

***Streptococcus pneumoniae* (Pneumokokken)**

Allgemeine Hinweise

Die Untersuchung auf *Streptococcus pneumoniae* DNA erfolgt mit Hilfe einer *Real-time PCR*-Methode. Sie basiert auf dem parallelen Nachweis eines speziesspezifischen Sequenzmarkers und eines Virulenzgens von *Streptococcus pneumoniae*.

Anforderung an das Untersuchungsmaterial

Die Auswahl des Untersuchungsmaterials richtet sich nach der Lokalisation der Infektion.

Abstriche: Nasenabstrich, Wundabstrich, Hautabstrich (trockener Tupfer)

Biopsien: so viel wie möglich (bis 1 cm³)

Punktate: mind. 2 ml (z.B. Gelenks- oder Pleuraerguss, Aszites, o.ä.)

Liquor: mind. 2 ml, besser 5 ml

Kultur: Einzelkolonie in PBS oder mind. 500 µl Reinkultur (für externe Einsender)

Andere Arten von klinischem Probenmaterial nach Rücksprache.

Bitte Hinweise zu Probeentnahme und Transport für Proben zur molekularbiologischen Diagnostik beachten!

Termine

Das Material wird während der regulären Öffnungszeiten entgegengenommen.

Die Bearbeitung erfolgt werktags.

Durchschnittliche Bearbeitungsdauer

1 Arbeitstag

Telefonische Befundmitteilung

Immer bei positivem Befund

Bemerkungen

Bei dieser Nukleinsäureamplifikation handelt es sich um laborintern validierte diagnostische nested-PCR Verfahren zum hochsensitiven Nachweis eines speziesspezifischen Genomsegments (16S rDNA) von *Streptococcus pneumoniae* sowie des Virulenzgens *lytA* (kodiert für den Pathogenitätsfaktor *Autolysin*) von *Streptococcus pneumoniae* und einigen hochvirulenten *Streptococcus mitis*-Isolaten. Durch die parallele Durchführung zweier unabhängiger Nachweisverfahren erhöht sich die analytische Sensitivität und Spezifität des PCR-Testsystems und zudem werden virulente *Streptococcus mitis*-Isolate erfasst.

Ein negatives Ergebnis schließt das Vorliegen von *Streptococcus pneumoniae* DNA in dem untersuchten Probenmaterial mit hoher Wahrscheinlichkeit aus.

Ein positives Ergebnis ist nicht beweisend für das Vorliegen einer floriden bakteriellen Infektion, da mit PCR-Verfahren auch DNA von nicht mehr vermehrungsfähigen Erregern erfasst wird.