

Liste aller Untersuchungsverfahren im flexiblen Akkreditierungsbereich

Innerhalb der mit * gekennzeichneten Untersuchungsbereiche ist dem Laboratorium, ohne dass es einer vorherigen Information und Zustimmung der Deutschen Akkreditierungsstelle GmbH bedarf, die freie Auswahl von genormten oder ihnen gleichzusetzenden Untersuchungsverfahren gestattet.

Innerhalb der mit ** gekennzeichneten Untersuchungsbereiche ist dem Laboratorium, ohne dass es einer vorherigen Information und Zustimmung der DAkkS GmbH bedarf, die Modifizierung sowie Weiter- und Neuentwicklung von Untersuchungsverfahren gestattet.

Untersuchungsgebiet: Humangenetik (Zytogenetik)

Untersuchungsart:

Chromosomenanalyse**

| Analyt (Meßgröße) | Untersuchungsmaterial (Matrix) | Untersuchungstechnik | Anweisung/Version |
|--|---|--|----------------------------|
| angeborener Chromosomensatz | peripheres Blut, Nabelschnurblut | Chromosomenänderungsanalyse | AM-ZG-103/N |
| erworber Chromosomensatz | Knochenmark, Blut | Chromosomenänderungsanalyse | AM-ZG-102/M AM-ZG-101/Q |
| Nachweis spezifischer chromosomal Regionen | Native und/oder kultivierte Zellen aus Fruchtwasser, peripheres Blut, Nabelschnurblut Knochenmark | FISH: Pränataler Schnelltest Nachweis von Mikrodeletionen, Rearrangements, Translokationen, numerischen Aberrationen | AM-ZG-100/K AM-ZG-101/Q |

Untersuchungsgebiet: Humangenetik (Molekulare Humangenetik)

Untersuchungsart:

Molekularbiologische Untersuchungen (Amplifikationsverfahren)**

| Analyt (Messgröße) | Untersuchungsmaterial (Eingangsmaterial; ggf. Testmaterial) | Untersuchungstechnik | Anweisung+Version Pipeline/Kit/Panel+ Version |
|--|--|---|---|
| SNV-Genotypisierung (Nachweis spezifischer varianter Allele) | | | |
| Antithrombin-III-Mangel (SERPINC1-Gen [OMIM *107300]) | EDTA-Blut, DNA aus Blut; DNA | PCR, "large-amplicon" Sequenzierung mittels Next-Generation-Sequencing-(NGS) Technologie ("sequencing-by-synthesis", SBS) (Illumina MiSeq, NextSeq), GATK | AM-MO-141/C |
| HIV-Wirtsresistenz Chemokinrezeptor 5 (CCR5)-delta 32 Deletion | EDTA-Blut, DNA aus Blut; DNA | PCR, Gelelektrophorese | AM-MO-126/C |
| Meulengracht- (Gilbert-) Syndrom (Customized Panel ABA) (UGT1A1*28-, *6- Polymorphismus) | EDTA-Blut, EDTA-Knochenmark; DNA | Multiplex-PCR, matrixunterstützte Laser-Desorptions-Ionisation mit Flugzeitmassenspektrometer-Detektion (MALDI-TOF-MS) | AM-MO-145/B |
| Protein C-Mangel (PROC-Gen [OMIM *612283]) | EDTA-Blut, DNA aus Blut; DNA | PCR, "large-amplicon" Sequenzierung mittels Next-Generation-Sequencing-(NGS) Technologie ("sequencing-by-synthesis", SBS) (Illumina MiSeq, NextSeq), GATK | AM-MO-141/C |
| Protein S-Mangel (PROS1-Gen [OMIM *176880]) | EDTA-Blut, DNA aus Blut; DNA | PCR, "large-amplicon" Sequenzierung mittels Next-Generation-Sequencing-(NGS) Technologie ("sequencing-by-synthesis", SBS) (Illumina MiSeq, NextSeq), GATK | AM-MO-141/C |
| Von-Willebrand-Syndrom (in-house) (VWF-Gen [OMIM *613160]) | EDTA-Blut, DNA aus Blut; DNA | PCR, "large-amplicon" Sequenzierung mittels Next-Generation-Sequencing-(NGS) Technologie ("sequencing-by-synthesis", SBS) (Illumina MiSeq, NextSeq), GATK | AM-MO-141/C |
| TP53 (in-house) (TP53-Gen) | EDTA-Blut, DNA aus Blut; DNA | PCR, "large-amplicon" Sequenzierung mittels Next-Generation-Sequencing-(NGS) Technologie ("sequencing-by-synthesis", SBS) (Illumina MiSeq, NextSeq), GATK | AM-MO-141/C |
| 5-Fluorouracil-Toxizitäts-Panel (Agena iPLEX Pro™ Panel) (DPYD (OMIM *612779), dbSNP rs3918290, rs55886062, rs56038477, rs67376798, rs72549309 und rs75017182) | EDTA-Blut, DNA aus Blut; DNA | Multiplex-PCR, matrixunterstützte Laser-Desorptions-Ionisation mit Flugzeitmassenspektrometer-Detektion (MALDI-TOF-MS) | AM-MO-145/B |
| AML-Panel (Agena iPLEX Pro™ Panel) (Detektion von 55 Mutationen in den Genen DNMT3A, FLT3, IDH1, IDH2, KIT, and NPM1) | EDTA-Blut, DNA aus Blut; DNA | Multiplex-PCR, matrixunterstützte Laser-Desorptions-Ionisation mit Flugzeitmassenspektrometer-Detektion (MALDI-TOF-MS) | AM-MO-145/B |

| Analyt (Messgröße) | Untersuchungsmaterial (Eingangsmaterial; ggf. Testmaterial) | Untersuchungstechnik | Anweisung+Version Pipeline/Kit/Panel+ Version |
|---|--|--|---|
| Thrombophilie-Panel (Agena iPLEX ProTM Panel) (AT3 [OMIM *107300] dbSNP rs121909548; F2 [OMIM *176930] dbSNP rs3136516, rs1799963; F5 [OMIM*612309] dbSNP rs6025; F12 [OMIM*610619] dbSNP rs1801020; F13 [OMIM*134570] dbSNP rs5985; FSAP [OMIM*603924] dbSNP rs7080536; MTHFR [OMIM*607093] dbSNP rs1801133, rs1801131; PAI-1 [OMIM*173360] dbSNP rs2227631, rs587776796) | EDTA-Blut, DNA aus Blut; DNA | Multiplex-PCR, matrixunterstützte Laser-Desorptions-Ionisation mit Flugzeitmassenspektrometer-Detektion (MALDI-TOF-MS) | AM-MO-145/B |
| Nachweis spezifischer chromosomaler Regionen | | | |
| AF4/MLL-Translokation t(4;11) | peripheres Blut, Knochenmark; RNA | PCR, Gelelektrophorese | AM-MO-138/D |
| cABL/BCR-Translokation t(9;22), qualitativ | peripheres Blut, Knochenmark; RNA | PCR, Gelelektrophorese | AM-MO-112/D |
| cABL/BCR-Translokation t(9;22), quantitativ | peripheres Blut, Knochenmark; RNA | Realtime-PCR | AM-MO-109/B |
| CCND1/IGH-Translokation t(11;14) | peripheres Blut, Knochenmark; DNA | PCR, Gelelektrophorese | AM-MO-137/B |
| FIP1L1-PDGFRα-Fusion del(4)(q12q12) | peripheres Blut, Knochenmark; RNA | PCR, Gelelektrophorese | AM-MO-138/D |
| IGH/BCL2-Translokation t(14;18) | peripheres Blut, Knochenmark; DNA | PCR, Gelelektrophorese | AM-MO-137/B |
| MYH11/CBFB-Translokation inv(16) | peripheres Blut, Knochenmark; RNA | PCR, Gelelektrophorese | AM-MO-138/D |
| PBX1/E2A-Translokation t(1;19) | peripheres Blut, Knochenmark; RNA | PCR, Gelelektrophorese | AM-MO-138/D |
| PML/RARA-Translokation t(15;17) | peripheres Blut, Knochenmark; RNA | PCR, Gelelektrophorese | AM-MO-138/D |
| RUNX1/RUNX1T1-Translokation t(8;21) | peripheres Blut, Knochenmark; RNA | PCR, Gelelektrophorese | AM-MO-138/D |
| Fragmentlängen-Analyse | | | |
| Chimärismusanalyse | peripheres Blut, Knochenmark, Mundschleimhautabstrich; DNA | Genotyp zur Chimärismusuntersuchung anhand STR-Analyse | AM-MO-130/D |
| Gezielte Kopienzahlanalyse | | | |
| Hereditäres Mamma-/ Ovarialkarzinom (HBOC) Vermutetes erhöhtes hereditäres Risiko nach positiver Familienanamnese, die Indikation wird durch den FA für Humangenetik gestellt. (BRCA1 [OMIM *113705], BRCA2 [OMIM *600185]) | EDTA-Blut, DNA aus Blut; DNA | MLPA | AM-MO-123/D |
| HNPPC/Lynch-Syndrom (MLH1 [OMIM *120436], MSH2 [OMIM *609309], MSH6 [OMIM *600678], PMS2 [OMIM *600259], EPCAM [OMIM *185535]) | EDTA-Blut, DNA aus Blut; DNA | MLPA | AM-MO-123/D |
| Marfan-Syndrom (FBN1-Gen [OMIM *134797]) | EDTA-Blut, DNA aus Blut; DNA | MLPA | AM-MO-123/D |
| Antithrombin-III-Mangel (SERPINC1-Gen [OMIM *107300]) | EDTA-Blut, DNA aus Blut; DNA | MLPA | AM-MO-123/D |
| Protein C-Mangel (PROC-Gen [OMIM *612283]) | EDTA-Blut, DNA aus Blut; DNA | MLPA | AM-MO-123/D |
| Protein S-Mangel (PROS1-Gen [OMIM *176880]) | EDTA-Blut, DNA aus Blut; DNA | MLPA | AM-MO-123/D |
| Von-Willebrand-Syndrom (VWF-Gen [OMIM *613160]) | EDTA-Blut, DNA aus Blut; DNA | MLPA | AM-MO-123/D |
| Zystische Fibrose (CFTR-Gen [OMIM *602421]) | EDTA-Blut, DNA aus Blut | MLPA | AM-MO-123/D |
| Gerichtete NGS-Panel-Analyse bei benannten klinischen Verdachtsdiagnosen | | | |
| Hereditäres Mamma-/ Ovarialkarzinom (HBOC) (CEU HuGx EBM Panel, Illumina) (BRCA1 [OMIM *113705], BRCA2 [OMIM *600185], CHEK2 [OMIM +604373], PALB2 [OMIM *610355], RAD51C [OMIM *602774], ATM [OMIM *607585], BRIP1 [OMIM *605882], CDH1 [OMIM *192090], EPCAM [OMIM *185535], MLH1 [OMIM *120436], MSH2 [OMIM *609309], MSH6 [OMIM *600678], PMS2 [OMIM *600259], PTEN [OMIM *601728], RAD51D [OMIM *602954], STK11 [OMIM *602216], TP53 [OMIM *191170]) | EDTA-Blut, DNA aus Blut; DNA | Sequence capture (Illumina), Sequencing-by-synthesis (Illumina), MiSeq, NextSeq (Illumina), GATK (SNV), CNV-GATK (CNV) | AM-MO-140/E |

| Analyt (Messgröße) | Untersuchungsmaterial (Eingangsmaterial; ggf. Testmaterial) | Untersuchungstechnik | Anweisung+Version Pipeline/Kit/Panel+ Version |
|---|--|---|---|
| Mamma-/Ovarialkarzinom; Prostatakarzinom; Pankreaskarzinom (in-house) fortgeschrittenes Ovarialkarzinom, metastasiertes und HER2-negatives Mammakarzinom, metastasiertes Pankreaskarzinom nach platinbasierter Chemotherapie, metastasiertes, kastrationsresistentes Prostatakarzinom zur Therapieentscheidung (PARP-Inhibitoren) (BRCA1 [OMIM *113705], BRCA2 [OMIM *600185]) | EDTA-Blut, DNA aus Blut; DNA | PCR, "large-amplicon" Sequenzierung mittels Next-Generation-Sequencing-(NGS) Technologie ("sequencing-by-synthesis", SBS) (Illumina MiSeq, NextSeq), GATK | AM-MO-141/C |
| HNPPC/Lynch-Syndrom (CEU HuGx EBM Panel, Illumina) (MLH1 [OMIM *120436], MSH2 [OMIM *609309], MSH6 [OMIM *600678], PMS2 [OMIM *600259], EPCAM [OMIM *185535]) | EDTA-Blut, DNA aus Blut; DNA | Sequence capture (Illumina), Sequencing-by-synthesis (Illumina), MiSeq, NextSeq (Illumina), GATK | AM-MO-140/D |
| Marfan-Syndrom (CEU HuGx EBM Panel, Illumina) (FBN1-Gen [OMIM *134797]) | EDTA-Blut, DNA aus Blut; DNA | Sequence capture (Illumina), Sequencing-by-synthesis (Illumina), MiSeq, NextSeq (Illumina), GATK (SNV), CNV-GATK (CNV) | AM-MO-140/D |
| Zystische Fibrose (CEU HuGx EBM Panel, Illumina) (CFTR-Gen [OMIM *602421]) | EDTA-Blut, DNA aus Blut; DNA | Sequence capture (Illumina), Sequencing-by-synthesis (Illumina), MiSeq, NextSeq (Illumina), GATK (SNV), CNV-GATK (CNV) | AM-MO-140/D |

Untersuchungsgebiet: Virologie

Untersuchungsart:

Ligandenassays*

| Analyt (Meßgröße) | Untersuchungsmaterial (Matrix) | Untersuchungstechnik | Anweisung/Version |
|-------------------------|--------------------------------|----------------------|-------------------|
| anti-HAV IgG | Serum, EDTA- Plasma | CMIA | AM-KC-116/I |
| HBs-Ag | Serum, EDTA- Plasma | CMIA | AM-KC-116/I |
| anti-HBs quantitativ | Serum, EDTA- Plasma | CMIA | AM-KC-116/I |
| anti-HBc IgG | Serum, EDTA- Plasma | CMIA | AM-KC-116/I |
| anti-HBe | Serum, EDTA- Plasma | CMIA | AM-KC-116/I |
| anti-HCV | Serum, EDTA- Plasma | CMIA | AM-KC-116/I |
| HIV1/2 AK / p24-Antigen | Serum, EDTA- Plasma | CMIA | AM-KC-118/J |
| CMV IgG + IgM AK | Serum, EDTA- Plasma | CMIA | AM-KC-118/J |
| HTLV I/II AK | Serum, EDTA- Plasma | CMIA | AM-KC-118/J |
| Rubella-Virus IgG AK | Serum, EDTA- Plasma | CMIA | AM-KC-118/J |
| EBV EBNA-1 IgG | Serum, EDTA- Plasma | CMIA | AM-KC-118/J |
| EBV VCA IgG | Serum, EDTA- Plasma | CMIA | AM-KC-118/J |
| EBV VCA IgM | Serum, EDTA- Plasma | CMIA | AM-KC-118/J |

Untersuchungsart:

Molekularbiologische Untersuchungen (Amplifikationsverfahren) **

| Analyt (Meßgröße) | Untersuchungsmaterial (Matrix) | Untersuchungstechnik | Anweisung/Version |
|-------------------------------------|--|--|-------------------|
| HIV-RNA | Serum, Plasma, Liquor | Realtime-PCR, quantitativ | AM-MO-106/I |
| HIV-RNA | Serum, Plasma, Liquor, Leukozytenpräparation | Hochauflösende Resistenztestung mittels Reverser Transkription, nested PCR und Next Generation Sequencing (Illumina MiSeq), NGS-Virologie-Pipeline (in-house) | AM-MO-117/J |
| HIV-RNA oder provirale DNA | Plasma, Leukozytenpräparation | Hochauflösende Tropismusbestimmung mittels Reverser Transkription, nested PCR und Next Generation Sequencing (Illumina MiSeq), NGS-Virologie-Pipeline (in-house) | AM-MO-135/F |
| HBV-DNA | Serum, Plasma | Realtime-PCR, quantitativ | AM-MO-132/G |
| HBV-DNA | Serum, Plasma | Hochauflösende Resistenztestung/ Genotypisierung mittels PCR und Next Generation Sequencing (Illumina MiSeq), NGS-Virologie-Pipeline (in-house) | AM-MO-133/D |
| HCV-RNA | Serum, Plasma, Liquor | Realtime-PCR, quantitativ | AM-MO-106/I |
| HCV-RNA | Serum, Plasma | Genotypisierung mittels Reverser Transkription, PCR und Sequenzierung | AM-MO-134/H |
| HCV-RNA | Serum, Plasma | Hochauflösende Resistenztestung mittels Reverser Transkription, PCR und Next Generation Sequencing (Illumina MiSeq), NGS-Virologie-Pipeline (in-house) | AM-MO-143/D |
| CMV-DNA | Serum, Plasma | Realtime-PCR, quantitativ | AM-MO-121/H |
| HPV-DNA (Agena iPLEX Pro™ Panel) | Zervix-Abstrich, -Spülung, Harnröhrenabstrich (♂), sonstige Epithelabstriche, FFPE | Multiplex-PCR, matrixunterstützte Laser-Desorptions-Ionisation mit Flugzeitmassenspektrometer-Detektion (MALDI-TOF-MS) | AM-MO-145/B |

Untersuchungsgebiet: Transfusionsmedizin

Untersuchungsart:

Agglutinationsteste *

| Analyt (Meßgröße) | Untersuchungsmaterial (Matrix) | Untersuchungstechnik | Anweisung/Version |
|-----------------------------------|--------------------------------|--|-------------------|
| ABO-System | EDTA-Vollblut | AG / AK-Bindung Gelkarte | AM-KC-104/H |
| Rh-System | EDTA-Vollblut | AG / AK-Bindung Gelkarte | AM-KC-104/H |
| Kell-Antigen | EDTA-Vollblut | AG / AK-Bindung Gelkarte | AM-KC-104/H |
| freie irreguläre Antikörper (IgG) | Serum/ Plasma | AG / AK-Bindung Gelkarte (indirekter Coombstest) | AM-KC-104/H |

Untersuchungsart:

Durchflusszytometrie**

| Analyt (Meßgröße) | Untersuchungsmaterial (Matrix) | Untersuchungstechnik | Anweisung/Version |
|--|--------------------------------|--|-------------------|
| HLA-Antikörper (Nachweis und Spezifizierung) | Serum | Durchflusszytometrische Analyse mittels farb-codierter Beads | AM-HL-107/N |

Untersuchungsart:

Lysisreaktionen**

| Analyt (Meßgröße) | Untersuchungsmaterial (Matrix) | Untersuchungstechnik | Anweisung/Version |
|--|--------------------------------|----------------------|-------------------|
| HLA-Antikörper (Crossmatch) | Serum | LCT | AM-HL-102/H |
| HLA-Antikörper (Nachweis und Spezifizierung) | Serum | LCT | AM-HL-100/H |

Untersuchungsart:

Molekularbiologische Untersuchungen (Amplifikationsverfahren)**

| Analyt (Meßgröße) | Untersuchungsmaterial (Matrix) | Untersuchungstechnik | Anweisung/Version |
|--|--|---|-------------------|
| HLA-A*, B*, C*, DRB1*, DQA1*, DQB1*, DPA1*, DPB1* (high resolution) | EDTA-, Citrat-, CPDA-Blut, Mundschleimhautabstrich | PCR, "large-amplicon" Sequenzierung mittels Next-Generation-Sequencing-(NGS) Technologie ("sequencing-by-synthesis", SBS) (Illumina MiSeq), NGS-HLA-Pipeline (in-house) | AM-HL-109/I |

Prüfgebiet: Forensische Genetik
(Abstammungsgutachten nach GenDG)
Probenahme

| Norm / Ausgabedatum Hausmethode / Version | Probenahmeverfahren | Probenmatrix |
|---|--|-------------------------------|
| AA-MO-101 Version: F Ausgabedatum: 25.01.2024 | Probenahme im Rahmen der Abstammungsfeststellung | Mundschleimhautabstrich, Blut |

Prüfart:
Polymerase-Kettenreaktion (PCR)

| Analyt (Meßgröße) | Untersuchungsmaterial (Matrix) | Prüftechnik | Anweisung/Version |
|-------------------------------------|--|--|-------------------|
| Genotyp zur Abstammungsfeststellung | Humane DNA aus: Mundschleimhautabstrichen, Blutproben | DNA-Extraktion, STR-Analyse: PCR mit flexiblen PCR-Reagenzien mit anschließender Elektrophorese und allelischer Zuordnung der PCR-Produkte | AM-MO-129/F |

Prüfgebiet: Nukleinsäureanalytik
Prüfart:
Sequenzierung**

| Norm / Ausgabedatum Hausmethode / Version | Analyt – Titel der Norm Angabe zu Probenvorbehandlung / Prüftechnik | Prüfgegenstand |
|---|---|---|
| AM-MO-122 Version: C Ausgabedatum: 15.02.2021 | Nukleinsäuresequenzen anhand Genomsequenzierungen (oder "large-amplicon" Sequenzierung) mittels Next-Generation-Sequencing-(NGS) Technologie ("sequencing-by-synthesis", SBS) nach vorheriger „DNA-library“-Herstellung (Workflow: DNA-Tag-/Fragmentierung/library- Herstellung [Nextera/Nextera XT-Library] – SBS – Assemblierung der Sequenzen („reads“) zu „contigs“ (zusammenhängende, große Genomabschnitte) oder „scaffolds“ (Genomgerüst) - (Illumina-Technologie) | DNA jeglicher Herkunft |
| AM-MO-127 Version: D Ausgabedatum: 13.01.2023 | Nukleinsäuresequenzen anhand Höchauflösende, ultratiefen Sequenzierung von Genen oder Genabschnitten (PCR-Produkte, „Amplikons“) mittels NGS-Technologie ("sequencing-by-synthesis", SBS) nach vorheriger „DNA-library“-Herstellung (Workflow: Library-Herstellung durch Adaptor-Ligation [TruSeq-Library] oder Verwendung von PCR-Produkten mit P5/P7-Fusionsprimern – SBS ["gespikte Hintergrundlibrary phiX] - (Illumina-Technologie) | DNA jeglicher Herkunft |
| AA-MO-105 Version: A Ausgabedatum: 23.04.2021 | Alinieren der Sequenzen („reads“) mit Hilfe verschiedener "mapping tools" bzw. hausinternen, bioinformatischen Lösungen | Daten |
| AM-MO-146 Version: B Ausgabedatum: 23.03.2023 | Nukleinsäuresequenzen anhand Whole Exom, Panel oder Transkriptom-Sequenzierung mittels NGS-Technologie ("sequencing-by-synthesis", SBS) nach vorherigem "Enrichment" mit spezifischen oder unspezifischen (Oligo dT) Sonden (Workflow: optional cDNA-Herstellung - Fragmentierung - SureSelect library Herstellung - Enrichment - Mapping). | DNA jeglicher Herkunft FFPE EDTA-Blut |