

## Leistungskatalog des Hygiene- und Molekularlabors (pdf-Dokument)

[Urkunde](#) und [Anlage zur Urkunde](#) als pdf-Dokumente Durch die Deutsche Akkreditierungsstelle GmbH nach DIN EN ISO/IEC 17025 akkreditiertes Prüflaboratorium. Die Akkreditierung gilt für die in der Urkunde aufgeführten Prüfverfahren.

- Genotypisierungen ... [mehr](#)
- Identifizierung von Antibiotikaresistenzgenen ... [mehr](#)
- Bakterienidentifizierung ... [mehr](#)
- Resistenztestung gegenüber Antibiotika u.a. Naturstoffen ... [mehr](#)
- Prüfung auf Sterilität ... [mehr](#)
- Stammsammlung ... [mehr](#)
- Angewandte Methoden ... [mehr](#)

### Genotypisierungen

Staphylococcus aureus (PFGE, spa, MLST/SBT, Arraymate microarrays), Enterococcus faecium (PFGE, MLVA, MLST/SBT), Escherichia coli (AFLP), Klebsiella spp. (AFLP), Enterobacter spp. (AFLP), Serratia marcescens (AFLP), Pseudomonas aeruginosa (AFLP, MLVA, MLST/STB), Stenotrophomonas maltophilia (AFLP, MLST/STB), Acinetobacter spp. (AFLP), Legionella pneumophila. (PFGE, AFLP, MLST/SBT)

(PFGE: Pulsfeld-Gelelektrophorese; spa: Staphylococcal Protein A Typing; AFLP: Amplified Fragment Length Polymorphism; MLVA: Multiple Locus Variant Number of Tandem Repeat Analysis, MLST: Multi Locus Sequence Typing; SBT: Sequence based Typing)

[Einsendeformular](#) (pdf-Dokument)

[nach oben](#)

### Identifizierung von Antibiotikaresistenzgenen

- Sequenz-basierte Identifizierung von  $\beta$ -Laktamase-kodierenden Sequenzen: Extended Spektrum beta-Laktamasen (Gruppen TEM, SHV, CTX-M, OXA), Metallo-beta-Laktamasen (Gruppen IMP, VIM, GIM, SPM, SIM), Carbapenemasen (Gruppen NDM, NMC, IRS, IMI, KPC, GES) sowie AmpC.
- Gram-positive Resistenzgene: mecA, SCCmec, vanA, vanB, MLS-Gruppe (ErmA, ErmC, msrA)
- Quinolonresistenzgene (gyrA, parC, qnr)

[nach oben](#)

### Bakterienidentifizierung

- Biochemisch (API, VITEK)
- Molekularbiologisch (16S rRNA, cpn60, gyrB, mip bei Legionella spp.)
- Virulenzfaktoren: S. aureus: Panton Valentin Leukozidin; Arraymate microarrays E. coli: Aerobactin iutA und Yersiniabactin fyuA, Kapsel Synthese Genlocus kpsMT II, Invasivfaktor ibeA, Serumresistenzfaktor traT, Adhäsionsfaktoren papA und papG, iron-regulated gene homologue adhesin iha; Bestimmung der phylogenetischen Gruppe.

 nach oben

### Resistenztestung gegenüber Antibiotika u.a. Naturstoffen

- Mikro- oder Makrodilutions-Bouillon-Verfahren (CLSI)
- Agardiffusion (CLSI, DIN), E-Test (auf Anfrage)
- Bakterizidietestung (CLSI)
- Synergismus-Testung (Chekerboard -Methode)

 nach oben

### Prüfung auf Sterilität

- Membranfiltermethode (Ph. Eur.)
- Direktbeschickungsmethode (Ph. Eur.)

 nach oben

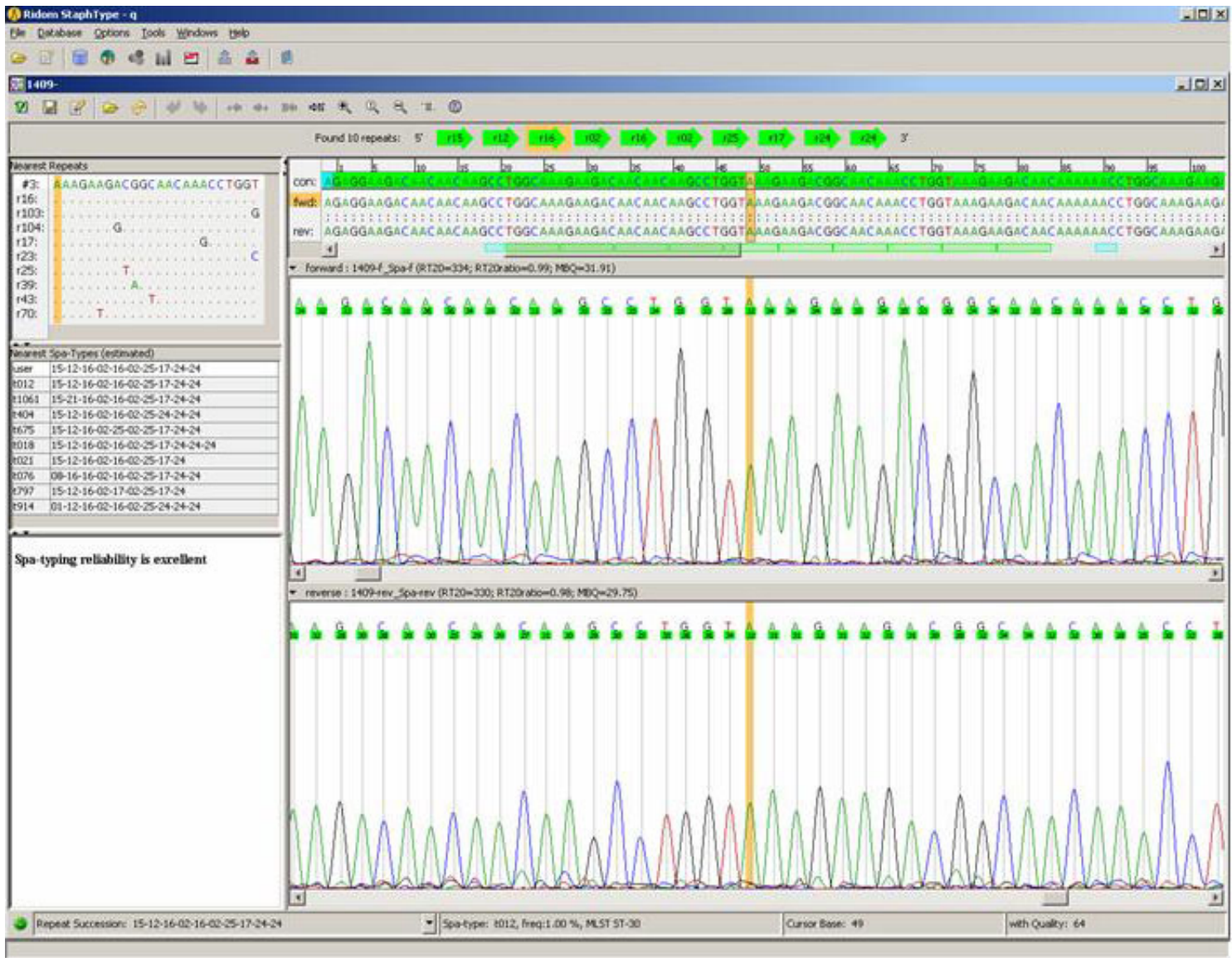
### Stammsammlung

Abgabe von charakterisierten (genotypisierten) Stammsammlungen (Staphylococcus aureus, Enterococcus faecium, Escherichia coli, Klebsiella spp., Enterobacter spp., Serratia marcescens, Pseudomonas aeruginosa, Stenotrophomonas maltophilia, Acinetobacter spp., Legionella spp.)

 nach oben

### Angewandte Methoden

Typisierungsverfahren sind für folgende Erreger vorhanden: Staphylococcus aureus, Enterococcus faecium, Escherichia coli, Klebsiella spp., Enterobacter spp., Serratia marcescens, Pseudomonas aeruginosa, Stenotrophomonas maltophilia, Acinetobacter spp., Legionella pneumophila.



Verfügbare Typisierungsmethoden sind: Makrorestriktionsanalyse (PFGE), Amplified Fragment Length Polymorphism (AFLP), Random Amplification of Polymorphic DNA (RAPD), Multiple Locus Variant Numbers of Tandem Repeat Analysis (MLVA), spa Typisierung, Multi Locus Sequence Typing (MLST), Arraymate microarray Untersuchungen.

Identifizierung von Antibiotikaresistenzgenen Identifizierung von beta-Laktamase-kodierenden DNA-Sequenzen durch Sequenzieren und RT-PCR:

- Extended Spektrum beta-Laktamasen (Gruppen TEM, SHV, CTX-M, OXA)
- Metallo-beta-Laktamasen (Gruppen IMP, VIM, GIM, SPM, SIM)
- Carbapenemasen (Gruppen NDM, NMC, IRS, IMI, KPC, GES)
- AmpC beta-Laktamasen (Gruppen MOX, CMY, LAT-4, BIL-1, DHA, ACC, MIR-1T, ACT-1, FOX)

- Quinolonresistenzgene (*gyrA*, *parC*, *qnr*)
- Gram-positive Resistenzgene: *mecA*, *SCCmec*, *vanA*, *vanB*, MLS-Gruppe (*ermA*, *ermC*, *msrA*)



(Cluster-) Analysen von Typisierungsdaten: BioNumerics, Mega, Splitstree, Phylogenetic analysis using Parsimony (PAUP) Recombination Detection Program, Staden package, Ridom Staphtype

Leistungen werden gegebenenfalls an kompetente Unterauftragnehmer vergeben.