suspension aus humanen Zellen) wurden von allen 20 Teilnehmern ebenfalls korrekt negative Ergebnisse berichtet. Siebzehn der insgesamt 20 Teilnehmer gaben die Verwendung eines eigenentwickelten (*in house*) PCR Testkonzepts an; bei drei dieser Teilnehmer war explizit das "Transposase Gen (IS1111)" als Zielsequenz vermerkt. Zwei der Teilnehmer verwendeten den vorkonfektionierten LightMix *C. burnetii* Kit der Fa. TIB Molbiol (Berlin) und beobachteten hiermit durchgehend korrekte Ergebnisse.

Die selbstentwickelten oder kommerziellen Testsysteme zum NAT-gestützten Nachweis von *C. burnetii* DNA aller Teilnehmer enthielten eine Inhibitions- und/oder Positivkontrolle. Bei keiner der ausgesandten Proben wurden dabei signifikante Inhibitionsereignisse beobachtet.

### ***Bacillus anthracis*:**

Die Ergebnislage des im Rahmen der aktuellen Ringversuchsrunde neu eingeführten Ringversuchs "*Bacillus anthracis* DNA" ist ebenfalls relativ schnell dargestellt und diskutiert.

Alle der 14 Teilnehmer konnten mit ihren jeweils vor Ort etablierten *Bacillus anthracis* spezifischen PCR/NAT-gestützten Testsystemen die beiden positiven Proben mit ca.  $5 \times 10^4$  Genomkopien/mL (# 1325422) und mit ca.  $1 \times 10^4$  Genomkopien/mL (# 1325423) an *Bacillus anthracis* DNA erfolgreich nachweisen.

Ebenfalls von allen der 14 Teilnehmer wurden korrekt negative Ergebnisse für die Proben ohne entsprechende Zielorganismen # 1325421 (nur *E. coli* und eine Suspension aus humanen Zellen) sowie # 1325424 (nur *Coxiella burnetii* mit ca.  $10^4$  Genomkopien/mL und eine Suspension aus humanen Zellen) beobachtet. Insgesamt doch wohl eine sehr erfreuliche Gesamtsituation.

Zudem stehen nach erfolgreichem Abschluss der aktuellen Ringversuchsrunde den Kolleginnen und Kollegen, die an einer aussagekräftigen Abprüfung der Spezifität und Sensitivität von neu- oder eigenentwickelten Testsystemen für *C. burnetii* DNA und *B. anthracis* DNA interessiert sind, mit den Proben dieses Ringversuchs auch gewissermaßen "standardisierte Rückstellproben" zur Verfügung, die über den Ringversuchsleiter bezogen werden können.

### **RV 543: *Francisella tularensis***

Dieser ebenfalls seit kurzem neu ins Ringversuchsprogramm aufgenommene Ringversuch "Bakteriengenomnachweis PCR/NAT *Francisella tularensis*" ist **ausschließlich** für die Abprüfung von NAT-gestützten Methoden und Protokollen **zum Direktnachweis geringer Mengen an *Francisella tularensis* DNA** aus geeignetem klinischem Untersuchungsmaterialien konzipiert. Einige der positiven Proben innerhalb des ausgesandten 4-er Sets haben daher typischerweise relativ geringe Mengen der entsprechenden Zielorganismen enthalten.

Wie in Tabelle 1 dargestellt, enthielt das aktuelle Set an Ringversuchsproben diesmal drei positive Proben: Probe # 1325431 mit relativ hoher Menge an Zielorganismen (*F. tularensis* spp. *holarctica*,  $\sim 1 \times 10^6$  CFU/mL), Probe # 1325433 mit ca. zehnfach geringerer Menge (*F. tularensis* spp. *holarctica*,  $\sim 1 \times 10^5$  CFU/mL) und Probe # 1325434 mit ca.  $\sim 1 \times 10^5$  CFU/mL an *F. tularensis* spp. *novicida*. Im Ringversuchsprobenset befand sich zudem eine Probe ohne Zielorganismen (#1325432), die nur humane Zellen und *E. coli* enthielt.

Ähnlich wie bei den beiden zuvor diskutierten Ringversuchen haben auch hier alle der 15 Teilnehmer die relativ stark positive *F. tularensis* spp. *holarctica* Probe # 1325431 sowie die etwa 10-fach geringer konzentrierte Probe # 1325433 mit ihren NAT-gestützten Testsystemen korrekt identifiziert. Lediglich von einem der 15 Teilnehmer wurde bei der Probe # 1325434 (*F. tularensis* spp. *novicida*; ca.  $\sim 1 \times 10^5$  CFU/mL) ein negatives Ergebnis berichtet. Dieses Ergebnis ist

aber nicht zwangsläufig als falsch negativ zu bewerten. In diesem Ringversuch wurde erstmalig auch DNA der „4.“ **Subspezies, von *F. tularensis* (spp. *novicida*)** eingesetzt. Stämme dieser Subspezies treten sehr selten als Ursache einer Infektion beim Menschen auf. Es gibt aber Beschreibungen von z.T. tödlich verlaufenden Einzelerkrankungen bei Patienten mit eingeschränkter Immunkompetenz. Dieser Erregertyp verursacht allerdings keine „typische“ Tularämie bei immunkompetenten Menschen. Infizierte Personen weisen in herkömmlichen serologischen Assays auch keine Antikörper gegen das LPS von *F. tularensis* (spp. *holarctica*, *tularensis* oder *mediasiatica*) auf. Unter diesem Gesichtspunkt könnte man eine positive NAT-Reaktion in dieser Probe auch als falsch positives Ergebnis werten (fehlende Spezifität).

Die Taxonomie der Gattung *Francisella* ist aktuell relevanten Änderungen unterworfen, zusätzlich umfasst die Gattung mindestens zwei weitere Spezies (*F. philomiragia*, *F. hispaniensis*), die ebenfalls als humanpathogen gelten. Im Bereich der Veterinärmedizin kommen zwei weitere pathogene Spezies hinzu. Mindestens einer der von den Ringversuchsteilnehmern verwendeten Assays detektiert alle diese Spezies. Je nach klinischer Fragestellung kann sich dies positiv oder negativ auf die Befundbeurteilung auswirken. Wir haben diese Subspezies im gegenwärtigen Ringversuch eingeschlossen, um alle Teilnehmer auf diese Problematik hinzuweisen. Seit kurzem stehen die kompletten Genomdaten aller Spezies und Subspezies in den gängigen Datenbanken (e.g. NCBI) zur Verfügung, so dass anhand dieser Daten die Spezifität der eingesetzten Primer und Sonden auch für jeden *in-Haus* Test überprüft werden kann.

Da auch der Nachweis der Subspezies *F. tularensis* spp. *tularensis* (Typ A nach Jellison) eine besondere klinische und arbeitsmedizinische Bedeutung hat, ist angedacht, in zukünftigen Ringversuchen auch DNA dieser Subspezies einzusetzen, um den Teilnehmern zu ermöglichen, die Sensitivität und Spezifität ihrer Assays in Bezug auf eine Subspeziesbestimmung zu überprüfen. Für den klinischen Alltag gilt bis dahin, dass jede positive NAT-Reaktion in einer klinischen Probe kritisch hinterfragt und ggf. einer weiteren Untersuchung (Sub-Typisierung) zugeführt werden sollte.

Die *F. tularensis*-negative Probe # 1325432 wurde gleichfalls von allen Teilnehmern erfreulicherweise durchgehend als negativ befundet. Die gesamte Ergebnislage deckt sich weitgehend mit den Beobachtungen aus vorherigen Ringversuchen und spricht erneut für ein gutes Funktionieren sowohl der bei den jeweiligen Teilnehmern etablierten Testsysteme als auch der implementierten laborspezifischen Maßnahmen zur Vermeidung von Kontaminationsereignissen.

Die selbstentwickelten oder kommerziellen Testsysteme zum NAT-gestützten Nachweis von *F. tularensis* DNA aller Teilnehmer enthielten eine Inhibitions- und/oder Positivkontrolle. Bei keiner der ausgesandten Proben wurden dabei signifikante Inhibitionsereignisse beobachtet.

Auch wenn die Anzahl der teilnehmenden Laboratorien bei der aktuellen Ringversuchsrunde noch nicht sehr hoch ist, so kann in der Zusammenschau der bisher durchgeführten Ringversuche festgestellt werden, dass die untere Nachweisgrenze der gegenwärtig eingesetzten und z.T. auch bereits sehr gut evaluierten NAT-gestützten Analysensysteme für den Nachweis von *F. tularensis* DNA unterhalb einer Menge von ca.  $10^4$  Organismen/mL Probenmaterial liegen dürfte.

### **RV 560: *Pneumocystis jirovecii***

Die ersten Ringversuche RV 560 "Pilzgenomnachweis PCR/NAT *Pneumocystis jirovecii*" sind bewusst so konzipiert, dass sie der RV-Leitung einen Überblick über die aktuell verfügbaren NAT-gestützten Methoden und Protokolle **zum Direktnachweis von *Pneumocystis jirovecii* DNA** in geeignetem klinischem Untersuchungsmaterialien verschaffen. Zum orientierenden Herantasten an die unteren Nachweisgrenzen der im Anwenderkreis etablierten PCR/NAT-gestützten Testsysteme enthielt das aktuelle Set an Ringversuchsproben erneut zwei positive Proben (siehe auch Tabelle 1): eine Probe mit relativ hoher Menge an Zielorganismen (# 1325601; *Pneumocystis jirovecii*, ca.  $3 \times 10^5$  Genomkopien/mL), eine mit etwas geringerer Menge (# 1325603; *Pneumocystis jirovecii*, ca.  $9 \times 10^4$  Genomkopien/mL), sowie zwei Proben ohne Zielorganismen (# 1325602 und # 1325604), die nur *E. coli* und eine Suspension aus humanen Zellen enthielten.

Erfreulicherweise hat sich auch in der aktuellen Ringversuchsrunde die überaus gute Ergebnislage des im Mai 2013 erstmals regulär durchgeführten Ringversuchs RV 560 bestätigt.

Sowohl die etwas stärker positive Probe # 1325601 mit ca.  $3 \times 10^5$  Genomkopien/mL sowie die etwas schwächer positive Probe # 1325603 mit ca.  $9 \times 10^4$  Genomkopien/mL wurde von nahezu allen der insgesamt 59 Teilnehmer als positiv befundet.

Lediglich von einem der 59 Teilnehmer wurde bei der etwas stärker positiven Probe # 1325601 ein falsch-negatives Ergebnis beobachtet - wobei dieser Teilnehmer die etwas schwächer positive Probe # 1325603 wieder korrekterweise als *Pneumocystis jirovecii*-positiv berichtete (?). Angesichts der mit mehr als  $10^5$  Genomkopien/mL ehrlicherweise nicht gerade als "äußerst gering" zu bezeichnenden Menge an Zielorganismen sollte das isoliert beobachtete falsch-negative Ergebnis dem betroffenen Ringversuchsteilnehmer Anlaß zur Überprüfung und Optimierung seines entsprechenden NAT-gestützten Testsystems geben.

Bei den beiden Proben ohne Zielorganismen (# 1325602 und # 1325604), die ausschließlich humanes Zellmaterial und eine nennenswerte Menge an *E. coli* enthielten, wurden im Rahmen des aktuellen Ringversuchs keine falsch-positiven Ergebnisse beobachtet. Dies spricht unter anderem für ein hervorragendes Funktionieren von Test- bzw. laborspezifischen Maßnahmen zur Vermeidung von Kontaminationsereignissen.

Im Kommentarfeld des Ergebnisformulars wurde unter Code [26] "Andere kommerzielle Testsysteme" zusätzlich die Verwendung folgender Kits aufgeführt: AmpliGnost *P. jirovecii* PCR Kit von Priv. Inst. für Immunologie und Molekulargenetik Karlsruhe (3x), r-biopharm RIDA GENE *P. jirovecii* (2x) und fast-track Diagnostics Respiratory pathogens 33 (1x).

Nicht zuletzt aufgrund dieser erfreulichen Ergebnislage werden sich in den zukünftig ausgesandten 4-er Sets auch immer positive Proben befinden, die relativ geringe Genommengen der entsprechenden Zielorganismen enthalten.

Aufgrund der noch relativ geringen Teilnehmerzahl bei den Ringversuchen RV 542, RV 543 und RV 560 sowie der lückenhaften Protokollierung der verwendeten kommerziellen Testsystemen lassen sich derzeit noch keine seriösen Vergleiche zwischen kommerziellen Kits und der, zumindest aus methodischer Sicht, relativ heterogenen Gruppe von selbstentwickelten (*in-house*) Testsystemen hinsichtlich Sensitivität, Spezifität oder Kontaminationsanfälligkeit führen.

December, 2013  
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 543, and 560)

**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 participating laboratories.

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

This highly desired scheme 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.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 (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 analysed 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](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.

**New since 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-r.de](mailto:udo.reischl@klinik.uni-r.de)"

With best personal regards,



**Prof. Dr. Udo Reischl**

Organizer of the External Quality Assessment Scheme "Bacterial Genome Detection"  
Member of the Quality Assurance Board (DGHM; German Society of Hygiene and Microbiology)

**Prof. Dr. E. Straube, Prof. Dr. M. Maaß, Prof. Dr. E. Jacobs, PD Dr. W. Schneider, Dr. V. Fingerle,  
Dr. U. Busch, Dr. D. Frangoulidis, PD Dr. W. Splettstösser, PD Dr. G. Grass, Dr. I. Reiter-Owona**

## Brief discussion of the current results (English version) for the growing number of international participants:

### NOVEMBER 2013

#### **RV 530: *Neisseria gonorrhoeae* & *Chlamydia trachomatis* (GO & CT)**

Despite the relatively low amounts of *C. trachomatis* and *N. gonorrhoeae* target organisms in the current set of QC samples, the availability of well-established commercial or *in-house* NAT-assays has led to a high portion of correct results.

The current set of QC samples contained two samples with similar amounts of *C. trachomatis* ( $\sim 1 \times 10^3$  IFU/mL and  $\sim 5 \times 10^3$  IFU/mL ; sample # 1325304 and sample # 1325303), two samples with equal amounts of *N. gonorrhoeae* (sample # 1325302 and sample # 1325304;  $\sim 1 \times 10^3$  CFU/mL) and sample # 1325301 with  $\sim 1 \times 10^4$  CFU/mL of *N. gonorrhoeae*.

Despite relatively low amounts of *C. trachomatis* target cells in the positive samples #1325303 and # 1325304, only 4 false-negative results were observed among the *Chlamydia trachomatis*-specific results reported by the 147 participants. Among the *N. gonorrhoeae*-specific results, false-negative results were reported by 19 of the 144 participants for samples #1325302 and # 1325304, which contained *N. gonorrhoeae* target organisms in an amount of  $1 \times 10^3$  CFU/mL. For the GO-positive sample # 1325301, which contained with  $1 \times 10^4$  CFU/mL a ten-fold higher amount of *N. gonorrhoeae* target organisms, no false negative result for the detection of *N. gonorrhoeae* DNA was reported.

The detection of gonococcal DNA in samples which also contained *C. trachomatis* organisms, (or the test systems used by these participants) caused some difficulties for some participants: 12 false negative results were observed for sample # 1325304 compared to 7 false negative results for sample # 1325302. The reason for this finding, which was similarly observed in the November distribution, remains unclear. Competition of certain of primer sequences present in the complex reaction mixture could be a possible explanation. But one could assume that for chlamydial and gonococcal (duplex) NAT systems, specific amplification of specific genomic regions of these two different target organisms is realized via two different primer sets and the use of consensus primers is avoided. Since the amount of target organisms in sample # 1315302 and 1325304 ( $1 \times 10^3$  CFU/mL) could not be considered as "extremely low", false negative results should encourage the participants to review and optimize their respective gonococcal specific NAT-based test system.

Despite this infrequently observed issue regarding sensitivity, an overall very good diagnostic performance was observed. Inhibition controls were conducted by all 148 participants, and inhibition events were not reported this time.

#### **RV 531: *Chlamydia trachomatis***

The current set of QC samples contained three positive samples: # 1325311 and # 1325313 with  $\sim 1 \times 10^3$  IFU/mL of *C. trachomatis* target organisms and sample # 1325314 with  $\sim 5 \times 10^3$  IFU/mL of *C. trachomatis* target organisms. Sample # 1325312 contained no target organisms but only human cells and *E. coli* cells.

As depicted in table 2, the results were broadly correct for all three positive samples. For the sample #1325314 containing higher amounts of *C. trachomatis* DNA, 2 false-negative results were reported and for the weakly positive samples #1325311 and #1325313, 2 and 6 false-negative results were reported, respectively.

For the *C. trachomatis*-negative sample # 1325312, containing only non-infectious human cells and *E. coli*, 3 false-positive results were observed of the 102 participants. For samples # 1325312 and # 1325313 results were classified as "questionable" for one participant each. For questionable results, certificates are only issued when correct results are reported by the participant in the remaining 3 samples of RV 531.

This striking match of the current results with observations and accuracy rates in previous inter-laboratory tests can be considered as evidence of a high reliability and consistency of the used test systems and the sample processing.

Run controls were performed by all of the 102 participants and inhibition events were not observed this time. In this context, it should be noted, that we have not added putative inhibitory substances into the samples of the current distribution.

Overall, a very good diagnostic performance and no noticeable issues regarding sensitivity and specificity were observed for the *C. trachomatis*-specific NAT assays used by the 102 participants of the current distribution.

### **RV 532: *Bordetella pertussis***

The current set of QC samples contained one sample with a relatively high amount of *Bordetella pertussis* (# 1325322;  $1 \times 10^4$  CFU/mL), one negative sample containing *Bordetella parapertussis* (# 1325324 with  $\sim 1 \times 10^4$  CFU/mL), as well as two samples containing only non-infected human cells and *Escherichia coli* (# 1325321 and # 1325323).

The availability of well-established commercial or in-house NAT-assays has led to a high portion of correct results. Only one of the 116 participants reported a false negative result for the sample # 1325322 (*B. pertussis*,  $1 \times 10^4$  CFU/mL).

For sample # 1325324 ( $10^4$  CFU/mL of *B. parapertussis*) 3 false-positive results were observed, which may have probably been caused by an insufficient analytical specificity of the used in-house test systems or due to a contamination during the sample preparation, amplification or detection.

Of the 116 participants, 115 included inhibition controls and inhibition events didn't occur this time.

The amount of  $10^4$  CFU/mL of *B. pertussis* target organisms is significantly above the previously observed lower limit of detection for the corresponding PCR assays or test systems.

For the detection of *B. pertussis*, most participants used *in house* test concepts with inhibition and/or positive controls. In the current distribution, 54 participating laboratories indicated the use of the IS481 insertion sequence, 10 the *B. pertussis* toxin coding gene and 3 the use of *B. pertussis*-specific ribosomal gene segments.

### **RV 533: *Helicobacter pylori***

The current set of QC samples contained three samples with a Clarithromycin-susceptible *Helicobacter pylori* patient strain in a kind of dilution series. Sample # 1325332 contained approximately  $1 \times 10^6$  CFU/mL, sample # 1325333 approximately  $1 \times 10^5$  CFU/mL and sample # 1325334 approximately  $1 \times 10^4$  CFU/mL of the respective target organisms.

The availability of well evaluated NAT-based assays and the relatively high amount of target organisms in two of three positive samples (# 1325332:  $\sim 1 \times 10^6$  CFU/mL and # 1325333:  $\sim 1 \times 10^5$  CFU/mL) led to positive predictive values of 100 %.

As noted in the test description of RV 533, clarithromycin resistance testing in the examined *H. pylori* isolates could be performed by participants on a voluntary basis. This molecular resistance testing is usually based on amplification and sequencing of characteristic regions within the *H. pylori* 23 S rDNA or the use of hybridization probes based qPCR assays. Results were communicated by 29 of the 35 participants and the results for molecular susceptibility testing were also correct, apart from one occasion.

### **RV 534: EHEC / STEC**

As discussed before, the main challenge in NAT-based detection of EHEC / STEC is not the detection of small amounts of target organisms, but rather the sophisticated analysis and typing of different Shiga toxin genes and other putative pathogenicity (such as the *eae* gene encoding intimin or the *hlyA* gene encoding enterohemolysin).

The current set of QC samples contained three samples positive for EHEC: # 1325341 (*E. coli*,  $1 \times 10^5$  CFU/mL, clinical isolate, *stx*<sub>1</sub>-, *eae*-, *hlyA*- and O157-positive), # 1325342 (*E. coli*,  $1 \times 10^4$  CFU/mL, clinical isolate, *stx*<sub>1</sub>-, *stx*<sub>2</sub>-, *eae*-, *hlyA*- and O157-positive), and # 1325343 (*E. coli*,  $1 \times 10^5$  CFU/mL, clinical isolate, *stx*<sub>2f</sub>-positive and *eae*-positive). The other EHEC-negative sample contained an *eae*- and *hlyA*-negative *E. coli* K12 strain (# 1325344).

With the exception of sample #1325343 (*stx*<sub>2f</sub>-positive EHEC isolate) the availability of well-established NAT-based assays and strategies for molecular differentiation resulted in consistently high accuracy rates for the three remaining samples - both for positive and negative results. Consistently correct results were reported by 98 of 104 participants.

The cause for the 3 false-negative results for *stx*<sub>1</sub> positive EHEC isolate (# 1325341) and the 6 false-negative results for *stx*<sub>1</sub>- and *stx*<sub>2</sub>-positive EHEC isolate (#1325342) remains unclear. Maybe the common spectrum of *stx*<sub>1</sub> and *stx*<sub>2</sub> genes is not fully covered by the applied test systems. A false negative result in some PCR test systems could have been expected for *stx*<sub>2f</sub>, because of the known little homology to other shiga toxin gene sequences, which was demonstrated impressively by the inclusion of the *stx*<sub>2f</sub>-positive sample #1325343. Only 25 of the 104 participants reported positive results for the presence of genes coding for shiga toxins.

Even if the relevance of *stx*<sub>2f</sub> positive EHEC isolates for human pathogenicity is still controversial, this should serve once again as an example for surprising genetic diversity of bacterial isolates from the microbiological PCR routine diagnostics.

For sample # 1325344 containing an *eae*- and *hlyA*-negative *E. coli* K12 strain, fortunately only 2 of the 104 participants reported false positive results.

Since in most of the participating laboratories, a NAT-based detection of shiga toxin coding genes is used primarily as a culture confirmation test, most future positive samples will contain relatively high amounts of target organisms. The focus will remain more on the analytical specificity of the used test systems and less on the lower detection limit obtained.

Partial or complete shiga-toxin subtyping, *eae*-, and *hlyA*-detection techniques were implemented by 95 of the 104 participating laboratories and the reported results were correct when performed.

### **RV 535: *Borrelia burgdorferi***

Due to numerous requests, here is a short note for our participants outside Europe: as this proficiency testing panel is designed for a specific and sensitive detection of *B. burgdorferi* sensu lato DNA, the positive samples **do not necessarily** contain suspensions of "prototype" isolates of *B. burgdorferi* sensu stricto and in many of the bi-annual rounds of our external quality assessment (EQAS) scheme also **other *B. burgdorferi* genotypes or genospecies will be present** in individual samples.

Short recapitulation: So far 18 different species belonging to the *B. burgdorferi* sensu lato complex were described, that naturally present genetic differences regarding popular target genes. Of special interest -since of assured human pathogenicity and widely distributed in Europe- are *B. burgdorferi* sensu stricto, *B. afzelii*, *B. garinii* and *B. bavariensis*. *B. spielmanii*, a further Species with assured human-pathogenicity, seems to be rare and was so far only described from skin manifestations of Lyme borreliosis. *B. bissettii*, *B. lusitaniae* und *B. valaisiana* are regarded as possibly human pathogen. Regarding OspA especially *B. garinii* showed a striking heterogeneity with 5 genetic distinguishable "genotypes".

The current distribution of QC samples contained one sample with *Borrelia bisetti* (# 1325351;  $\sim 1 \times 10^4$  organisms/mL), one sample with *Borrelia spielmanii* (sample # 1325353;  $\sim 1 \times 10^4$  organisms/mL), and one sample with *Borrelia afzelii* (sample # 1325354;  $\sim 1 \times 10^4$  organisms/mL) Sample # 1325352 contained no *Borrelia* organisms but only human cells and *E. coli* cells.

With the exception of 7 false-negative results for sample # 1325351, 4 false-negative results for sample # 1325353, 5 false-negative results for sample # 1325354, and one 7 false-positive results for sample # 1325352, correct results were reported by the 96 participating laboratories.

The participants who reported false-negative results especially for the two positive samples containing *Borrelia spielmanii* and *Borrelia afzelii* target organisms should check their NAT assay concepts including sample processing/DNA-extraction.

About half of the participating laboratories used self-developed (in-house) tests with inhibition and/or positive controls. No inhibition and also no obviously significant differences to commercially available kits regarding sensitivity were observed in the current round of our external quality assessment scheme for the diagnostic detection of *Borrelia burgdorferi* by PCR/NAT techniques.

Next to the three commercial assays provided with a designated code number (Qiagen artus *Borrelia* LC Kit (Code [20]), Demeditec GenFlow (Code [21]) and LightMix *Borrelia* from TIB Molbiol (Code [22]), participants indicated the use of the following commercial assays or kits on their report form: GeneProof *Borrelia burgdorferi* PCR Kit (7x), Autoimmun Diagnostika GenID Zecken Screening Kit (2x), EliGene *Borrelia* LC from Elisabeth Pharmacon (1x), TIB Molbiol LightMix *Borrelia* (1x), BactoReal *B. burgdorferi* from Ingenetix (1x) and Attomol *Borrelia burgdorferi* Realtime (1x).

### **RV 536: *Legionella pneumophila***

Due to numerous requests: this ring test is designed exclusively for the testing of NAT-based methods and protocols for direct detection of low amounts of *Legionella pneumophila* from appropriate clinical specimen (such as respiratory specimens for example). Individual samples may contain relatively small amounts of the corresponding target organism. For this reason, participation is promising only for diagnostic laboratories, which have established a highly sensitive and specific PCR-based method for the direct detection of *L. pneumophila* DNA or who want to evaluate this method in the course of an external quality control.

The current set of QC samples contained two positive samples with *Legionella pneumophila* serogroup 3 (# 1325361;  $\sim 1 \times 10^6$  CFU/mL and # 1325362;  $\sim 1 \times 10^4$  CFU/mL), as well as one sample containing *Chlamydia pneumoniae* (# 1325363;  $\sim 1 \times 10^6$  IFU/mL). Sample # 1325364 contained no target organisms but only human cells and *E. coli* cells.

The *L. pneumophila*-positive ( $\sim 1 \times 10^6$  CFU/mL) sample # 1325361 was correctly tested positive by all of the 84 participating laboratories. Sample # 1325362, which contained a hundred-fold lower amount ( $\sim 1 \times 10^4$  CFU/mL) of *L. pneumophila* reported correctly by 78 of 84 participants.

The 6 participants with false-negative results were using mainly self-developed in-house real-time PCR protocols targeting the *omp*-, *mip*-gene or 16S rDNA sequence or a nested block-cycler PCR protocol with subsequent nucleotide sequencing of the amplified 16S rDNA region. The latter concept should be sensitive enough to allow the detection of low amounts of *L. pneumophila* because of the nested PCR step and the large amplification volume.

Sample # 1325363 contained a significant amount of *Chlamydia pneumoniae* with approx.  $1 \times 10^6$  IFU per mL. No cross-reactivity and false positive results of all 84 participants was observed in the respective *L. pneumophila*-specific PCR assay.

### **RV 537: *Salmonella enterica***

The current set of QC samples contained a kind of dilution series of *Salmonella enterica* serovar Typhi: sample # 1325371 contained  $\sim 1 \times 10^6$  CFU/mL, sample # 1325374 contained  $\sim 1 \times 10^5$  CFU/mL and sample # 1325373 contained  $\sim 1 \times 10^4$  CFU/mL. Sample # 1325372 contained no target organisms but only human cells and *E. coli* cells.

Only 2 false-negative results were reported for the positive samples # 1325373 and # 1325374 and no false-positive result was reported for the negative sample # 1325372.

In summary, 11 correct results for the negative sample # 1325372 as well as the positive sample # 1325371 with relatively high amount of target organisms were reported correctly for the NAT-based detection of *Salmonella* by the 11 participants. Only the slightly weaker positive sample (# 1325373; *Salmonella enterica* serovar Typhi,  $\sim 1 \times 10^4$  CFU/mL) was reported false negative by 1 participant. This indicates a remarkably high analytical sensitivity of the current *Salmonella enterica*-specific PCR assays and an improved procedure with regard to the prevention of contamination events during the individual sample preparation and PCR/NAT analytics in the participating diagnostic laboratories, as the strongly positive sample # 1325371 was preceding the negative sample and no false-positive result was reported from the 11 participants.

### **RV 538: *Listeria* spp.**

The current set of QC samples contained a sample without the corresponding target organisms (# 1325384; only *E. coli* cells), and three samples positive for *L. monocytogenes*. In order to assess the analytical sensitivity of the NAT assays currently used at the participating laboratories, we decided to include also some weak positive samples in the current distribution. Relatively low numbers of *L. monocytogenes* cells ( $\sim 10^4$  CFU/mL and  $\sim 10^5$  CFU/mL) were present in samples # 1325382 and # 1325381, respectively. Both were tested positive by the PCR assays applied by 23 of the 25 participants. Although the third "positive" sample contained a remarkably low amount of target organisms (# 1325383;  $\sim 10^3$  CFU/mL of *L. monocytogenes*), it was nice to see that still 23 of the 25 participating laboratories were still able to detect the corresponding DNA by their *Listeria*-specific PCR assays.

As mentioned in the Report form, participants who are performing molecular tests covering only *L. monocytogenes* may indicate the corresponding results by the accessory code number 71. When the use of *L. monocytogenes*-specific PCR assays is indicated, we do not score (false) negative results for non-*Listeria monocytogenes* species (which may be present in future distributions) in the course of issuing the corresponding QC certificates. It is nice to see that correct results were reported by the majority of participating laboratories in the course of this external PCR assay validation - and, again, this indicates a remarkably high analytical sensitivity of the current *L. monocytogenes*-specific PCR assays.

False-positive results were observed in one case for sample # 1325384 containing only human and *E. coli* cells, so it seems that the majority of participating laboratories have implemented functional precautions to prevent deleterious contamination events.

### **RV 539: MRSA**

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 MRSA and/or community acquired (CA)-MRSA DNA in typical sample material. With the development and composition of the corresponding sample materials we want to mimic the situation of processing clinical samples like wound or nasal swabs. So the lyophilized samples usually contain low amounts of target organisms in a natural background of human cells and other components. Here it is important to note that NAT assays designed for MRSA culture confirmation purposes may fail due to the low number of MRSA organisms in individual samples of the QC set. Despite of one sample containing an MSSA isolate together with a methicillin resistant coagulase negative *Staphylococcus* species, no "difficult" or "interesting" sample was included into the current panel.

Sample # 1325391 of the current set contained a mixture of *S. aureus* (MSSA, PVL-negative,  $\sim 1 \times 10^4$  CFU/ml) and a CoNS strain (*S. epidermidis*; *mecA*-positive,  $\sim 1 \times 10^4$  CFU/ml). One sample of the current set (# 1325394) contained no target organisms but only *E. coli* cells. Sample # 1325393 contained a relatively high number of CA-MRSA organisms (*S. aureus*, *mecA*-positive, PVL-positive, spa:t 310;  $\sim 1 \times 10^4$  CFU/ml) and sample # 1325392 contained a relatively low number of typical MRSA organisms (*S. aureus*, *mecA*-positive, PVL-negative;  $\sim 1 \times 10^3$  CFU/ml).

The MRSA negative sample # 1325394 was tested by 240 of 241 participants with their PCR-based MRSA-specific test systems as "negative", so only one participant observed a false positive result for sample # 1325394, which may have probably been caused by contamination with MRSA DNA during the sample preparation, amplification or detection. Fortunately, for the positive cMRSA sample # 1325393, positive results were reported by all 241 participants. Even if sample # 1325392 contained with  $1 \times 10^3$  CFU/ml a lower amount of target organisms, with 237 positive reported results of 241 participants, positive predictive values of 99 % were observed. The 4 false negative results are probably due to an insufficient analytical specificity of the used in-house test systems.

For the sample # 1325391, which contained a MSSA isolate together with an Methicillin resistant coagulase-negative *Staphylococcus* species, 214 of 241 participants reported their results correctly as "MRSA-negative" and 11 participants classified the results as "questionable". 6 of these 11

participants indicated the use of test systems, which are based on a separate detection of the *mecA* gene and *S.aureus* specific target genes. With this separate detection assays, the origin of the *mecA* target gene cannot definitively be correlated with the *S. aureus* or the coagulase-negative *Staphylococcus* species. Regarding this aspect, “questionable” is the scientifically correct result in this case. The remainder 16 participants reported false-positive results for MRSA for sample # 1325391, containing a mixture of a MSSA isolate and a methicillin-resistant coagulase negative *Staphylococcus* species. These participants are encouraged to analyse the suitability of their test systems, as the described constellation is a relatively common scenario for microbiological routine diagnostic of MRSA. On the other hand, all participants, who used SCC*mec* based test systems, reported correct MRSA-negative results for sample #1325391.

Overall, it should be noted that a pleasingly large proportion of participants reported a correct result and the predominantly correct positive findings for one positive sample and correct negative findings for the 2 MRSA negative samples. This indicates excellent sample workup functioning of laboratory-specific prevention measures to avoid the risk of contamination and carry-over events.

Also, an optional molecular detection of putative pathogenicity factor **PVL (Panton-Valentine Leukocidin)** or its coding gene *lukF/S-PV* was inquired. Corresponding results were reported by 57 of the total 241 participating laboratories and within the current distribution the results for the molecular PVL testing were correct in all but one case. Additional information can be found at: Linde, H.J. and N. Lehn (2005) Dtsch. Med. Wochenschr. 130:2397-2401; or Witte, W. et al. (2005) Eur. J. Clin. Microbiol. Infect. Dis. 24:1-5. A well evaluated protocol for the detection of PVL-positive PVL isolate can be found at: Eur. J. Clin. Microbiol. Inf. Dis. (2007) 26:131-135.

In addition, commercial real-time PCR assays reliably targeting PVL-genes in MRSA and MSSA isolates are available in the meantime. (for example from r-biopharm and TIB Molbiol).

#### **RV 540: *Chlamydia 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 *C. pneumoniae* in typical sample material. With the development and composition of the corresponding sample materials we intended to mimic the situation of processing typical clinical samples like BAL or other respiratory materials. So the lyophilized samples usually contain low amounts of target organisms in a natural background of human cells and other components. As a consequence, diagnostic assays designed for *C. pneumoniae* antigen detection in clinical specimens or other serological assays will fail due to the low number of *C. pneumoniae* infected cells in individual samples of the QC set.

The current set of QC samples contained two samples positive for *C. pneumoniae*. Sample # 1325404 was spiked with  $\sim 1 \times 10^5$  IFU/ml of *C. pneumoniae* whereas sample # 1325401 contained an approximately tenfold lower number of *C. pneumoniae* ( $\sim 1 \times 10^4$  IFU/ml). Sample # 1325402 contained significant numbers ( $\sim 10^5$  genome copies/mL) of *Mycoplasma pneumoniae* organisms to assess analytical specificity. Only *E. coli* and non-infected human cells but no *C. pneumoniae* target organisms were present in sample # 1325403.

As depicted in table 2, all participants reported correct results for the positive sample # 1325401. 93 of the 94 participants reported correctly positive results for the positive sample # 1325404, which contained a relatively high concentration of target organisms ( $10^5$  IFU/ml). Affected participants are encouraged to analyse and optimize their NAT-based assays.

Only one participant reported false-positive results for negative sample # 1325402 (*Mycoplasma pneumoniae*) and also for the "negative" sample # 1325403, which could be due to cross-contamination events in the course of sample preparation, amplification or amplicon detection steps as cross reactivity with *E.coli* or *Mycoplasma pneumoniae* DNA is unlikely. Overall there were no noticeable problems with the current set of QC samples and a good overall correlation with the expected results was observed.

#### **RV 541: *Mycoplasma pneumoniae***

General note to our participants: 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 RV 541 distributions.

The current set of QC samples contained two positive samples. A relatively high amount of *M. pneumoniae* ( $\sim 1 \times 10^5$  genome copies/mL) was present in sample # 1325412 and an approximately tenfold lower amount of *M. pneumoniae* ( $\sim 1 \times 10^4$  genome copies/mL) was present in sample # 1325413. Samples # 1325411 and # 1325414 were designed to monitor assay specificity: they contained a considerable amount of *M. genitalium* ( $\sim 10^4$  and  $\sim 10^5$  genome copies/mL, respectively) as a related species to the target organism.

Similar to the result constellations observed with past distributions of our external quality assessment schemes for *Mycoplasma pneumoniae* PCR/NAT detection, the availability of well-established commercial or *in-house* PCR/NAT-assays has led to a surprisingly high percentage of correct results, at least for 3 of the 4 samples of the current set.

With the exception of one laboratory, all 104 participants reported correct *M. pneumoniae*-positive results for sample # 1325412 containing a relatively high amount of target organisms.

The sample # 1325413 ( $\sim 10^4$  genome copies/mL) containing an approximately ten-fold lower amount of *M. pneumoniae* was tested correctly positive by 94 of the 104 laboratories.

Four participants reported false-positive results for the negative samples # 1325411 and #1325414, which contained considerable amounts of *M. genitalium*. The false-positive results could be caused by cross-contamination events in the course of sample preparation, amplification or amplicon detection steps. Cross reactivity of the used NAT-based *M. pneumoniae* assay with other *Mycoplasma* species should be analysed by the affected laboratories.

Overall, it seems that the participating laboratories have implemented functional precautions to prevent deleterious contamination events.

#### **RV 542: *Coxiella burnetii* & *Bacillus anthracis***

General note to our participants: 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 *C. burnetii* DNA and/or *Bacillus anthracis* DNA 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. 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.

The current set of QC samples contained two samples with different amounts of *Coxiella burnetii* organisms ( $\sim 1 \times 10^3$  genome copies/mL in sample # 1325422 and  $\sim 1 \times 10^4$  genome copies/mL in sample # 1325424), two samples with tenfold different amounts of *Bacillus anthracis* (sample # 1325423 with  $\sim 1 \times 10^4$  genome copies/mL and sample # 1325422 with  $\sim 5 \times 10^4$  genome copies/mL). Sample # 1325421 contained only human cells and a considerable amount of *E. coli* organisms.

For the ease of data presentation and analysis, we decided to depict the PCR/NAT results for the two different target organisms within this combined EQAS scheme in two separate tables: please see tables 2 and 3 for the *Coxiella burnetii*-specific results and tables 4 and 5 for the *Bacillus anthracis*-specific results.

#### ***Coxiella burnetii*:**

A relatively high amount ( $\sim 10^4$  genome copies/mL) of *C. burnetii* organisms were present in sample # 1325424, which consequently tested positive by all of the 20 participating laboratories. Sample # 1325422, which contained an approximately tenfold lower number of *C. burnetii* target organisms per mL (next to significant amounts of *Bacillus anthracis* DNA), was also tested positive for *C. burnetii* DNA by all of the 20 participants. Similar to the result observed in past

distributions of our external quality assessment schemes, difficulties for the reliable detection of *C. burnetii* DNA may occur sporadically for samples at or below  $10^3$  genome copies per mL. As the two *C. burnetii*-positive samples of the current EQAS scheme carried target numbers above  $\sim 10^4$  genome copies/mL, false-negative results are not observed this time.

Overall, there were no noticeable problems with the current set of QC samples and a good correlation with the expected results was observed.

### ***Bacillus anthracis:***

The results for this newly introduced EQAS scheme are easily discussed. All of the 14 participants correctly reported positive results for both positive samples # 1325422 ( $\sim 5 \times 10^4$  genome copies/mL) and # 1325423 ( $\sim 1 \times 10^4$  genome copies/mL) and also all participants correctly reported negative results for both negative samples # 1325421 (containing *E. coli* and human cells) and # 1325424 (containing  $\sim 10^4$  genome copies of *Coxiella burnetii* in a suspension of human cells).

After this very successful round of external quality assessment, "standardized samples" are now available for colleagues who are interested in obtaining *B. anthracis* DNA positive material for assay validation purposes. Requests for backup samples should be addressed to the EQAS coordinator (Prof. Reischl).

### **RV 543: *Francisella tularensis***

General note to our participants: 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 *F. tularensis* DNA 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. 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.

The current set of QC samples contained only three positive samples: a high amount of *Francisella tularensis holarctica* ( $\sim 1 \times 10^6$  CFU/mL) was present in sample # 1325431, and an approximately tenfold lower amount ( $\sim 1 \times 10^5$  CFU/mL) was present in sample # 1325433. Sample # 1325434 contained approximately  $1 \times 10^5$  CFU/mL of a *Francisella tularensis* spp. *novicida* strain.

Similar to QC samples from past ring trials, the positive sample # 1325431 ( $\sim 1 \times 10^6$  CFU/mL of *Francisella tularensis holarctica*) was correctly tested positive by all of the 15 participating laboratories. As no false-positive result was observed for the "negative" sample # 1325432 (which was positioned in direct sequence after the relatively strong positive sample # 1325431 within the set of 4), it seems that the participating laboratories have implemented functional precautions to prevent deleterious contamination events.

Also the 10-fold weaker positive sample # 1325433 ( $\sim 1 \times 10^5$  CFU/mL of *Francisella tularensis holarctica*) was reliably detected by all participants with their specific PCR test systems.

As the third positive sample within the current EQAS distribution, sample # 1325434 contained about  $10^5$  CFU/mL of *Francisella tularensis* spp. *novicida*. These target organisms were reliably detected by 14 of the 15 participants, whereas a negative result for this particular *F. tularensis* subspecies was only observed by one participant indicating the use of an *in-house* PCR assay concept.

This result should not necessarily be considered as false-negative. In the current trial, we used, for the first time, DNA from the closely related "fourth" subspecies *F. tularensis novicida*. Strains of this subspecies have been rarely described to cause symptomatic infection in humans, but even lethal disease in immune-compromised patients has been documented. But this pathogen does not cause the typical clinical picture of tularemia in immune-competent individuals. Humans infected with *F. tularensis* spp. *novicida* do not raise anti-*F. tularensis* LPS (*holarctica*, *tularensis*, *mediasiatica*) antibodies and thus commercially available serological assays show negative results. The taxonomy of the genus *Francisella* changed significantly over the last three years, the genus also comprises the pathogenic species *F. philomiragia* and *F. hispaniensis*. In the field of veterinary medicine there are two additional relevant species belonging to the genus *Francisella*.

At least one of the assays used by several participants will detect all of these species and subspecies. Depending on the clinical question, this property might be beneficial or adverse when interpreting the test result. We included this subspecies in the current trial in order to highlight this special difficulty in tularemia diagnostics. As of late, complete genome sequences of all relevant *Francisella* species and subspecies are accessible in public data bases (e.g. NCBI), allowing to check the sensitivity and specificity of all primers and probes used in *in-house* assays.

Due to the fact that a specific detection of *F. tularensis* spp. *tularensis* (Jellison type A) is of special concern for clinical and public health issues, we plan to include DNA from this subspecies in the near future. This would allow the participants to test their assays in terms of sensitivity or specificity detecting different *F. tularensis* subspecies.

Till then, any positive NAT result should be critically revisited and subtyping of the positive sample should be considered.

Overall, these results corroborate the lower limits of detection observed in our previous EQAS distributions. Although the number of participating laboratories is still not very high, the results of the present distribution indicate that the lower limit of detection is about or slightly below  $10^4$  organisms/mL when using currently employed and well evaluated PCR/NAT-based assay concepts for the detection of *F. tularensis* DNA.

### **RV 560: *Pneumocystis jirovecii***

General note to our participants: 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 *P. jirovecii* DNA 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. 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.

The current set of QC samples contained two positive samples. A relatively high amount of *Pneumocystis jirovecii* ( $\sim 3 \times 10^5$  genome copies/mL) was present in sample # 1325601 and an approximately tenfold lower amount of *Pneumocystis jirovecii* ( $\sim 9 \times 10^4$  genome copies/mL) was present in sample # 1325603. The set was completed by sample # 1325602 and sample # 1325604, which contained only human cells and a considerable amount of *E. coli* organisms.

Fortunately, the promising results observed in the two previous rounds of our external quality assessment scheme *Pneumocystis jirovecii* DNA could be confirmed in the current distribution. Samples # 1325601, which contained a relatively high amount of *P. jirovecii* target organisms ( $\sim 3 \times 10^5$  genome copies per mL) and # 1325603 which contained a slightly lower amount of *P. jirovecii*, were reported "positive" by all but one of the 59 participating laboratories.

One laboratory reported a false-negative result for sample # 1325601 but concurrently observed a correct positive result with the second positive sample # 1325603. Although this could be due to a sporadic loss of template DNA during some pre-analytical sample preparation procedures or other "simple" reasons, observation of false-negative results should give reason to check the diagnostic workflow, consider improving the sensitivity and/or checking the species coverage of the individual assay concept.

No false-positive results were observed for samples # 1325602 and # 1325604, which contained no target organisms but only human cells and *E. coli* cells. To sum up, the results of the present *P. jirovecii* distribution indicate an excellent performance of the currently employed PCR/NAT-based assay concepts as well as laboratory-specific precautions for the prevention of contamination events.

However, the limited number of results (RV 542, RV 543, RV 560), together with an insufficient reporting of the kit manufacturers applied still not allow a serious comparison of commercial tests and the very heterogeneous group of *in house* PCR/NAT assay concepts with regard to analytical sensitivity, analytical specificity, susceptibility to contamination, or simply the "overall performance".

**PCR-/NAT *C. trachomatis* & GO  
 (RV 530) November 2013**



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

	<i>Erwartet / expected</i>		<i>Probenzusammensetzung / Sample composition</i>
1325301	∅ / ++	63	<i>Neisseria gonorrhoeae</i> (~ 1x10 <sup>4</sup> CFU/mL)
1325302	∅ / +	63	<i>Neisseria gonorrhoeae</i> (~ 1x10 <sup>3</sup> CFU/mL)
1325303	++ / ∅	61	<i>Chlamydia trachomatis</i> (~ 5x10 <sup>3</sup> IFU/mL)
1325304	+ / +	62	<i>Chlamydia trachomatis</i> (~ 1x10 <sup>3</sup> IFU/mL) <i>Neisseria gonorrhoeae</i> (~ 1x10 <sup>3</sup> CFU/mL)

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

<i>n = 148</i>	<i>Probennummer (Sample no.)</i>				<i>Inhibition</i>				
	1325301	1325302	1325303	1325304	1325301	1325302	1325303	1325304	
<b>Befund</b> <i>Result</i>									
<b>Positiv CT</b>	0	0	145	16	n.d.	0	0	0	0
<b>Positiv CT &amp; GO</b>	1	0	0	129	nein / no	148	148	148	148
<b>Positiv GO</b>	143	134	0	3	ja / yes	0	0	0	0
<b>Negativ</b>	4	11	3	0					
<b>Fraglich / questionable</b>	0	3	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.*

<b>NAT-Methode</b> [Code] (total number *)	<b>NAT richtig positiv</b> <i>True positive results</i>			<b>NAT richtig negativ</b> <i>True negative results</i>		
	<b>Absolut</b> <i>Absolute</i>	<b>Relativ</b> <i>Relative</i>	<b>%</b>	<b>Absolut</b> <i>Absolute</i>	<b>Relativ</b> <i>Relative</i>	<b>%</b>
GenProbe CT/NG [20] (n = 10)	24	24 / 38 §	63	0	0 / 0	0
LightMix CT/NG [21] (n = 8)	30	30 / 32	94	0	0 / 0	0
Roche COBAS [22] (n = 32)	122	122 / 128	95	0	0 / 0	0
Cepheid Xpert CT/NG [23] (n = 1)	4	4 / 4	100	0	0 / 0	0
BD ProbeTec [24] (n = 19)	74	74 / 75 §	99	0	0 / 0	0
Artus CT [25] (n = 3)	11	11 / 12	92	0	0 / 0	0
Abbott RealTime CT/NG [26] (n = 30)	119	119 / 120	99	0	0 / 0	0
Other commercial tests [27] (n = 38)	145	145 / 152	95	0	0 / 0	0
<i>In house</i> PCR assay [28] (n = 13)	50	50 / 52	96	0	0 / 0	0
Andere / k.A. / other [29] (n = 6)	20	20 / 24	83	0	0 / 0	0

§ Due to reporting questionable results, the number of true results (denominator in the „relative“ column) has been reduced.

\* 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

**Tabelle 4:** Häufigkeit der Mitteilung verschiedener Befunde. Anmerkung: in dieser Tabelle sind nur die Ergebnisse für ***Chlamydia trachomatis*** dargestellt.

Absolute numbers of reported individual results. Note: only the ***C. trachomatis-specific*** results are depicted in this table

n = 147	Probennummer (Sample no.)					Inhibition			
	1325301	1325302	1325303	1325304		1325301	1325302	1325303	1325304
<b>Befund</b> <i>Result</i>									
<b>Positiv</b>	1	0	145	145	n.d.	0	0	0	0
<b>Negativ</b>	146	147	2	2	nein <i>no</i>	147	147	147	147
<b>Fraglich</b> <i>Questionable</i>	0	0	0	0	ja <i>yes</i>	0	0	0	0

**Tabelle 5:** Häufigkeit richtig positiver und richtig negativer NAT-Befunde bei Anwenden verschiedener Methoden. Anmerkung: in dieser Tabelle sind nur die Ergebnisse für ***Chlamydia trachomatis*** dargestellt.

Absolute numbers and relative frequency of reported true positive and true negative results among various NAT methods. Note: only the ***C. trachomatis-specific*** results are depicted in this table.

NAT-Methode ( <b>nur CT</b> ) [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>	%
GenProbe CT/NG [20] (n = 10)	20	20 / 20	100	20	20 / 20	100
LightMix CT/NG [21] (n = 8)	14	14 / 16	88	16	16 / 16	100
Roche COBAS [22] (n = 32)	64	64 / 64	100	64	64 / 64	100
Cepheid Xpert CT/NG [23] (n = 1)	2	2 / 2	100	2	2 / 2	100
BD ProbeTec [24] (n = 19)	38	38 / 38	100	38	38 / 38	100
Artus CT [25] (n = 3)	6	6 / 6	100	6	6 / 6	100
Abbott RealTime CT/NG [26] (n = 30)	60	60 / 60	100	60	60 / 60	100
Other commercial tests [27] (n = 37)	73	73 / 74	99	74	74 / 74	100
In house PCR assay [28] (n = 13)	25	25 / 26	96	25	25 / 26	96
Andere / k.A. / other [29] (n = 6)	12	12 / 12	100	12	12 / 12	100

**Tabelle 6:** Häufigkeit der Mitteilung verschiedener Befunde. Anmerkung: in dieser Tabelle sind nur die Ergebnisse für *Neisseria gonorrhoeae* dargestellt.  
 Absolute numbers of reported individual results. Note: only the *N. gonorrhoeae*-specific results are depicted in this table

n = 144	Probennummer (Sample no.)					Inhibition			
	1325301	1325302	1325303	1325304		1325301	1325302	1325303	1325304
Befund Result									
Positiv	144	134	0	132	n.d.	0	0	0	0
Negativ	0	7	144	12	nein no	144	144	144	144
Fraglich Questionable	0	3	0	0	ja yes	0	0	0	0

**Tabelle 7:** Häufigkeit richtig positiver und richtig negativer NAT-Befunde bei Anwendern verschiedener Methoden. Anmerkung: in dieser Tabelle sind nur die Ergebnisse für *Neisseria gonorrhoeae* dargestellt.  
 Absolute numbers and relative frequency of reported true positive and true negative results among various NAT methods. Note: only the *N. gonorrhoeae*-specific results are depicted in this table.

NAT-Methode ( <b>nur GO</b> ) [Code] (total number *)	NAT richtig positiv True positive results			NAT richtig negativ True negative results		
	Absolut Absolute	Relativ Relative	%	Absolut Absolute	Relativ Relative	%
GenProbe CT/NG [20] (n = 10)	14	14 / 28 §	50	10	10 / 10	100
LightMix CT/NG [21] (n = 8)	24	24 / 24	100	8	8 / 8	100
Roche COBAS [22] (n = 30)	90	90 / 90	100	30	30 / 30	100
Cepheid Xpert CT/NG [23] (n = 1)	3	3 / 3	100	1	1 / 1	100
BD ProbeTec [24] (n = 19)	55	55 / 56 §	98	19	19 / 19	100
Artus CT [25] (n = 3)	8	8 / 9	89	3	3 / 3	100
Abbott RealTime CT/NG [26] (n = 30)	89	89 / 90	99	30	30 / 30	100
Other commercial tests [27] (n = 37)	110	110 / 111	99	37	37 / 37	100
In house PCR assay [28] (n = 13)	38	38 / 39	97	13	13 / 13	100
Andere / k.A. / other [29] (n = 5)	14	14 / 15	93	5	5 / 5	100

§ Due to reporting questionable results, the number of true results (denominator in the „relative“ column) has been reduced.

\* 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

**Comments:** 1) Four of the 148 participants performed only *C. trachomatis* detection, one of the 148 participants performed only *N. gonorrhoeae*-specific assays, whereas the other 143 laboratories detected both species.

**PCR-/NAT *Chlamydia trachomatis***  
**(RV 531) November 2013**



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

	<i>Erwartet / expected</i>		<i>Probenzusammensetzung / Sample composition</i>
1325311	<b>+</b>	<b>61</b>	<i>Chlamydia trachomatis</i> (~ 1x10 <sup>3</sup> IFU/mL)
1325312	<b>∅</b>	<b>62</b>	<i>Escherichia coli</i> K12
1325313	<b>+</b>	<b>61</b>	<i>Chlamydia trachomatis</i> (~ 1x10 <sup>3</sup> IFU/mL)
1325314	<b>++</b>	<b>61</b>	<i>Chlamydia trachomatis</i> (~ 5x10 <sup>3</sup> IFU/mL)

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

<i>n = 102</i>	<i>Probennummer (Sample no.)</i>					<i>Inhibition</i>			
	<b>1325311</b>	<b>1325312</b>	<b>1325313</b>	<b>1325314</b>		<b>1325311</b>	<b>1325312</b>	<b>1325313</b>	<b>1325314</b>
<b>Befund</b> <i>Result</i>									
<b>Positiv</b>	<b>100</b>	<b>3</b>	<b>95</b>	<b>110</b>	n.d.	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Negativ</b>	<b>2</b>	<b>98</b>	<b>6</b>	<b>2</b>	nein <i>no</i>	<b>102</b>	<b>102</b>	<b>102</b>	<b>102</b>
<b>Fraglich</b> <i>Questionable</i>	<b>0</b>	<b>1</b>	<b>1</b>	<b>0</b>	ja <i>yes</i>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

**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.*

<b>NAT-Methode</b> [Code] (total number *)	<b>NAT richtig positiv</b> <i>True positive results</i>			<b>NAT richtig negativ</b> <i>True negative results</i>		
	<b>Absolut</b> <i>Absolute</i>	<b>Relativ</b> <i>Relative</i>	<b>%</b>	<b>Absolut</b> <i>Absolute</i>	<b>Relativ</b> <i>Relative</i>	<b>%</b>
Hain GenoQuick CT [20] (n = 17)	<b>48</b>	48 / 51	<b>94</b>	<b>14</b>	14 / 17	<b>82</b>
TIB Molbiol LightMix CT [21] (n = 1)	<b>2</b>	2 / 3	<b>67</b>	<b>1</b>	1 / 1	<b>100</b>
Roche COBAS CT [22] (n = 26)	<b>76</b>	76 / 78	<b>97</b>	<b>26</b>	26 / 26	<b>100</b>
Cepheid Xpert CT/NG [23] (n = 5)	<b>15</b>	15 / 15	<b>100</b>	<b>5</b>	5 / 5	<b>100</b>
BD ProbeTec [24] (n = 13)	<b>38</b>	38 / 39	<b>97</b>	<b>13</b>	13 / 13	<b>100</b>
Artus CT [25] (n = 11)	<b>33</b>	33 / 33	<b>100</b>	<b>11</b>	11 / 11	<b>100</b>
Abbott CT/NG [26] (n = 4)	<b>10</b>	10 / 12	<b>83</b>	<b>4</b>	4 / 4	<b>100</b>
Other commercial tests [27] (n = 14)	<b>42</b>	42 / 42	<b>100</b>	<b>14</b>	14 / 14	<b>100</b>
<i>In house</i> PCR assay [28] (n = 10)	<b>28</b>	28 / 29 §	<b>97</b>	<b>9</b>	9 / 9 §	<b>100</b>
Andere / k.A. / other [29] (n = 1)	<b>3</b>	3 / 3	<b>100</b>	<b>1</b>	1 / 1	<b>100</b>

§ Due to reporting questionable results, the number of true results (denominator in the „relative“ column) has been reduced.

**PCR-/NAT *Bordetella pertussis*  
 (RV 532) November 2013**



**Tabelle 1: Probenzusammensetzung und erwartetes Ergebnis.**

*Sample composition and expected results.*

	<i>Erwartet / expected</i>		<i>Probenzusammensetzung / Sample composition</i>
1325321	∅	62	<i>Escherichia coli</i> K12
1325322	++	61	<i>Bordetella pertussis</i> (~ 1x10 <sup>4</sup> CFU/mL)
1325323	∅	62	<i>Escherichia coli</i> K12
1325324	∅	62	<i>Bordetella parapertussis</i> (~ 1x10 <sup>4</sup> CFU/mL)

**Tabelle 2: Häufigkeit der Mitteilung verschiedener Befunde.**

*Absolute numbers of reported individual results.*

<i>n = 116</i>	<i>Probennummer (Sample no.)</i>				<i>Inhibition</i>				
	<i>1325321</i>	<i>1325322</i>	<i>1325323</i>	<i>1325324</i>	<i>1325321</i>	<i>1325322</i>	<i>1325323</i>	<i>1325324</i>	
<b>Befund</b> <i>Result</i>									
<b>Positiv</b>	0	115	0	3	n.d.	1	1	1	1
<b>Negativ</b>	116	1	116	113	nein <i>no</i>	115	115	115	115
<b>Fraglich</b> <i>Questionable</i>	0	0	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.*

<b>NAT-Methode</b> [Code] (total number *)	<b>NAT richtig positiv</b> <i>True positive results</i>			<b>NAT richtig negativ</b> <i>True negative results</i>		
	<b>Absolut</b> <i>Absolute</i>	<b>Relativ</b> <i>Relative</i>	<b>%</b>	<b>Absolut</b> <i>Absolute</i>	<b>Relativ</b> <i>Relative</i>	<b>%</b>
TIB Molbiol LightMix BP [20] (n = 12)	12	12 / 12	100	36	36 / 36	100
Diagenode <i>B.pertussis</i> [21] (n = 8)	8	8 / 8	100	24	24 / 24	100
GenoQuick <i>Bordetella</i> [22] (n = 7)	7	7 / 7	100	21	21 / 21	100
Other commercial tests [27] (n = 37)	37	37 / 37	100	109	109 / 111	98
<i>In house</i> PCR assay [28] (n = 52)	51	51 / 52	98	155	155 / 156	99
Andere / k.A. / other [29] (n = 1)	1	1 / 1	100	3	3 / 3	100

\* 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*

**PCR-/NAT *Helicobacter pylori***  
**(RV 533) November 2013**



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

	<i>Erwartet / expected</i>		<i>Probenzusammensetzung / Sample composition</i>
1325331	∅	62	<i>Escherichia coli</i> K12
1325332	+++	61/72	<i>Helicobacter pylori</i> (~ 1x10 <sup>6</sup> CFU/mL) Clarithromycin susceptible (wildtype 23S rDNA sequence)
1325333	++	61/72	<i>Helicobacter pylori</i> (~ 1x10 <sup>5</sup> CFU/mL) Clarithromycin susceptible (wildtype 23S rDNA sequence)
1325334	+	61/72	<i>Helicobacter pylori</i> (~ 1x10 <sup>4</sup> CFU/mL) Clarithromycin susceptible (wildtype 23S rDNA sequence)

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

<i>n = 35</i>	<i>Probennummer (Sample no.)</i>				<i>Inhibition</i>				
	1325331	1325332	1325333	1325334	1325331	1325332	1325333	1325334	
<b>Befund</b> <i>Result</i>									
<b>Positiv</b>	0	35 <sup>1)</sup>	35 <sup>1)</sup>	35 <sup>1)</sup>	n.d.	0	0	0	0
<b>Negativ</b>	35	0	0	0	nein <i>no</i>	35	35	35	35
<b>Fraglich</b> <i>Questionable</i>	0	0	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.*

<b>NAT-Methode</b> [Code] (total number *)	<b>NAT richtig positiv</b> <i>True positive results</i>			<b>NAT richtig negativ</b> <i>True negative results</i>		
	<b>Absolut</b> <i>Absolute</i>	<b>Relativ</b> <i>Relative</i>	<b>%</b>	<b>Absolut</b> <i>Absolute</i>	<b>Relativ</b> <i>Relative</i>	<b>%</b>
Hain GenoType Helico [25] (n = 12)	36	36 / 36	100	12	12 / 12	100
Ingenetix ClariRes [26] (n = 3)	9	9 / 9	100	3	3 / 3	100
Commercial assay [27] (n = 5)	15	15 / 15	100	5	5 / 5	100
<i>In house</i> PCR assay [28] (n = 16)	48	48 / 48	100	16	16 / 16	100
Andere / k.A. / other [29] (n = 1)	3	3 / 3	100	1	1 / 1	100

**Comments:** <sup>1)</sup> Twenty nine of the 35 participants reported results for molecular Clarithromycin-susceptibility testing. With the exception of 1 laboratory, all reported results were correct.

**PCR-/NAT EHEC / STEC  
 (RV 534) November 2013**



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

	<i>Erwartet / expected</i>		<i>Probenzusammensetzung / Sample composition</i>
1325341	+++	61 / 71,77,78	EHEC (~1x10 <sup>5</sup> CFU/mL) ( <i>stx-1</i> , <i>eae</i> , <i>hlyA</i> and O157 positive)
1325342	++	61 / 71,72,77,78	EHEC (~1x10 <sup>4</sup> CFU/mL) ( <i>stx-1</i> , <i>stx-2</i> , <i>eae</i> , <i>hlyA</i> and O157 positive)
1325343	+++	61 / 72,76,77	EHEC (~1x10 <sup>5</sup> CFU/mL) ( <i>stx-2f</i> and <i>eae</i> positive)
1325344	∅	62	<i>Escherichia coli</i> K12 (negative for <i>eae</i> and <i>hlyA</i> )

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

<i>n</i> = 104	Probennummer (Sample no.)				Inhibition				
Befund <i>Result</i>	1325341	1325342	1325343	1325344	1325341	1325342	1325343	1325344	
Positiv	101 <sup>1)</sup>	98 <sup>1)</sup>	25 <sup>1)</sup>	2	n.d.	1	1	1	1
Negativ	3	6	79 <sup>2)</sup>	102	nein <i>no</i>	103	103	103	103
Fraglich <i>Questionable</i>	0	0	0	0	ja <i>yes</i>	0	0	0	0

**Tabelle 3: Häufigkeit richtig positiver und richtig negativer NAT-Befunde bei Anwenden 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>	%
Hain GenoType EHEC [20] (n = 24)	47	47 / 72	65	24	24 / 24	100
Hyplex EHEC [21] (n = 5)	10	10 / 15	67	5	5 / 5	100
r-Biopharm RIDAGENE [22] (n = 14)	36	36 / 42	86	13	13 / 14	93
Other commercial tests [27] (n = 9)	21	21 / 27	78	9	9 / 9	100
In house PCR assay [28] (n = 51)	110	110 / 153	72	50	50 / 51	98
Andere/ k.A. / other [29] (n = 3)	4	4 / 9	44	3	3 / 3	100

**Comments:** <sup>1)</sup> Partial or complete shiga-toxin subtyping, *eae*-, and *hlyA*-detection was performed by 95 laboratories. With the exception of 5 laboratories, all reported results were correct.

<sup>2)</sup> As the clinical relevance of shiga toxin 2f positive EHEC is not proven yet, negative PCR results were not rated as "false negative".

**PCR-/NAT *Borrelia burgdorferi*  
 (RV 535) November 2013**



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

	<i>Erwartet / expected</i>		<i>Probenzusammensetzung / Sample composition</i>
1325351	<b>(++)</b>	<b>61</b>	<i>Borrelia bissetii</i> (~1x10 <sup>4</sup> organisms/mL)
1325352	<b>∅</b>	<b>62</b>	<i>Escherichia coli</i> K12 (negative for <i>eae</i> and <i>hlyA</i> )
1325353	<b>++</b>	<b>61</b>	<i>Borrelia spielmanii</i> (~1x10 <sup>4</sup> organisms/mL)
1325354	<b>++</b>	<b>61</b>	<i>Borrelia afzelii</i> (~1x10 <sup>4</sup> organisms/mL)

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

<i>n = 96</i>	<i>Probennummer (Sample no.)</i>					<i>Inhibition</i>			
	<b>1325351</b>	<b>1325352</b>	<b>1325353</b>	<b>1325354</b>		<b>1325351</b>	<b>1325352</b>	<b>1325353</b>	<b>1325354</b>
<b>Befund</b> <i>Result</i>									
<b>Positiv</b>	<b>87</b>	<b>1</b>	<b>92</b>	<b>91</b>	n.d.	<b>1</b>	<b>1</b>	<b>1</b>	<b>1</b>
<b>Negativ</b>	<b>7<sup>1)</sup></b>	<b>95</b>	<b>4</b>	<b>5</b>	nein <i>no</i>	<b>95</b>	<b>95</b>	<b>95</b>	<b>95</b>
<b>Fraglich</b> <i>Questionable</i>	<b>2<sup>1)</sup></b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	ja <i>yes</i>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

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

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

<b>NAT-Methode</b> [Code] (total number *)	<b>NAT richtig positiv</b> <i>True positive results</i>			<b>NAT richtig negativ</b> <i>True negative results</i>		
	<b>Absolut</b> <i>Absolute</i>	<b>Relativ</b> <i>Relative</i>	<b>%</b>	<b>Absolut</b> <i>Absolute</i>	<b>Relativ</b> <i>Relative</i>	<b>%</b>
artus <i>Borrelia</i> LC Kit [20] (n = 21)	<b>60</b>	60 / 63	<b>95</b>	<b>20</b>	20 / 21	<b>95</b>
Demeditec GenFlow [21] (n = 5)	<b>15</b>	15 / 15	<b>100</b>	<b>5</b>	5 / 5	<b>100</b>
LightMix <i>Borrelia</i> [22] (n = 4)	<b>12</b>	12 / 12	<b>100</b>	<b>4</b>	4 / 4	<b>100</b>
Other/commercial tests [27] (n = 13)	<b>36</b>	36 / 38 <sup>§</sup>	<b>95</b>	<b>13</b>	13 / 13	<b>100</b>
<i>In house</i> PCR assay [28] (n = 53)	<b>147</b>	147/158 <sup>§</sup>	<b>93</b>	<b>53</b>	53 / 53	<b>100</b>

<sup>§</sup> Due to reporting questionable results, the number of true results (denominator in the „relative“ column) has been reduced.

**Comments:** <sup>1)</sup> As sample #1325351 contained a very rare *Borrelia* isolate (*B. bissetti*), negative PCR results were not rated as “false negative”.

**PCR-/NAT *Legionella pneumophila*  
 (RV 536) November 2013**



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

	<i>Erwartet / expected</i>		<i>Probenzusammensetzung / Sample composition</i>
1325361	+++	61	<i>Legionella pneumophila</i> SG3 (~ 1x10 <sup>6</sup> CFU/mL)
1325362	+	61	<i>Legionella pneumophila</i> SG3 (~ 1x10 <sup>4</sup> CFU/mL)
1325363	Ø	62	<i>Chlamydia pneumoniae</i> (~ 1x10 <sup>6</sup> IFU/mL)
1325364	Ø	62	<i>Escherichia coli</i> K12

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

<i>n = 84</i>	<i>Probennummer (Sample no.)</i>					<i>Inhibition</i>			
	1325361	1325362	1325363	1325364		1325361	1325362	1325363	1325364
<b>Befund</b> <i>Result</i>									
<b>Positiv</b>	84	78	0	1	n.d.	0	0	0	0
<b>Negativ</b>	0	6	84	83	nein <i>no</i>	84	84	84	84
<b>Fraglich</b> <i>Questionable</i>	0	0	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.*

<b>NAT-Methode</b> [Code] (total number *)	<b>NAT richtig positiv</b> <i>True positive results</i>			<b>NAT richtig negativ</b> <i>True negative results</i>		
	<b>Absolut</b> <i>Absolute</i>	<b>Relativ</b> <i>Relative</i>	<b>%</b>	<b>Absolut</b> <i>Absolute</i>	<b>Relativ</b> <i>Relative</i>	<b>%</b>
LightMix <i>Legionella</i> [25] (n = 7)	14	14 / 14	100	14	14 / 14	100
GeneProof <i>L.pneumophila</i> [26] (n = 5)	10	10 / 10	100	10	10 / 10	100
Other commercial tests [27] (n= 27)	51	51 / 54	94	53	53 / 54	98
<i>In house</i> PCR assay [28] (n= 45)	88	88 / 90	97	90	90 / 90	100
Andere / k.A. / other [29] (n= 2)	3	3 / 4	75	4	4 / 4	100

\* 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.*

**PCR-/NAT *Salmonella enterica*  
 (RV 537) November 2013**



**Tabelle 1: Probenzusammensetzung und erwartetes Ergebnis.**

*Sample composition and expected results.*

	<i>Erwartet / expected</i>		<i>Probenzusammensetzung / Sample composition</i>
1325371	+++	61	<i>S. enterica</i> ser. Typhi (~ 1x10 <sup>6</sup> CFU/mL)
1325372	∅	62	<i>Escherichia coli</i> K12
1325373	+	61	<i>S. enterica</i> ser. Typhi (~ 1x10 <sup>4</sup> CFU/mL)
1325374	++	61	<i>S. enterica</i> ser. Typhi (~ 1x10 <sup>5</sup> CFU/mL)

**Tabelle 2: Häufigkeit der Mitteilung verschiedener Befunde.**

*Absolute numbers of reported individual results.*

<i>n = 11</i>	<i>Probennummer (Sample no.)</i>				<i>Inhibition</i>				
<i>Befund Result</i>	1325371	1325372	1325373	1325374	1325371	1325372	1325373	1325374	
<b>Positiv</b>	11	0	10	10	n.d.	0	0	0	0
<b>Negativ</b>	0	11	1	1	nein <i>no</i>	11	11	11	11
<b>Fraglich <i>Questionable</i></b>	0	0	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.*

<b>NAT-Methode</b> [Code] (total number *)	<b>NAT richtig positiv</b> <i>True positive results</i>			<b>NAT richtig negativ</b> <i>True negative results</i>		
	<b>Absolut</b> <i>Absolute</i>	<b>Relativ</b> <i>Relative</i>	<b>%</b>	<b>Absolut</b> <i>Absolute</i>	<b>Relativ</b> <i>Relative</i>	<b>%</b>
Foodproof <i>Salmonella</i> kit [21] (n = 1)	3	3 / 3	100	1	1 / 1	100
Other commercial tests [27] (n = 2)	6	6 / 6	100	2	2 / 2	100
<i>In house</i> PCR assay [28] (n = 8)	22	22 / 24	92	8	8 / 8	100
Andere / k.A. / other [29] (n= 1)	3	3 / 3	100	1	1 / 1	100

**PCR-/NAT *Listeria* spp.  
 (RV 538) November 2013**



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

	<i>Erwartet / expected</i>		<i>Probenzusammensetzung / Sample composition</i>
1325381	++	61 / 71	<i>Listeria monocytogenes</i> (~ 1x10 <sup>5</sup> CFU/mL)
1325382	+	61 / 71	<i>Listeria monocytogenes</i> (~ 1x10 <sup>4</sup> CFU/mL)
1325383	(+)	61 / 71	<i>Listeria monocytogenes</i> (~ 1x10 <sup>3</sup> CFU/mL)
1325384	∅	62	<i>Escherichia coli</i> K12

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

<i>n</i> = 25	Probennummer (Sample no.)				Inhibition				
Befund <i>Result</i>	1325381	1325382	1325383	1325384	1325381	1325382	1325383	1325384	
Positiv	23	23	23	1	n.d.	0	0	0	0
Negativ	2	2	2 <sup>1)</sup>	24	nein <i>no</i>	25	25	25	25
Fraglich <i>Questionable</i>	0	0	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>	%
TIB Molbiol LightMix LM [21] (n = 2)	6	6 / 6	100	2	2 / 2	100
Ingenetix BactoReal LM [22] (n = 2)	6	6 / 6	100	2	2 / 2	100
Other commercial tests [27] (n = 3)	6	6 / 9	67	3	3 / 3	100
<i>In house</i> PCR assay [28] (n = 18)	51	51 / 54	94	17	17 / 18	94

**Comments:** <sup>1)</sup> As sample #1325383 contained a low number of *Listeria monocytogenes* target organisms, negative PCR results were not rated "false negative", but the participants may consider to improve the analytical sensitivity of corresponding PCR assays.

**PCR-NAT MRSA / cMRSA  
 (RV 539) November 2013**



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

	<i>Erwartet / expected</i>		<i>Probenzusammensetzung / Sample composition</i>
1325391	∅	62 / 72,76	MSSA + CoNS ( <i>S. aureus</i> , CoNS, <i>oxa</i> <sup>R</sup> , PVL-neg) (~ 1x10 <sup>4</sup> CFU/mL)
1325392	++	61 / 72	MRSA ( <i>S. aureus</i> , <i>oxa</i> <sup>R</sup> , PVL-neg) (~ 1x10 <sup>3</sup> CFU/mL)
1325393	+++	61 / 71,72	cMRSA ( <i>S. aureus</i> , <i>oxa</i> <sup>R</sup> , PVL-pos, <i>spa</i> :t 310) (~ 1x10 <sup>4</sup> CFU/mL)
1325394	∅	62	<i>Escherichia coli</i> K12

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

<i>n = 241</i>	<i>Probennummer (Sample no.)</i>					<i>Inhibition</i>			
	<i>1325391</i>	<i>1325392</i>	<i>1325393</i>	<i>1325394</i>		<i>1325391</i>	<i>1325392</i>	<i>1325393</i>	<i>1325394</i>
<i>Befund Result</i>									
<b>Positiv</b>	16	237	241 <sup>1)</sup>	1	n.d.	2	2	2	2
<b>Negativ</b>	214	4	0	240	nein no	239	239	239	239
<b>Fraglich Questionable</b>	11 <sup>2)</sup>	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.*

<b>NAT-Methode</b> [Code] (total number *)	<b>NAT richtig positiv</b> <i>True positive results</i>			<b>NAT richtig negativ</b> <i>True negative results</i>		
	<i>Absolut Absolute</i>	<i>Relativ Relative</i>	<i>%</i>	<i>Absolut Absolute</i>	<i>Relativ Relative</i>	<i>%</i>
BD GeneOhm MRSA [20] (n=20)	40	40 / 40	100	40	40 / 40	100
GT MRSA Direct / GQ MRSA [21] (n=30)	60	60 / 60	100	58	58 / 60	97
Hyplex <i>StaphyloResist</i> [22] (n=4)	8	8 / 8	100	4	4 / 5 <sup>§</sup>	80
LightCycler Kits [23] (n=1)	2	2 / 2	100	1	1 / 1 <sup>§</sup>	100
Cepheid Xpert / GeneXpert [24] (n=82)	164	164 / 164	100	161	161 / 161 <sup>§</sup>	100
LC MRSA Advanced (Roche) [25] (n=31)	62	62 / 62	100	61	61 / 61 <sup>§</sup>	100
TIB Molbiol LightMix MRSA [26] (n=1)	2	2 / 2	100	2	2 / 2	100
Commercial assay kit [27] (n=35)	69	69 / 70	99	66	66 / 69 <sup>§</sup>	96
<i>In house</i> PCR assay [28] (n=36)	70	70 / 72	97	58	58 / 68 <sup>§</sup>	85
Andere / k.A. / other [29] (n=16)	31	31 / 32	97	31	31 / 32	97

### Legende zu Tabelle 3:

\* **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.*

§ Due to reporting questionable results, the number of true results (denominator in the „relative“ column) has been reduced.

**Comments:** <sup>1)</sup> A dedicated cMRSA identification (*lukFS* gene detection) was performed by 57 laboratories, but obviously only positive results (if observed) were reported. All reported results for cMRSA were correct.

<sup>2)</sup> Bei Teilnehmern, die die Verwendung eines Testsystems aufgeführt haben, das auf einer getrennten Erfassung von *S. aureus*-spezifischen Markern und dem *mecA* Gen beruht, wurden die als "fraglich" klassifizierten Ergebnisse bei der Erteilung der Zertifikate als "richtig" bewertet.

*For participants who indicated the use of assay concepts for the independent detection of the *mecA* gene and a *S. aureus* species marker gene, "questionable" results were accepted in the course of issuing the official QC certificates.*

**PCR-/NAT *Chlamydia pneumoniae*  
 (RV 540) November 2013**



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

	<i>Erwartet / expected</i>		<i>Probenzusammensetzung / Sample composition</i>
1325401	<b>+</b>	<b>61</b>	<i>Chlamydia pneumoniae</i> (~ 1x10 <sup>4</sup> IFU/mL)
1325402	<b>∅</b>	<b>62</b>	<i>Mycoplasma pneumoniae</i> (~ 10 <sup>5</sup> genome copies/mL)
1325403	<b>∅</b>	<b>62</b>	<i>Escherichia coli</i> K12
1325404	<b>++</b>	<b>61</b>	<i>Chlamydia pneumoniae</i> (~ 1x10 <sup>5</sup> IFU/mL)

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

<i>n = 94</i>	<i>Probennummer (Sample no.)</i>				<i>Inhibition</i>				
<i>Befund Result</i>	<b>1325401</b>	<b>1325402</b>	<b>1325403</b>	<b>1325404</b>	<b>1325401</b>	<b>1325402</b>	<b>1325403</b>	<b>1325404</b>	
<b>Positiv</b>	<b>94</b>	<b>1</b>	<b>1</b>	<b>93</b>	n.d.	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Negativ</b>	<b>0</b>	<b>93</b>	<b>93</b>	<b>1</b>	nein <i>no</i>	<b>94</b>	<b>94</b>	<b>94</b>	<b>94</b>
<b>Fraglich Questionable</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	ja <i>yes</i>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

**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.*

<b>NAT-Methode</b> [Code] (total number *)	<b>NAT richtig positiv</b> <i>True positive results</i>			<b>NAT richtig negativ</b> <i>True negative results</i>		
	<b>Absolut</b> <i>Absolute</i>	<b>Relativ</b> <i>Relative</i>	<b>%</b>	<b>Absolut</b> <i>Absolute</i>	<b>Relativ</b> <i>Relative</i>	<b>%</b>
TIB Molbiol LightMix CP [21] (n = 12)	<b>23</b>	23 / 24	<b>96</b>	<b>23</b>	23 / 24	<b>96</b>
Diagenode MP/CP [22] (n = 6)	<b>12</b>	12 / 12	<b>100</b>	<b>11</b>	11 / 12	<b>92</b>
AmpliGnost CP PCR Kit [23] (n = 2)	<b>4</b>	4 / 4	<b>100</b>	<b>4</b>	4 / 4	<b>100</b>
Other commercial tests [27] (n = 32)	<b>64</b>	64 / 64	<b>100</b>	<b>64</b>	64 / 64	<b>100</b>
<i>In house</i> PCR assay [28] (n = 43)	<b>86</b>	86 / 86	<b>100</b>	<b>86</b>	86 / 86	<b>100</b>

\* 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.

**PCR-/NAT *Mycoplasma pneumoniae***  
**(RV 541) November 2013**



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

	<i>Erwartet / expected</i>		<i>Probenzusammensetzung / Sample composition</i>
1325411	∅	62	<i>Mycoplasma genitalium</i> (~ 10 <sup>4</sup> genome copies/mL)
1325412	++	61	<i>Mycoplasma pneumoniae</i> (~ 10 <sup>5</sup> genome copies/mL)
1325413	+	61	<i>Mycoplasma pneumoniae</i> (~ 10 <sup>4</sup> genome copies/mL)
1325414	∅	62	<i>Mycoplasma genitalium</i> (~ 10 <sup>5</sup> genome copies/mL)

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

<i>n = 104</i>	<i>Probennummer (Sample no.)</i>				<i>Inhibition</i>					
<i>Befund Result</i>	1325411	1325412	1325413	1325414	1325411	1325412	1325413	1325414		
<b>Positiv</b>	4	103	94	4	n.d.	0	0	0	0	
<b>Negativ</b>	100	1	10	100	nein <i>no</i>	104	104	104	104	
<b>Fraglich</b> <i>Questionable</i>	0	0	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.*

<b>NAT-Methode</b> [Code] (total number *)	<b>NAT richtig positiv</b> <i>True positive results</i>			<b>NAT richtig negativ</b> <i>True negative results</i>		
	<b>Absolut</b> <i>Absolute</i>	<b>Relativ</b> <i>Relative</i>	<b>%</b>	<b>Absolut</b> <i>Absolute</i>	<b>Relativ</b> <i>Relative</i>	<b>%</b>
LightMix <i>M.pneumoniae</i> [20] (n =10)	19	19 / 20	95	20	20 / 20	100
Minerva Venor Mp [22] (n = 1)	2	2 / 2	100	2	2 / 2	100
AmpliGnost MP PCR Kit [23] (n = 1)	2	2 / 2	100	2	2 / 2	100
Diagenode MP/CP [24] (n = 6)	12	12 / 12	100	12	12 / 12	100
Commercial assay / kit [27] (n = 34)	64	64 / 68	94	66	66 / 68	97
<i>In house</i> PCR assay [28] (n = 52)	99	99 / 104	95	98	98 / 104	94
Andere / k.A. / other [29] (n = 1)	1	1 / 2	50	2	2 / 2	100

\* 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.*

**PCR-/NAT *C. burnetii* & *B. anthracis*  
 (RV 542) November 2013**



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

	<i>Erwartet / expected</i>		<i>Probenzusammensetzung / Sample composition</i>
1325421	∅ / ∅	64	<i>Escherichia coli</i> K12
1325422	+ / ++	62	<i>Coxiella burnetii</i> (~ 1x10 <sup>3</sup> genome copies/mL) <i>Bacillus anthracis</i> (~ 5x10 <sup>4</sup> genome copies/mL)
1325423	∅ / +	63	<i>Bacillus anthracis</i> (~ 1x10 <sup>4</sup> genome copies/mL)
1325424	++ / ∅	61	<i>Coxiella burnetii</i> (~ 1x10 <sup>4</sup> genome copies/mL)

**Tabelle 2: Häufigkeit der Mitteilung verschiedener Befunde. Anmerkung: in dieser Tabelle sind nur die Ergebnisse für *Coxiella burnetii* dargestellt.**

*Absolute numbers of reported individual results.*

*Note: only the **C. burnetii-specific results** are depicted in this table*

<i>n = 20</i>	<i>Probennummer (Sample no.)</i>					<i>Inhibition</i>			
	1325421	1325422	1325423	1325424		1325421	1325422	1325423	1325424
<i>Befund Result</i>									
<b>Positiv</b>	0	20	0	20	n.d.	0	0	0	0
<b>Negativ</b>	20	0	20	0	nein no	20	20	20	20
<b>Fraglich Questionable</b>	0	0	0	0	ja yes	0	0	0	0

**Tabelle 3: Häufigkeit richtig positiver und richtig negativer NAT-Befunde bei Anwendern verschiedener Methoden. Anmerkung: in dieser Tabelle sind nur die Ergebnisse für *Coxiella burnetii* dargestellt.**

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

*Note: only the **C. burnetii-specific results** are depicted in this table.*

<b>NAT-Methode</b> [Code] (total number *)	<b>NAT richtig positiv</b> <i>True positive results</i>			<b>NAT richtig negativ</b> <i>True negative results</i>		
	<b>Absolut</b> <i>Absolute</i>	<b>Relativ</b> <i>Relative</i>	<b>%</b>	<b>Absolut</b> <i>Absolute</i>	<b>Relativ</b> <i>Relative</i>	<b>%</b>
LightMix <i>C. burnetii</i> [20] (n = 2)	4	4 / 4	100	4	4 / 4	100
<i>In house</i> PCR assay [28] (n = 17)	34	34 / 34	100	34	34 / 34	100
Andere / k.A. / other [29] (n = 1)	2	2 / 2	100	2	2 / 2	100

**Tabelle 4: Häufigkeit der Mitteilung verschiedener Befunde. Anmerkung: in dieser Tabelle sind nur die Ergebnisse für *Bacillus anthracis* dargestellt.**

*Absolute numbers of reported individual results.*

*Note: only the **B. anthracis-specific results** are depicted in this table*

<b>n = 14</b>	<b>Probennummer (Sample no.)</b>					<b>Inhibition</b>			
	<b>1325421</b>	<b>1325422</b>	<b>1325423</b>	<b>1325424</b>		<b>1325421</b>	<b>1325422</b>	<b>1325423</b>	<b>1325424</b>
<b>Befund</b> <i>Result</i>									
<b>Positiv</b>	<b>0</b>	<b>14</b>	<b>14</b>	<b>0</b>	n.d.	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>
<b>Negativ</b>	<b>14</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>14</b>	nein <i>no</i>	<b>14</b>	<b>14</b>	<b>14</b>	<b>14</b>
<b>Fraglich</b> <i>Questionable</i>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	ja <i>yes</i>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>

**Tabelle 5: Häufigkeit richtig positiver und richtig negativer NAT-Befunde bei Anwendern verschiedener Methoden. Anmerkung: in dieser Tabelle sind nur die Ergebnisse für *Bacillus anthracis* dargestellt.**

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

*Note: only the **B. anthracis-specific results** are depicted in this table.*

<b>NAT-Methode</b> [Code] (total number *)	<b>NAT richtig positiv</b> <i>True positive results</i>			<b>NAT richtig negativ</b> <i>True negative results</i>		
	<b>Absolut</b> <i>Absolute</i>	<b>Relativ</b> <i>Relative</i>	<b>%</b>	<b>Absolut</b> <i>Absolute</i>	<b>Relativ</b> <i>Relative</i>	<b>%</b>
<b>LightMix <i>B. anthracis</i> [21] (n = 3)</b>	<b>6</b>	6 / 6	<b>100</b>	<b>6</b>	6 / 6	<b>100</b>
<b>In house PCR assay [28] (n = 10)</b>	<b>20</b>	20 / 20	<b>100</b>	<b>20</b>	20 / 20	<b>100</b>
<b>Andere / k.A. / other [29] (n = 1)</b>	<b>2</b>	2 / 2	<b>100</b>	<b>2</b>	2 / 2	<b>100</b>

**Comments:** <sup>1)</sup> Nine of the 23 participants performed only a *Coxiella burnetii* detection, three of the 23 participants performed only *Bacillus anthracis*-specific assays, whereas the other eleven laboratories detected both species.

**PCR-/NAT *Francisella tularensis*  
 (RV 543) November 2013**



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

	<i>Erwartet / expected</i>		<i>Probenzusammensetzung / Sample composition</i>
1325431	+++	61	<i>Francisella tularensis holarctica</i> (~ 1x10 <sup>6</sup> CFU/mL)
1325432	∅	62	<i>Escherichia coli</i> K12
1325433	++	61	<i>Francisella tularensis holarctica</i> (~ 1x10 <sup>5</sup> CFU/mL)
1325434	++/ ∅*	61	<i>Francisella tularensis novicida</i> (~ 1x10 <sup>5</sup> CFU/mL)

\* siehe Ergebnisdiskussion / see Discussion section

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

<i>n = 15</i>	<i>Probennummer (Sample no.)</i>					<i>Inhibition</i>			
	1325431	1325432	1325433	1325434		1325431	1325432	1325433	1325434
<b>Befund</b> <i>Result</i>									
<b>Positiv</b>	15	0	15	14	n.d.	0	0	0	0
<b>Negativ</b>	0	15	0	1*	nein <i>no</i>	15	15	15	15
<b>Fraglich</b> <i>Questionable</i>	0	0	0	0	ja <i>yes</i>	0	0	0	0

\* siehe Ergebnisdiskussion / see Discussion section

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

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

<b>NAT-Methode</b> [Code] (total number *)	<b>NAT richtig positiv</b> <i>True positive results</i>			<b>NAT richtig negativ</b> <i>True negative results</i>		
	<b>Absolut</b> <i>Absolute</i>	<b>Relativ</b> <i>Relative</i>	<b>%</b>	<b>Absolut</b> <i>Absolute</i>	<b>Relativ</b> <i>Relative</i>	<b>%</b>
<b>LightMix <i>F. tularensis</i> [20] (n = 4)</b>	<b>12</b>	12 / 12	<b>100</b>	<b>4</b>	4 / 4	<b>100</b>
<b>Commercial assay / kit [27] (n = 1)</b>	<b>3</b>	3 / 3	<b>100</b>	<b>1</b>	1 / 1	<b>100</b>
<b>In house PCR assay [28] (n = 12)</b>	<b>35</b>	35 / 36	<b>97</b>	<b>12</b>	12 / 12	<b>100</b>

\* 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.

**PCR-/NAT *Pneumocystis jirovecii*  
 (RV 560) November 2013**



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

	<i>Erwartet / expected</i>		<i>Probenzusammensetzung / Sample composition</i>
1325601	++	61	<i>Pneumocystis jirovecii</i> (~ 3x10 <sup>5</sup> genome copies/mL)
1325602	∅	62	<i>Escherichia coli</i> K12
1325603	+	61	<i>Pneumocystis jirovecii</i> (~ 9x10 <sup>4</sup> genome copies/mL)
1325604	∅	62	<i>Escherichia coli</i> K12

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

<i>n = 59</i>	<i>Probennummer (Sample no.)</i>					<i>Inhibition</i>			
	1325601	1325602	1325603	1325604		1325601	1325602	1325603	1325604
<b>Befund</b> <i>Result</i>									
<b>Positiv</b>	58	0	59	0	n.d.	0	0	0	0
<b>Negativ</b>	1	59	0	59	nein <i>no</i>	59	59	59	59
<b>Fraglich</b> <i>Questionable</i>	0	0	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.*

<b>NAT-Methode</b> [Code] (total number *)	<b>NAT richtig positiv</b> <i>True positive results</i>			<b>NAT richtig negativ</b> <i>True negative results</i>		
	<b>Absolut</b> <i>Absolute</i>	<b>Relativ</b> <i>Relative</i>	<b>%</b>	<b>Absolut</b> <i>Absolute</i>	<b>Relativ</b> <i>Relative</i>	<b>%</b>
Myconostica MycAssay [20] (n =1)	1	1 / 2	50	2	2 / 2	100
TIB Molbiol LightMix PJ [21] (n =7)	14	14 / 14	100	14	14 / 14	100
AmpliGnost PJ PCR Kit [22] (n =5)	10	10 / 10	100	10	10 / 10	100
Sacace PJ RealTM [23] (n =1)	2	2 / 2	100	2	2 / 2	100
Commercial assay / kit [27] (n =11)	22	22 / 22	100	22	22 / 22	100
In house PCR assay [28] (n = 33)	66	66 / 66	100	66	66 / 66	100
Andere / k.A. / other [29] (n = 1)	2	2 / 2	100	2	2 / 2	100