

Bakterie-DNA (16S) rDNA

Bakgrund

Metoden har främst använts för att identifiera svårödlade och långsamväxande bakterier eller bakterier som inte har kunnat odlas med konventionella tekniker. Bland annat har *Nocardia farcinica* som orsak till hjärnabscesser påvisats, och *Ureaplasma urealyticum* i ledvätska påvisats. Metoden lämpar sig också för att påvisa mikroorganismer under pågående antibiotikabehandling.

Svar/Tolkning/Bedömning

Art av bakterie från vilken DNA har påvisats anges.

Negativt utfall besvaras: Bakterie-DNA ej påvisat.

Metodik/mätprincip

Förstärkning med PCR (polymeras kedjereaktion) och sekvensering av ett ca 500 baser långt fragment av genen för bakteriellt 16S rRNA. Den erhållna sekvensen jämförs med sekvenser från kända bakterier som finns lagrade i internationella databaser tillgängliga via National Centre for Biotechnology Information (NCBI).

Referenslitteratur

1. Relman DA. Universal bacterial 16S rDNA amplification and sequencing. In: Persing DH., Smith TF., Tenover FC., White TJ (eds.). Diagnostic molecular microbiology. Principles and applications. ASM, Washington, D.C., USA, 1993.
2. Sonesson, A., Öqvist, B., Hagstam, P., Björkman-Burtscher, IM., Miörner, H., Petersson, AC. An immunosuppressed patient with systemic vasculitis suffering from cerebral abscesses due to *Nocardia farcinica* identified by 16S rRNA gene universal PCR. Nephrol Dial Transplant. 2004; 19:2896-900.
3. Kahn F, Linder A, Petersson AC, Christensson B, Rasmussen M. Axillary abscess complicated by venous thrombosis, identification of *Streptococcus pyogenes* by 16S PCR. J Clin Microbiol, 2010, 48; 3435-3437. Epub 2010 Jun 30.