

(19)



österreichisches
patentamt

(10)

AT 504 194 A1 2008-03-15

(12)

Österreichische Patentanmeldung

(21) Anmeldenummer: **A 1496/2006**

(51) Int. Cl.⁸: **C12Q 1/68** (2006.01)

(22) Anmeldetag: **07.09.2006**

(43) Veröffentlicht am: **15.03.2008**

(73)Patentanmelder:

ÖSTERREICHISCHES ROTES KREUZ
LANDESVBAND OÖ
A-4020 LINZ (AT)

(72)Erfinder:

DANZER MARTIN MAG.
ALTMÜNSTER (AT)
POLIN HELENE MAG. DR.
ATTNANG-PUCHHEIM (AT)
HOFER KATJA MAG.
OTTENSHEIM (AT)
FIEDLER BRIGITTE MAG.
ANSFELDEN (AT)
RADLER JULIANE
ST. JOHANN/WBG. (AT)
ROSENHAMMER KATRIN
LINZ (AT)
ATZMÜLLER SABINE MAG. DR.
ST. VEIT IM MÜHLKREIS (AT)
GABRIEL CHRISTIAN DR.
ALTENBERG (AT)

(54) **BAKTERIENNACHWEIS**

(57) Die Erfindung betrifft ein Verfahren zum Nachweis von Bakterienkontaminationen vorzugsweise in physiologischen Proben und Sequenzen von hierfür verwendeten synthetischen Oligonukleotiden. Das Verfahren umfasst die Schritte i) Extraktion der Nukleinsäure, insbesondere Bakterien-DNA, ii) Amplifikation mit Primern und Detektion mit Oligonukleotiden, insbesondere fluoreszenzmarkierten Oligonukleotiden als Hybridisierungs-sonden, mit einer Sequenz ausgewählt aus einer Gruppe umfassend SEQ ID NO:5 bis SEQ ID NO:35 vorzugsweise in einer Realtime-PCR und iii) Auswertung über Schmelzkurvenanalyse.

AT 504 194 A1 2008-03-15

Z u s a m m e n f a s s u n g

Die Erfindung betrifft ein Verfahren zum Nachweis von Bakterienkontaminationen vorzugsweise in physiologischen Proben und Sequenzen von hierfür verwendeten synthetischen Oligonukleotiden. Das Verfahren umfasst die Schritte i) Extraktion der Nukleinsäure, insbesondere Bakterien-DNA, ii) Amplifikation mit Primern und Detektion mit Oligonukleotiden, insbesondere fluoreszenzmarkierten Oligonukleotiden als Hybridisierungssonden, mit einer Sequenz ausgewählt aus einer Gruppe umfassend SEQ ID NO:5 bis SEQ ID NO:35 vorzugsweise in einer Realtime-PCR und iii) Auswertung über Schmelzkurvenanalyse.

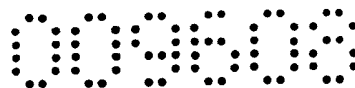
Die vorliegende Erfindung beschreibt Oligonukleotidsequenzen zum Nachweis von Bakterienkontaminationen von einer Länge von 10 bis 30 Basen, ein Verfahren zur Detektion zumindest einer Bakterienkontamination sowie einen Kit zum Nachweis von Bakterienkontaminationen jeweils vorzugsweise in einer physiologischen Probe.

Die Erfindung betrifft das Gebiet der Molekularbiologie und deren Anwendung in der klinischen Diagnostik. Genauer betrifft die Erfindung ein Verfahren und Reagenzien zur Amplifikation und zum Nachweis von Nukleinsäuren von Bakterien. Die Erfindung findet deshalb Anwendung beim Nachweis von Bakterien, Bakteriengruppen und Bakterienarten, generell auf dem Gebiet der klinischen Diagnostik und dem Gebiet der Molekularbiologie.

Im Bereich der Medizin, insbesondere im klinischen Bereich, stellen Bakterienkontaminationen eine große Bedrohung für die Patienten dar. Insbesondere muss bei der Bereitstellung von Blutkonserven und den daraus gewonnenen Bestandteilen, wie beispielsweise Blutplasma zur Herstellung diverser Arzneimittel oder Thrombozytenkonzentraten, streng darauf geachtet werden Bakterienkontaminationen mit größtmöglicher Sicherheit ausschließen zu können. Solche Bakterienkontaminationen können beispielsweise schwere septische Reaktionen bei Patienten verursachen.

Die PCR ist ein Verfahren zur Amplifikation spezifischer Nukleinsäuresequenzen und ermöglicht den raschen Nachweis von Nukleinsäuren, die in einer Probe vorhanden sind, welche zuvor in einer nicht nachweisbar geringen Menge vorhanden waren.

Die Detektion von Nukleinsäuremolekülen in einer Probe wird in den verschiedensten Bereichen benötigt, beispielsweise in der Medizin, Qualitätskontrolle, Forschung, etc. Dabei kann es auch oft notwendig sein mehrere voneinander verschiedene Nukleinsäuremoleküle in einer einzigen Probe zu detektieren. Hierbei ist es aus Zeit- und Kostengründen wün-

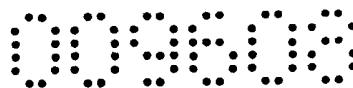


schenswert die verschiedenen Nukleinsäuremoleküle gleichzeitig in einer Probe zu detektieren.

Allerdings ist die hochsensitive, molekularbiologische Detektion von Bakterien mittels Polymerasekettenreaktion (PCR) im Blut, häufig aufgrund der geringen Zellzahl im Verhältnis zum Probenvolumen beeinträchtigt. Zudem können falsch-positive Ergebnisse durch Amplifikation unspezifischer Sequenzen des humanen DNA-Hintergrunds auftreten. Die PCR ist ein Verfahren zur Amplifikation spezifischer Nukleinsäuresequenzen und ermöglicht den raschen Nachweis von Nukleinsäuren, die in einer Probe vorhanden sind, die zuvor in einer nicht nachweisbar geringen Menge vorhanden waren.

Die Detektion von Nukleinsäuremolekülen in einer Probe wird in den verschiedensten Bereichen benötigt, beispielsweise in der Medizin, Qualitätskontrolle, Forschung, etc. Dabei kann es auch oft notwendig sein mehrere voneinander verschiedene Nukleinsäuremoleküle in einer einzigen Probe zu detektieren. Hierbei ist es aus Zeit- und Kostengründen wünschenswert die verschiedenen Nukleinsäuremoleküle gleichzeitig in einer Probe zu detektieren.

So wird beispielsweise in der EP 1 366 195 B1 ein Verfahren zur simultanen Detektion von zumindest zwei voneinander verschiedenen Nukleinsäuremolekülen in einer Probe beschrieben, wobei in einem ersten Schritt eine Multiplex-PCR und in einem zweiten Schritt eine Hybridisierungsreaktion mit auf einem Microarray immobilisierten Sonden durchgeführt wird, wonach die hybridisierten PCR-Produkte detektiert und gegebenenfalls quantifiziert werden, sowie einen Microarray und einen Kit zur simultanen Detektion von zumindest zwei voneinander verschiedenen Nukleinsäuremolekülen in einer Probe. Die für die Hybridisierungsreaktion eingesetzten Sonden, die jeweils spezifisch von den voneinander verschiedenen amplifizierten Sequenzen der Nukleinsäuremoleküle hybridisieren, weisen Schmelztemperaturen auf, die voneinander um maximal 2 °C, vorzugsweise maximal 1 °C abweichen. Dadurch, dass sich die Schmelztemperaturen der für die Hybridisierungsreaktion eingesetzten Sonden um maximal 2 °C voneinander unterscheiden, ist es möglich, eine große Anzahl von Nukleinsäuremolekülen in einer Probe simultan zu detektieren, da für die Hybridisierungsreaktion für alle Sonden die selben Bedingungen bezüglich Temperatur aber auch Salzkonzentration, pH-Wert, etc. eingestellt werden.



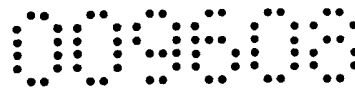
Weiters beschreibt z.B. die US 6,664,081 B2 eine Methode, Oligonukleotide und einen Kit zur Detektion von Mycobakterienarten unter Verwendung der erfindungsgemäßen Oligonukleotide zur in-vitro Amplifikation der 16S rRNA-Sequenzen für viele Arten der Gattung Mycobakterium.

Aufgabe der vorliegenden Erfindung ist ein Verfahren und Reagenzien zur Verfügung zu stellen, die einen sensitiven und spezifischen Nachweis von Bakterienkontaminationen, vorzugsweise in physiologischen Proben, ermöglichen.

Die Aufgabe wird jeweils eigenständig durch Oligonukleotide mit einer Nukleotidsequenz komplementär zu einer Nukleotidsequenz kodierend für eine Sequenz der hochkonservierten 16S rDNA Region eines Bakteriengenoms, wobei das Oligonukleotid mindestens 10 aufeinander folgende Basen einer Sequenz ausgewählt aus einer Gruppe umfassend SEQ ID NO:5 bis SEQ ID NO:35 aufweist, einem Verfahren umfassend die Schritte i) Extraktion der Nukleinsäure, insbesondere Bakterien-DNA, ii) Amplifikation mit Primern und Detektion mit Oligonukleotiden, insbesondere fluoreszenzmarkierten Oligonukleotiden als Hybridisierungssonden, gemäß einem der Ansprüche 1 bis 26 in einer Realtime-PCR und iii) Auswertung über Schmelzkurvenanalyse und einem Kit enthaltend wenigstens ein Primerpaar zur Amplifikation, vorzugsweise gemäß Anspruch 32 und/oder 35, und zumindest ein Oligonukleotid gemäß einem der Ansprüche 1 bis 26, gegebenenfalls eine thermostabile DNA-Polymerase und dNTP-Lösungen, gelöst. Die Auswahl der erfindungsgemäßen bakterienspezifischen Oligonukleotide als Hybridisierungssonden gewährleistet die Detektion von insgesamt ca. 230 pathogenen Bakterien. Die Sensitivität des Verfahrens wird durch die Auswahl von spezifischen Primern für die Amplifikation von Nukleinsäuresequenzen in der hochkonservierten 16S rDNA-Region und die Spezifität durch die erfindungsgemäßen Oligonukleotide gewährleistet.

Dabei ist es besonders vorteilhaft eine 5'- und/oder 3'-Modifizierung, insbesondere mit Fluoreszenzmarkierung, durchzuführen um eine einfache Detektion, durch welche die Zugabe weiterer Reagenzien und somit ein abermaliges Öffnen des Reaktionsgefäßes vermieden werden kann, zu ermöglichen.

Vorzugsweise werden durch Oligonukleotide ausgewählt aus einer Gruppe umfassend SEQ ID NO:5, SEQ ID NO:6 bis SEQ ID NO:8, SEQ ID NO:13 bis SEQ ID NO:15, SEQ

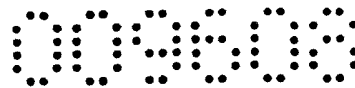


ID NO:28, SEQ ID NO:29 und SEQ ID NO:31 gram-positive Bakterienarten und durch Oligonukleotide ausgewählt aus einer Gruppe umfassend SEQ ID NO:5 , SEQ ID NO:09 bis SEQ ID NO:11, SEQ ID NO:16 bis SEQ ID NO:27, SEQ ID NO:30 und SEQ ID NO:32 bis SEQ ID NO:35 gram-negative Bakterienarten nachgewiesen. Dadurch kann vorab eine Klassifizierung in gram-positive oder gram-negative Bakterienarten erfolgen.

Dabei ist es besonderes günstig, dass Oligonukleotid SEQ ID NO:6 spezifisch für die Gattung *Enterococcus*, *Kurthia*, *Lactobacillus* und/oder *Listeria* ist und selektiv *Enterococcus avium*, *Enterococcus casseliflavus*, *Enterococcus durans*, *Enterococcus faecalis*, *Enterococcus faecium*, *Enterococcus gallinarum*, *Enterococcus hirae*, *Kurthia gibsonii*, *Kurthia sibirica*, *Lactobacillus acidophilus*, *Lactobacillus casei*, *Lactobacillus fermentum*, *Lactobacillus plantarum*, *Lactobacillus salivarius*, *Listeria monocytogenes* und/oder *Listeria pyogenes*, vorzugsweise in einer physiologischen Probe, detektiert.

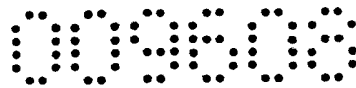
Vorteilhaft ist zudem auch, dass Oligonukleotid SEQ ID NO:7 spezifisch für die Gattung *Leuconostoc* und/oder *Streptococcus* ist und selektiv *Leuconostoc citreum*, *Leuconostoc lactis*, *Streptococcus agalactiae*, *Streptococcus anginosus*, *Streptococcus bovis*, *Streptococcus mitis*, *Streptococcus pneumoniae*, *Streptococcus pyogenes*, *Streptococcus salivarius*, *Streptococcus sanguinis* und/oder *Streptococcus sp.*, vorzugsweise in einer physiologischen Probe, detektiert.

Oligonukleotid SEQ ID NO:8 ist vorteilhafterweise spezifisch für die Gattung *Bacillus*, *Clostridium*, *Mycoplasma* und/oder *Staphylococcus* und detektiert selektiv *Bacillus anthracis*, *Bacillus circulans*, *Bacillus pumilus*, *Bacillus sphaericus*, *Bacillus subtilis*, *Bacteroides capillosus*, *Brevibacillus laterosporus*, *Clostridium bifermentans*, *Clostridium botulinum*, *Clostridium butyricum*, *Clostridium clostridioforme*, *Clostridium difficile*, *Clostridium novyi*, *Clostridium perfringens*, *Clostridium septicum*, *Clostridium sporogenes*, *Clostridium tetani*, *Erysipelothrix rhusiopathiae*, *Fusobacterium alocis*, *Gemella haemolysans*, *Mycoplasma orale*, *Mycoplasma pulmonis*, *Mycoplasma buccale*, *Staphylococcus aureus*, *Staphylococcus capitis*, *Staphylococcus cohnii*, *Staphylococcus epidermidis*, *Staphylococcus haemolyticus*, *Staphylococcus hominis*, *Staphylococcus lugdunensis*, *Staphylococcus xylosus* und/oder *Veillonella parvula*, vorzugsweise in einer physiologischen Probe.



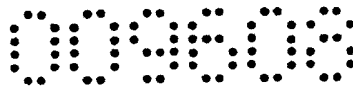
Vorzugsweise ist Oligonukleotid SEQ ID NO:9 spezifisch für die Gattung *Acinetobacter*, *Actinomyces*, *Aeromonas*, *Anaerobiospirillum*, *Bartonella*, *Brucella*, *Citrobacter*, *Enterobacter*, *Haemophilus*, *Klebsiella*, *Kluyvera*, *Legionella*, *Pasteurella*, *Proteus*, *Rickettsia*, *Salmonella*, *Serratia*, *Shigella*, *Vibrio*, *Yersinia*, und detektiert selektiv *Acinetobacter baumannii*, *Acinetobacter calcoaceticus*, *Acinetobacter haemolyticus*, *Acinetobacter johnsonii*, *Acinetobacter junii*, *Acinetobacter Iwoffii*, *Actinomyces meyeri*, *Actinomyces pyogenes*, *Aeromonas caciae*, *Aeromonas hydrophila*, *Aeromonas schubertii*, *Aeromonas veronii*, *Agrobacterium radiobacter*, *Alcaligenes faecalis*, *Anaerobiospirillum succiniciproducens*, *Anaerobiospirillum thomasi*, *Acrinobacterium pyogenes*, *Bartonella bacilliformis*, *Bartonella henselae*, *Brucella abortus*, *Brucella melitensis*, *Calymmatobacterium granulomatis*, *Citrobacter amalonaticus*, *Citrobacter freundii*, *Coxiella burnetti*, *Edwardsiella tarda*, *Enterobacter aerogenes*, *Enterobacter cloacae*, *Enterobacter sakazakii*, *Enterobacter* sp., *Escherichia coli*, *Haemophilus aegypticus*, *Haemophilus aphrophilus*, *Haemophilus ducreyi*, *Haemophilus parahaemolyticus*, *Haemophilus parainfluenzae*, *Haemophilus paraphrophilus*, *Haemophilus segnis*, *Hafnia alvei*, *Klebsiella oxytoca*, *Klebsiella pneumoniae*, *Klebsiella rhinoscleromatis*, *Kluyvera ascorbata*, *Kluyvera cryocrescens*, *Legionella dumoffii*, *Legionella micdadei*, *Morganella morganii*, *Ochrobactrum anthropi*, *Pantoea agglomerans*, *Pasteurella gallinarum*, *Pasteurella pneumotropica*, *Plesiomonas shigelloides*, *Propionibacterium acnes*, *Proteus mirabilis*, *Proteus penneri*, *Proteus vulgaris*, *Pseudomonas putida*, *Rickettsia akari*, *Rickettsia australis*, *Rickettsia conorii*, *Salmonella choleraesuis*, *Salmonella enterica*, *Salmonella paratyphi A*, *Salmonella paratyphi B*, *paratyphi C*, *Salmonella typhi*, *Salmonella typhimurium*, *Serratia ficaria*, *Serratia fonticola*, *Serratia grimesii*, *Serratia liquefaciens*, *Serratia marcescens*, *Serratia rudis*, *Shigella boydii*, *Shigella dysenteriae*, *Shigella flexneri*, *Shigella sonnei*, *Vibrio alginolyticus*, *Vibrio hollisae*, *Wigglesworthia glossinidia*, *Xanthomonas campestris*, *Yersinia enterocolitica*, *Yersinia pestis* und/oder *Yersinia pseudotuberculosis* vorzugsweise in einer physiologischen Probe.

Dabei ist es günstig, dass Oligonukleotid SEQ ID NO:10 spezifisch für die Gattung *Achromobacter*, *Actinomadura*, *Actinomyces*, *Afipia*, *Bordetella*, *Burkholderia*, *Campylobacter*, *Capnocytophaga*, *Comamonas*, *Corynebacterium*, *Ehrlichia*, *Fusobacterium*, *Methylobacterium*, *Mycobacterium*, *Neisseria*, *Nocardia*, *Oligella*, *Prevotella* und/oder *Rhodococcus* ist und selektiv *Achromobacter piechaudii*, *Achromobacter xylosoxidans*, *Actinomadura madurae*, *Actinomadura pelletieri*, *Actinomyces bovis*, *Actinomyces naeslundii*, *Acti-*



nomycetes viscosus, *Afipia broomeae*, *Afipia felis*, *Bacteroides gracilis*, *Bilophila wadsworthia*, *Bordetella bronchiseptica*, *Bordetella parapertussis*, *Bordetella pertussis*, *Burkholderia cepacia*, *Burkholderia gladioli*, *Burkholderia mallei*, *Burkholderia pseudomallei*, *Campylobacter coli*, *Campylobacter fetus*, *Campylobacter jejuni*, *Campylobacter lari*, *Capnocytophaga canimorsus*, *Capnocytophaga cynodegmi*, *Capnocytophaga gingivalis*, *Capnocytophaga ochracea*, *Capnocytophaga sputigena*, *Chromobacterium violaceum*, *Comamonas terrigena*, *Comamonas testosteroni*, *Corynebacterium diphtheriae*, *Corynebacterium minutissimum*, *Corynebacterium pseudotuberculosis*, *Corynebacterium urealyticum*, *Ehrlichia canis*, *Ehrlichia chaffeensis*, *Ehrlichia sennetsu*, *Eikenella corrodens*, *Eubacterium lentum*, *Francisella tularensis*, *Fusobacterium necrophorum*, *Fusobacterium nucleatum*, *Gardnerella vaginalis*, *Haemophilus influenzae*, *Helicobacter pylori*, *Kingella kingae*, *Methylobacterium extorquens*, *Methylobacterium mesophilicum*, *Mycobacterium africanum*, *Mycobacterium avium*, *Mycobacterium bovis*, *Mycobacterium chelonae*, *Mycobacterium intracellulare*, *Mycobacterium kanasasii*, *Mycobacterium leprae*, *Mycobacterium malmoense*, *Mycobacterium marinum*, *Mycobacterium scrofulaceum*, *Mycobacterium tuberculosis*, *Mycobacterium xenopi*, *Neisseria cinerea*, *Neisseria gonorrhoeae*, *Neisseria meningitidis*, *Nocardia asteroides*, *Nocardia nova*, *Nocardia ocellatidis*, *Oligella urethralis*, *Oligella urelytica*, *Peptoniphilus asaccharolyticus*, *Peptostreptococcus prevotii*, *Porphyromonas gingivalis*, *Prevotella buccae*, *Prevotella buccalis*, *Prevotella corporis*, *Prevotella denticola*, *Prevotella oralis*, *Rhodococcus equi*, *Rhodococcus erythropolis*, *Rhodococcus rhodochrous*, *Stenotrophomonas maltophilia*, *Streptobacillus moniliformis*, *Tropheryma whippelii* und/oder *Weeksella virosa*, vorzugsweise in einer physiologischen Probe, detektiert.

Oligonukleotid SEQ ID NO:11 ist vorteilhafterweise spezifisch für die Gattung *Actinobacillus*, *Borrelia*, *Legionella*, *Moraxella* (*Branhamella*), *Providencia*, *Pseudomonas* und/oder *Vibrio* ist und detektiert selektiv *Actinobacillus actinomycetemcomitans*, *Actinobacillus equuli*, *Actinobacillus hominis*, *Actinobacillus suis*, *Actinobacillus ureae*, *Borrelia afzelii*, *Borrelia burgdorferi*, *Borrelia garinii*, *Borrelia hermsii*, *Borrelia hispanica*, *Chryseomonas luteola*, *Legionella dumoffii*, *Legionella micdadei*, *Legionella pneumophila*, *Moraxella* (*Branhamella*) *catarrhalis*, *Moraxella* (*Branhamella*) *nonliquefaciens*, *Moraxella* (*Branhamella*) *osloensis*, *Moraxella* (*Branhamella*) *phenylpyruvica*, *Pediococcus pentosaceus*, *Porphyromonas asaccharolytica*, *Providencia alcalifaciens*, *Providencia rettgeri*, *Providencia*



cia rustigianii, *Providencia stuartii*, *Pseudomonas aeruginosa*, *Pseudomonas fluorescense*, *Psychrobacter immobilis*, *Vibrio cholerae*, *Vibrio parahaemolyticus* und/oder *Vibrio vulnificus*, vorzugsweise in einer physiologischen Probe.

Von Vorteil erweist sich, dass Oligonukleotid SEQ ID NO:13 und SEQ ID NO:14 spezifisch für die Gattung *Actinomyces* sind und SEQ ID NO:13 selektiv *Actinomyces israelii* und SEQ ID NO:14 selektiv *Actinomyces odontolyticus* und Oligonukleotid SEQ ID NO:15 spezifisch für die Gattung *Arcanobacterium* ist und selektiv *Arcanobacterium haemolyticum*, vorzugsweise in einer physiologischen Probe, detektieren.

Oligonukleotid SEQ ID NO:16 bis SEQ ID NO:20 sind vorteilhafterweise spezifisch für die Gattung *Bacteroides*, wobei SEQ ID NO:16 selektiv *Bacteroides eggerthii*, SEQ ID NO:17 selektiv *Bacteroides fragilis*, SEQ ID NO:18 selektiv *Bacteroides forsythus*, SEQ ID NO:19 selektiv *Bacteroides merdae* und SEQ ID NO:20 selektiv *Bacteroides putredinis*, vorzugsweise in einer physiologischen Probe, detektiert.

Oligonukleotid SEQ ID NO:21 und SEQ ID NO:22 sind spezifisch für die Gattung *Chlamydiae* und SEQ ID NO:21 detektiert selektiv *Chlamydiae trachomatis* und SEQ ID NO:22 selektiv *Chlamydiae pneumoniae*, vorzugsweise in einer physiologischen Probe.

Oligonukleotid SEQ ID NO:23 ist spezifisch für die Gattung *Fusobacterium* und detektiert selektiv *Fusobacterium sulci*, und Oligonukleotid SEQ ID NO:24 und SEQ ID NO:25 sind spezifisch für die Gattung *Leptospira* und SEQ ID NO:24 detektiert selektiv *Leptospira biflexa* und SEQ ID NO:25 *Leptospira interrogans*, jeweils vorzugsweise in einer physiologischen Probe.

Oligonukleotid SEQ ID NO:26 ist spezifisch für die Gattung *Mobiluncus* und detektiert selektiv *Mobiluncus mulieris* und Oligonukleotid SEQ ID NO:27 ist spezifisch für die Gattung *Mycoplasma* und detektiert selektiv *Mycoplasma pneumoniae*, jeweils vorzugsweise in einer physiologischen Probe.

Oligonukleotid SEQ ID NO:28 und SEQ ID NO:29 sind vorteilhafterweise spezifisch für die Gattung *Peptostreptococcus* und SEQ ID NO:28 detektiert selektiv *Peptostreptococcus anaerobicus* und SEQ ID NO:29 selektiv *Peptostreptococcus magnus*, vorzugsweise in einer physiologischen Probe.

Von Vorteil erweist sich, dass Oligonukleotid SEQ ID NO:30 spezifisch für die Gattung *Porphyromonas* ist und selektiv *Porphyromonas endodontalis* und Oligonukleotid SEQ ID NO:31 spezifisch für die Gattung *Rothia* ist und selektiv *Rothia dentocariosa*, vorzugsweise in einer physiologischen Probe, detektiert.

Oligonukleotid SEQ ID NO:32 und SEQ ID NO:33 sind spezifisch für die Gattung *Sphingobacterium* und SEQ ID NO:32 detektiert selektiv *Sphingobacterium multivorum* und SEQ ID NO:33 selektiv *Sphingobacterium spiritovorum*, vorzugsweise in einer physiologischen Probe.

Dabei erweist sich als günstig, dass Oligonukleotid SEQ ID NO:34 spezifisch für die Gattung *Treponema* ist und selektiv *Treponema pallidum* und Oligonukleotid SEQ ID NO:35 spezifisch für die Gattung *Ureaplasma* ist und selektiv *Ureaplasma urealyticum*, vorzugsweise in einer physiologischen Probe, detektiert.

Die Oligonukleotide der SEQ ID NO:5 bis SEQ ID NO:35 erweisen sich als besonders vorteilhaft, weil dadurch Bakterienarten spezifisch erkannt werden können und zudem eine Zuordnung zu bestimmten Bakteriengattungen erfolgen kann.

Vorteilhaft erweist sich auch, dass die Oligonukleotide SEQ ID NO:5 bis SEQ ID NO:35 Nukleotidsequenzen komplementär zu den erfindungsgemäßen Oligonukleotidsequenzen aufweisen können, wodurch an beide Stränge des DNA-Doppelstranges das Oligonukleotid binden kann und somit jeder der beiden Stränge der DNA-Sequenz kontaminierender Bakterien in einer biologischer Probe erkannt werden kann.

Gemäß einem weiteren Aspekt betrifft die vorliegende Erfindung eine Zusammensetzung umfassend eine Kombination von Oligonukleotiden zum Nachweis von Bakterien-DNA kodierend für eine Sequenz der hochkonservierten 16S rDNA Region, wobei das erste Oligonukleotid mindestens 10 aufeinander folgende Basen der Oligonukleotide SEQ ID NO:5 aufweist und am 3'-Ende mit Fluorescein markiert ist und das weitere Oligonukleotid mindestens 10 aufeinander folgende Basen zumindest eines der Oligonukleotide SEQ ID NO:6 bis SEQ ID NO:35 aufweist und am 5'-Ende mit einem Fluoreszenzfarbstoff markiert ist, wodurch von Vorteil ist, dass das Fluoreszenz-Resonanz-Energie-Transfer (FRET)-Prinzip genutzt werden kann. Die beiden Hybridisierungssonden binden an der gesuchten Ziel-

DNA in räumlicher Nähe und das Fluorescein der ersten Hybridisierungssonde überträgt die Energie auf den benachbarten zweiten Fluoreszenzfarbstoff, der nun Fluoreszenz emittiert, deren Intensität in Summe direkt proportional der Menge an Ziel-DNA ist.

Die Realtime-PCR ermöglicht sowohl die Amplifikation als auch Detektion im gleichen geschlossenen Reaktionsgefäß, wodurch sowohl das Risiko der Übertragung einer Kontamination von einem zum anderen Reaktionsgefäß als auch der zeitliche Aufwand, welcher durch das Öffnen und Schließen des Reaktionsgefäßes bzw. durch das Umpipettieren des Amplifikats entstehen, verringert werden. Die erfindungsgemäße Realtime PCR zur Detektion von Bakterien in physiologischen Proben zeichnet sich zudem durch ihre hohe Robustheit und hohe Routinefähigkeit aus. Im Vergleich zu Kultivierungsmethoden gibt es keine signifikanten Unterschiede, wohingegen die Realtime PCR-Methode ein schnelleres Ergebnis als die Kultivierung liefert. Auch Erreger, die sich nicht kultivieren lassen bzw. Erreger, die sehr langsam wachsen, können mittels PCR zeitgerecht und sehr sensitiv detektiert werden.

Durch die Oligonukleotide mit einer Länge von mindestens 10 aufeinander folgenden Basen der Oligonukleotide SEQ ID:1 und SEQ ID NO:2 als Primer wird auf vorteilhafte Weise ermöglicht, dass hochkonservierte Sequenzen von verschiedenen Bakterienstämmen und -arten mit Primern derselben Sequenz amplifiziert werden können.

Vorzugsweise werden Kontrollen, wie eine interne Kontrolle ab der Extraktion und zumindest eine Negativ- und Positivkontrolle, insbesondere während der Amplifikation, mitgeführt. Dadurch können falsch positive und falsch negative Ergebnisse, welche durch eine Funktionsstörung oder Verunreinigung verursacht werden, ausgeschlossen werden.

Vorzugsweise enthält die zumindest eine Positivkontrolle eine Nukleinsäuresequenz von *Salmonella choleraesuis*, *Pseudomonas aeruginosa* und/oder *Staphylococcus epidermidis*, wodurch gewährleistet wird, dass bei einem störungsfreien Verfahren in jedem Fall bei den Positivkontrollen ein Signal detektiert werden kann und somit ein Rückschluss auf das Funktionieren der Extraktion, Amplifikation und Detektion zulässig ist.

Dabei ist es besonders vorteilhaft, wenn die Nukleinsäuresequenz der zumindest einen internen Kontrolle mit einem Primerpaar bestehend aus einem Oligonukleotid mit einer Län-



ge von mindestens 10 aufeinander folgenden Basen des Oligonukleotids SEQ ID NO:3 und SEQ ID NO:4 amplifiziert wird, wodurch Nukleinsäuresequenzen der internen Kontrolle nachgewiesen werden, die bereits ab der Extraktion zugesetzt sind und coamplifiziert werden und somit auch als Workflow-Kontrolle dienen. Es kann dadurch beispielsweise auch eine Extraktionsschwankung oder eine unzureichende Amplifikation nachgewiesen werden.

Vorzugsweise werden dabei die Nukleinsäuresequenzen der internen Kontrolle mit einem Oligonukleotid mit einer Länge von mindestens 10 aufeinander folgenden Basen des Oligonukleotids SEQ ID NO: 12 oder deren komplementäre Sequenz hybridisiert, wodurch auch die interne Kontrolle mit demselben Verfahren amplifiziert und insbesondere detektiert werden kann. Durch die Zugabe der internen Kontrolle ab der Extraktion ist es möglich, den gesamten Prozess beginnend bei der Extraktion bis zur Hybridisierung zu überprüfen. Zudem zeichnet sich das Amplifikat der internen Kontrolle durch eine Länge von ca. 60 Basenpaaren aus.

Die Realtime-PCR wird in Kapillaren durchgeführt, wodurch ein weiterer Vorteil dieses Verfahrens ist, dass die PCR-Reaktionsgefäße nach der Amplifikation nicht mehr geöffnet werden müssen, da die Messungen und Quantifizierung nach Beendigung der PCR-Reaktion abgeschlossen sind. Es entfällt somit die teilweise aufwändige Aufbringung der PCR-Produkte auf ein Gel und, was wichtiger ist, es entfällt das Risiko von Carryover-Kontaminationen durch PCR-Produkte, die bei der diagnostischen PCR eine der Hauptkontaminationsquellen sind.

Vorzugsweise erfolgt eine Inkubation der physiologischen Probe mit einer Enzymlösung, insbesondere Lysostaphin-Lysozym-Lösung, vor der Extraktion, um die Sensitivität für den Nachweis schwer aufzuschließender gram-positiver Bakterien zu erhöhen.

Bei der Extraktion werden die Zellen lysiert, bakterielle DNA freigesetzt, die DNA an magnetisierte Partikel gebunden, gereinigt und zuletzt mit einem Puffer eluiert, wodurch standardisierte Verfahren zur Aufreinigung der kontaminierenden Nukleinsäuresequenz für das erfindungsgemäße Verfahren verwendet werden können und somit kostengünstige Methoden zur Verfügung stehen.



Vorzugsweise erfolgt eine Inkubation der physiologischen Probe mit einer Enzymlösung, insbesondere Lysostaphin-Lysozym-Lösung, vor der Extraktion, um die Sensitivität für den Nachweis schwer aufzuschließender gram-positiver Bakterien zu erhöhen.

Dabei ist es besonders günstig eine Nukleinsäuresequenz aus der hochkonservierten 16S rDNA Region eines Bakteriengenoms zu amplifizieren, um mit dem Einsatz möglichst weniger Reagenzien, insbesondere Primersequenzen, eine möglichst umfangreiche Detektion diverser Bakterienarten zu ermöglichen.

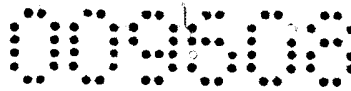
Mit dem erfindungsgemäßen Verfahren können vorteilhafterweise eine Vielzahl unterschiedlicher, physiologischer Proben wie eine Körperflüssigkeit aus einer Gruppe umfassend Blut, Blutfraktionen, Plasma, Knochenmark, Urin, Stuhl, Speichel, Lymphe, Exsudate, Transsudate, Sekrete, Spinalflüssigkeit, Samenflüssigkeit, dispergiertes Gewebe und/oder Flüssigkeiten aus natürlichen oder unnatürlichen Körperhöhlen bzw. Abstriche analysiert werden. Es müssen somit keine oder nur geringe Adaptierungsschritte für Proben jeweils unterschiedlichen Ursprungs durchgeführt werden.

Besonders bevorzugt als physiologische Probe werden mit dem erfindungsgemäßen Verfahren Thrombozyten analysiert. Thrombozytenkonzentrate sind nämlich für den Großteil von Blutbestandteil-assoziiierter Sepsis verantwortlich. Die Häufigkeit von bakteriellen Kontaminationen von Thrombozyten ist relativ hoch.

Aufgrund der spezifischen Sonden ist es weiters möglich gram-positive und gram-negative Bakterien zu unterscheiden und mittels der Schmelztemperatur den jeweiligen Bakterienstämmen zuzuordnen bzw. die Bakterienart zu bestimmen.

Vorzugsweise sind im Kit auch weitere Komponenten, wie Magnesiumchloridlösung, Rinderserumalbumin, Puffer und steriles Wasser enthalten, wodurch aufeinander abgestimmte Reagenzien zur Detektion verschiedener Bakterienarten verwendet werden und somit ein Einschleppen von Fremdkontaminationen mit Reagenzien unbekannten Ursprungs vermieden werden kann.

Im speziellen beschreibt die vorliegende Erfindung ein Verfahren zur Detektion von Bakterienkontaminationen in physiologischen Flüssigkeiten.



Die Probenvorbereitung der biologischen Probe erfolgt anhand der automatisierten Extraktionsmethode MagNA Pure Compact Nucleic Acid Isolation Kit - large volume der Fa. Roche Diagnostics, wobei anhand verschiedener Puffer die Zellen aufgeschlossen werden und bakterielle DNA freigesetzt wird. Die DNA wird an magnetisierte Partikel gebunden, gereinigt und letztendlich in einem speziellen Puffer eluiert.

Um eine höhere Extraktionseffizienz zu erreichen und den Aufschluss der Bakterien zu verbessern, wird die Probe vor der Extraktion mit einer speziellen Enzymlösung, einer Lysostaphin-Lysozym-Lösung, inkubiert.

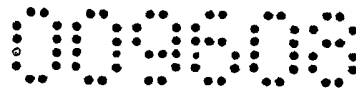
Die Lysostaphin-Lysozym-Lösung besteht aus 100 mg/ml Lysozym und 5 mg/ml Lysostaphin und Wasser bzw. Puffer, vorzugsweise PBS (phosphate buffered saline).

Es wird beispielsweise DNA aus 1000 µl Plasma oder Thrombozytenkonzentrat nach vorgeschalteter Enzyminkubation zur verbesserten Aufschließung der Bakterien isoliert. Die biologische Probe wird mit 10 µl Lysostaphin-Lysozym-Lösung (Konzentration der Stocksolution: 10 g/ml Lysozym und 15 mg/ml Lysostaphin) für 30 Minuten bei 45°C inkubiert. Die freigesetzte DNA wird anschließend an die magnetisierten Partikel gebunden. Nach mehreren Waschschritten wird die DNA mit 50 µl Elutionspuffer eluiert.

Zusätzlich wird ab der Extraktion eine interne Kontrolle (pAW109, Applied Biosystems) mitgeführt. Diese ab der Extraktion mitgeführte interne Kontrolle wird mittels Taqman-sonde (Fam/BHQ-1), Oligonukleotid SEQ ID NO:12) detektiert, wobei das angeregte Fam-Molekül erst durch eine Hydrolyse der Taqmansonde Fluoreszenz abgibt und durch die Trennung von Farbstoff und Quencher die emittierte Fluoreszenz gemessen werden kann, wobei die Intensität der emittierten Fluoreszenz direkt proportional der Menge an Ziel-DNA ist.

Die extrahierte DNA wird anschließend in einer Realtime-PCR amplifiziert, wobei die DNA dem Mastermix vermengt und am Light Cycler amplifiziert und mit bakterien-spezifischen Sonden detektiert wird.

Die Quantifizierung der PCR-Produkte erfolgt aufgrund der Nutzung von DNA-Farbstoffen. Die Fluoreszenzfarbstoffe lagern sich in die DNA ein, interkalieren bzw. binden an die doppelsträngige DNA, wodurch die Fluoreszenz dieser Farbstoffe ansteigt. Die

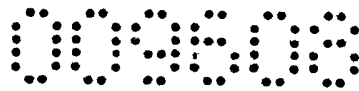


Zunahme der Target-DNA korreliert daher mit der Zunahme der Fluoreszenz von Zyklus zu Zyklus. Nach abgelaufener PCR kann eine Schmelzkurvenanalyse durchgeführt werden, anhand derer die Spezifität bestimmt werden kann. Bei einer Schmelzkurvenanalyse wird die DNA aufgeschmolzen und dann die Temperatur langsam erhöht. Für die Schmelzkurvenanalyse wird 10 sec bei 95°C denaturiert und 30 Sekunden auf 50°C abgekühlt und kontinuierlich auf 80°C mit einer Geschwindigkeit von 0,2°C/s erhöht. Bei einer für jede Sequenz spezifischen Temperatur werden die beiden Hybridisierungs sonden räumlich voneinander getrennt, wodurch die Fluoreszenz abnimmt und über eine mathematische Ableitung die Schmelztemperatur bestimmt werden kann.

Die Detektion der Bakterienarten erfolgt online mittels Realtime-PCR. Die Realtime-PCR-Technologie erlaubt eine quantitative Echtzeitanalyse der PCR über die Messung von laserinduzierten Fluoreszenzsignalen. In speziellen hochfeinen Kapillaren, vorzugsweise mit einem Fassungsvermögen von 100 µl, wird die Amplifikation und Analyse durchgeführt.

Unter dem Begriff Realtime PCR wird im Rahmen dieser Erfindung eine Vervielfältigungsmethode für Nukleinsäuren, die auf dem Prinzip der herkömmlichen PCR beruht und zusätzlich die Möglichkeit der Quantifizierung bietet, verstanden. In der Literatur werden folgende Bezeichnungen wie Echtzeit-PCR, Fluoreszenz-Hybridisierungs-PCR, LightCycler-PCR, Hybridisation Probe-PCR, FRET-PCR und quantitative PCR, synonym verwendet. Ein großer Vorteil der Realtime-PCR-Technologie ist die verringerte Kontaminationsgefahr. Das PCR-Amplifikat muss nicht mehr auf ein Agarosegel aufgetragen werden, wodurch eine Übertragung von Kontaminationen vermieden werden kann und zudem die Bestätigungsreaktion im PCR-Lauf durch die fluoreszenzmarkierte Hybridisierungssonden integriert wird.

Die Quantifizierung wird mit Hilfe von Fluoreszenzmessungen am Ende bzw. während eines PCR-Zyklus (Realtime) durchgeführt und unterscheidet sich somit von anderen quantitativen PCR-Methoden, die erst nach Ablauf der PCR quantitativ ausgewertet werden (z.B. kompetitive PCR). Die Fluoreszenz nimmt proportional mit der Menge der PCR-Produkte zu, was eine Quantifizierung möglich macht. Die gelelektrophoretische Auftrennung der Fragmente ist nicht nötig, die Daten sind sofort verfügbar und das Kontaminationsrisiko ist somit gering.



Zum PCR-Ansatz werden neben den spezifischen Primern auch zumindest zwei sequenzspezifische Hybridisierungs sonden oder eine sequenzspezifische Taqmansonde zugegeben. Die zumindest eine Sonde bindet an eine Nukleinsäuresequenz zwischen den beiden Primern und ist mit zwei verschiedenen Fluoreszenzfarbstoffen markiert. Die Sonde ist vorzugsweise am 3'-Ende mit einem Quencherfarbstoff und am 5'-Ende mit einem fluoreszierenden Reporterfarbstoff markiert. Wenn die intakte Sonde durch Licht einer vordefinierten Wellenlänge angeregt wird, so wird die Fluoreszenzemission des Reporterfarbstoffes durch die räumliche Nähe zu dem Quencherfarbstoff unterdrückt (FRET-Prinzip). Die Stärke der Fluoreszenz des Reporterfarbstoffes ist proportional zur gebildeten DNA-Menge. Die Reporterfluoreszenz wird in vordefinierten Intervallen gemessen, ohne dass das PCR-Reaktionsgefäß geöffnet werden muss und es kann dadurch relativ einfach der Verlauf der PCR-Reaktion verfolgt werden. Innerhalb der PCR-Kurve kann ein geeigneter Punkt für die Quantifizierung gewählt werden.

Für die Amplifikation wird ein Mastermix hergestellt, der eine Lösung aus Enzym (MolTaq 16S), steriles Wasser, Puffer, Magnesiumchlorid, BSA (Rinderserumalbumin), Dinukleotidtriphosphate (dNTPs), Primer und Sonden darstellt. Da das Enzym rekombinant in *Escherichia coli* hergestellt wird und kein kontaminationsfreies Enzym kommerziell zur Verfügung steht, wird eine spezielle Taq-Polymerase eingesetzt, die nochmals mit PCR-Filter Units der Fa. Millipore aufgereinigt wird.

Beispielsweise besteht der Mastermix pro Probenansatz aus den nachfolgend aufgelisteten Komponenten und wird abschließend gefiltert:

Komponente	Volumen in µl je Probenansatz
H ₂ O	11,05
MgCl ₂ 25mM	3
10x Molzym Puffer	6,25
BSA 20µg/µl	0,6
dNTPs 10mM	1
MolTaq 16S 5U/µl	0,6
Summe	22,5µl

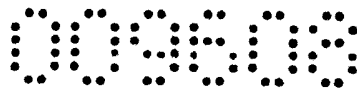
Zudem werden 2,5 µl eines 20x Detection Mix mit den spezifischen Hybridisierungssonden für jeden Probenansatz vorbereitet. In jede Kapillare werden 25 µl des fertigen Mastermixes vorgelegt und 25 µl der biologischen Probe oder der Negativ- bzw. Positivkontrolle beigemengt.

Der Detektion Mix wird als Stock-Lösung hergestellt und umfasst folgende Komponenten:

Primer/Sonden	Konzentration in PCR [µM]	Stock [µM]	Volumen [µl] für 100µl
SEQ ID NO:1	0,3	100	6
SEQ ID NO:2	0,3	100	6
SEQ ID NO:5	0,2	50	8
SEQ ID NO:6	0,2	50	8
SEQ ID NO:7	0,2	50	8
SEQ ID NO:8	0,2	50	8
SEQ ID NO:9	0,2	50	8
SEQ ID NO:10	0,2	50	8
SEQ ID NO:11	0,2	50	8
SEQ ID NO:3	0,2	100	4
SEQ ID NO:4	0,2	100	4
SEQ ID NO:12	0,2	50	8
Σ			84
Wasser			16
Σ			100

Die Verwendung der Hybridisierungssonden ermöglicht die spezifische Detektion des PCR-Produkts, unspezifische Produkte und Primerdimere werden nicht detektiert.

Die Hybridisierungssonden SEQ ID NO:5 bis SEQ ID NO:35 sind mit unterschiedlichen, insbesondere fluoreszierenden Farbstoffen, wie z.B. LC 610, LC 640, LC 670, LC 705 und/oder Fluorescein, markiert.



Durch die Amplifikation mit den ausgewählten Primern in der konservierten 16S rDNA Region resultiert ein 466 Basenpaar-PCR-Produkt. Die Wahl der Ziel-DNA-Sequenz hängt von der größtmöglichen Konservierung der Sequenz in Anbetracht der verschiedenen Bakterienarten ab. Die Bakterien-PCR bedient sich der Primer SEQ ID NO:1 und SEQ ID NO:2 sowie Hybridisierungssonden, die innerhalb einer hoch konservierten Region der 16S rDNA des Bakteriengenoms lokalisiert sind.

Zur Detektion der gram-positiven und gram-negativen Bakterien, sowie zur Unterscheidung der Bakterienarten werden die verschiedenen Hybridisierungssonden SEQ ID NO:5 bis SEQ ID NO:11 und SEQ ID NO:13 bis SEQ ID NO:35, welche mit unterschiedlichen Farbstoffen markiert sind sowie unterschiedliche Schmelztemperaturen aufweisen, verwendet. Die interne Kontrolle wird mit der Sonde SEQ ID NO:12 detektiert.

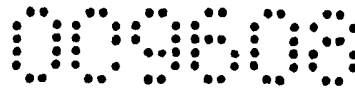
Als bakterienspezifische Sonden werden Oligonukleotide der SEQ ID NO:6 bis SEQ ID NO:11 und SEQ ID NO:13 bis SEQ ID NO:35 verwendet, wobei im nachfolgenden aufgezeigt wird, welche der Sonden gram-positive bzw. -negative Bakterienarten identifiziert und/oder für welche Bakterienart spezifisch ist.

Bakterienart	gram	Sequenz 5'-3'	SEQ ID NO
Actinomyces israelii	pos	ACGGTAGCCGGGTTATGAAGCGCCG	13
Actinomyces odontolyticus	pos	AGGGTAGTGGGTAAGAAGCGCCG	14
Arcanobacterium haemolyticum	pos	TGAATAAGCGCCGGCTAAGCGCG	15
Bacteroides eggerthii	neg	ATGTACCGTATGAATAAGGAT	16
Bacteroides fragilis	neg	ATGTATAATATGAATAAGGAT	17
Bacteroides forsythus	neg	ATGTACCTTGTGAATAAGCAT	18
Bacteroides merdae	neg	ATGTACCCTATGAATAAGCAT	19
Bacteroides putredinis	neg	AAGTATCGTACGAATAAGGAT	20
Chlamydiae trachomatis	neg	AGCGTACCAGGTAAAGAAGCACCG	21
Chlamydiae pneumoniae	neg	AGCGTACCGGGTAAAGAAGCACCG	22
Fusobacterium sulci	neg	TACCCTTGGAGGAAGCCGCGGCTAACTA	23

<i>Leptospira biflexa</i>	neg	TACCTACCTAAAGCACCGGCTAACTA	24
<i>Leptospira interrogans</i>	neg	TACCTGCCTAAAGCACCGGCTAACTA	25
<i>Mobiluncus mulieris</i>	neg	GGTAGCGGGGGAAGAAGCGCCG	26
<i>Mycoplasma pneumoniae</i>	neg	CTGTACCATTTTGAATAAGTGACG	27
<i>Peptostreptococcus anaerobius</i>	pos	TACCCTGTGAGGAAGCCCCGGCTAACTA	28
<i>Peptostreptococcus magnus</i>	pos	TACCATAGGAGGAAGCCCCGGCTAAATA	29
<i>Porphyromonas endodontalis</i>	neg	CATGTACTCTACGAATAAGTATCG	30
<i>Rothia dentocariosa</i>	pos	ACGGTAGGTGCAGAGAAAGCGCCG	31
<i>Sphingobacterium multivorum</i>	neg	CTGAATGTACTGGAAGAATAAGGATCG	32
<i>Sphingobacterium spiritivorum</i>	neg	CTGAATGTACCCAAGAATAAGGATCG	33
<i>Treponema pallidum</i>	neg	ACGGTAGTCGTGCGAATAAGCCCCG	34
<i>Ureaplasma urealyticum</i>	neg	ACTGTACCATTTGAATAAGTATCG	35
	pos	TAGTTAGCCGTGGCTTTCTGGTTAGATA	6
	pos	TAGTTAGCCGTCCCTTTCTGGTTAGATA	7
	pos	TAGTTAGCCGTGGCT TTCTGGTTAGGTA	8
	neg	CGGTGCTTCTTCTGCGAGTAAC	9
	neg	CGGTGCTTATTCTTTAGGTACCGT	10
	neg	CGGTGCTTATTCTGTTGGTAACGT	11

Die Oligonukleotide der SEQ ID NO:6 bis SEQ ID NO:11 detektieren, wie in der vorstehenden Tabelle beschrieben, teilweise sowohl gram-positive als auch gram-negative Bakterienarten. Welche Bakterienart sie spezifisch detektieren wird im nachfolgenden beschrieben.

Die Oligonukleotide SEQ ID NO:6 detektieren spezifisch die Gattungen *Enterococcus*, *Kurthia*, *Lactobacillus* und/oder *Listeria* und selektiv *Enterococcus avium*, *Enterococcus casseliflavus*, *Enterococcus durans*, *Enterococcus faecalis*, *Enterococcus faecium*, *Enterococcus gallinarum*, *Enterococcus hirae*, *Kurthia gibsonii*, *Kurthia sibirica*, *Lactobacillus acidophilus*, *Lactobacillus casei*, *Lactobacillus fermentum*, *Lactobacillus plantarum*, Lac-

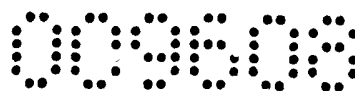


tobacillus salivarius, *Listeria monocytogenes*, *Listeria pyogenes*, vorzugsweise in einer physiologischen Probe.

Oligonukleotide der SEQ ID NO:7 detektieren spezifisch die Gattungen *Leuconostoc* und/oder *Streptococcus* und selektiv *Leuconostoc citreum*, *Leuconostoc lactis*, *Streptococcus agalactiae*, *Streptococcus anginosus*, *Streptococcus bovis*, *Streptococcus mitis*, *Streptococcus pneumoniae*, *Streptococcus pyogenes*, *Streptococcus salivarius*, *Streptococcus sanguinis* und/oder *Streptococcus sp.*, vorzugsweise in einer physiologischen Probe.

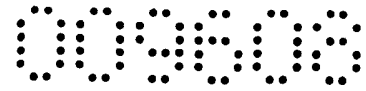
Die Gattungen *Bacillus*, *Clostridium*, *Mycoplasma* und/oder *Staphylococcus* werden spezifisch von Oligonukleotid SEQ ID NO:8 detektiert. Mit Oligonukleotid SEQ ID:NO 8 werden selektiv *Bacillus anthracis*, *Bacillus circulans*, *Bacillus pumilus*, *Bacillus sphaericus*, *Bacillus subtilis*, *Bacteroides capillosus*, *Brevibacillus laterosporus*, *Clostridium bifermentans*, *Clostridium botulinum*, *Clostridium butyricum*, *Clostridium clostridioforme*, *Clostridium difficile*, *Clostridium novyi*, *Clostridium perfringens*, *Clostridium septicum*, *Clostridium sporogenes*, *Clostridium tetani*, *Erysipelothrix rhusiopathiae*, *Fusobacterium alocis*, *Gemella haemolysans*, *Mycoplasma orale*, *Mycoplasma pulmonis*, *Mycoplasma buccale*, *Staphylococcus aureus*, *Staphylococcus capitis*, *Staphylococcus cohnii*, *Staphylococcus epidermidis*, *Staphylococcus haemolyticus*, *Staphylococcus hominis*, *Staphylococcus lugdunensis*, *Staphylococcus xylosus* und/oder *Veillonella parvula*, vorzugsweise in einer physiologischen Probe, nachgewiesen.

Oligonukleotide SEQ ID NO:9 detektieren spezifisch die Gattungen *Acinetobacter*, *Actinomyces*, *Aeromonas*, *Anaerobiospirillum*, *Bartonella*, *Brucella*, *Citrobacter*, *Enterobacter*, *Haemophilus*, *Klebsiella*, *Kluyvera*, *Legionella*, *Pasteurella*, *Proteus*, *Rickettsia*, *Salmonella*, *Serratia*, *Shigella*, *Vibrio*, *Yersinia*, und selektiv *Acinetobacter baumannii*, *Acinetobacter calcoaceticus*, *Acinetobacter haemolyticus*, *Acinetobacter johnsonii*, *Acinetobacter junii*, *Acinetobacter lwoffii*, *Actinomyces meyeri*, *Actinomyces pyogenes*, *Aeromonas caciae*, *Aeromonas hydrophila*, *Aeromonas schubertii*, *Aeromonas veronii*, *Agrobacterium radiobacter*, *Alcaligenes faecalis*, *Anaerobiospirillum succiniciproducens*, *Anaerobiospirillum thomasi*, *Acrobacterium pyogenes*, *Bartonella bacilliformis*, *Bartonella henselae*, *Brucella abortus*, *Brucella melitensis*, *Calymmatobacterium granulomatis*, *Citrobacter amalonaticus*, *Citrobacter freundii*, *Coxiella burnetti*, *Edwardsiella tarda*, *Enterobacter aerogenes*, *Enterobacter cloacae*, *Enterobacter sakazakii*, *Enterobacter sp.*, *Escherichia coli*, *Haemophilus aegypticus*, *Haemophilus*



aphrophilus, *Haemophilus ducreyi*, *Haemophilus parahaemolyticus*, *Haemophilus parainfluenzae*, *Haemophilus paraphrophilus*, *Haemophilus segnis*, *Hafnia alvei*, *Klebsiella oxytoca*, *Klebsiella pneumoniae*, *Klebsiella rhinoscleromatis*, *Kluyvera ascorbata*, *Kluyvera cryocrescens*, *Legionella dumoffii*, *Legionella micdadei*, *Morganella morganii*, *Ochrobactrum anthropi*, *Pantoea agglomerans*, *Pasteurella gallinarum*, *Pasteurella pneumotropica*, *Plesiomonas shigelloides*, *Propionibacterium acnes*, *Proteus mirabilis*, *Proteus penneri*, *Proteus vulgaris*, *Pseudomonas putida*, *Rickettsia akari*, *Rickettsia australis*, *Rickettsia conorii*, *Salmonella choleraesuis*, *Salmonella enterica*, *Salmonella paratyphi A*, *Salmonella paratyphi B*, *paratyphi C*, *Salmonella typhi*, *Salmonella typhimurium*, *Serratia ficaria*, *Serratia fonticola*, *Serratia grimesii*, *Serratia liquefaciens*, *Serratia marcescens*, *Serratia ruddiae*, *Shigella boydii*, *Shigella dysenteriae*, *Shigella flexneri*, *Shigella sonnei*, *Vibrio alginolyticus*, *Vibrio hollisae*, *Wigglesworthia glossinidia*, *Xanthomonas campestris*, *Yersinia enterocolitica*, *Yersinia pestis* und/oder *Yersinia pseudotuberculosis*, vorzugsweise in einer physiologischen Probe.

Oligonukleotid SEQ ID NO:10 detektiert spezifisch die Gattungen *Achromobacter*, *Actinomadura*, *Actinomyces*, *Afipia*, *Bordetella*, *Burkholderia*, *Campylobacter*, *Capnocytophaga*, *Comamonas*, *Corynebacterium*, *Ehrlichia*, *Fusobacterium*, *Methylobacterium*, *Mycobacterium*, *Neisseria*, *Nocardia*, *Oligella*, *Prevotella* und/oder *Rhodococcus* und selektiv *Achromobacter piechaudii*, *Achromobacter xylosoxidans*, *Actinomadura madurae*, *Actinomadura pelletieri*, *Actinomyces bovis*, *Actinomyces naeslundii*, *Actinomyces viscosus*, *Afipia broomeae*, *Afipia felis*, *Bacteroides gracilis*, *Bilophila wadsworthia*, *Bordetella bronchiseptica*, *Bordetella parapertussis*, *Bordetella pertussis*, *Burkholderia cepacia*, *Burkholderia gladioli*, *Burkholderia mallei*, *Burkholderia pseudomallei*, *Campylobacter coli*, *Campylobacter fetus*, *Campylobacter jejuni*, *Campylobacter lari*, *Capnocytophaga canimorsus*, *Capnocytophaga cynodegmi*, *Capnocytophaga gingivalis*, *Capnocytophaga ochracea*, *Capnocytophaga sputigena*, *Chromobacterium violaceum*, *Comamonas terrigena*, *Comamonas testosteroni*, *Corynebacterium diphtheriae*, *Corynebacterium minutissimum*, *Corynebacterium pseudotuberculosis*, *Corynebacterium urealyticum*, *Ehrlichia canis*, *Ehrlichia chaffeensis*, *Ehrlichia sennetsu*, *Eikenella corrodens*, *Eubacterium lentum*, *Francisella tularensis*, *Fusobacterium necrophorum*, *Fusobacterium nucleatum*, *Gardnerella vaginalis*, *Haemophilus influenzae*, *Helicobacter pylori*, *Kingella kingae*, *Methylobacterium extorquens*, *Methylobacterium mesophilicum*, *Mycobacterium africanum*, *Mycobacterium avi-*



um, *Mycobacterium bovis*, *Mycobacterium chelonae*, *Mycobacterium intracellulare*, *Mycobacterium kanasii*, *Mycobacterium leprae*, *Mycobacterium malmoeense*, *Mycobacterium marinum*, *Mycobacterium scrofulaceum*, *Mycobacterium tuberculosis*, *Mycobacterium xenopi*, *Neisseria cinerea*, *Neisseria gonorrhoeae*, *Neisseria meningitidis*, *Nocardia asteroides*, *Nocardia nova*, *Nocardia oostitidiscaviarum*, *Oligella urethralis*, *Oligella ureulytica*, *Peptoniphilus asaccharolyticus*, *Peptostreptococcus prevotii*, *Porphyromonas gingivalis*, *Prevotella buccae*, *Prevotella buccalis*, *Prevotella corporis*, *Prevotella denticola*, *Prevotella oralis*, *Rhodococcus equi*, *Rhodococcus erythropolis*, *Rhodococcus rhodochrous*, *Streptophomonas maltophilia*, *Streptobacillus moniliformis*, *Tropheryma whippely* und/oder *Weeksella virosa*, vorzugsweise in einer physiologischen Probe.

Die Gattungen *Actinobacillus*, *Borrelia*, *Legionella*, *Moraxella* (*Branhamella*), *Providencia*, *Pseudomonas* und/oder *Vibrio* werden spezifisch von Oligonukleotid SEQ ID NO:11 detektiert und weisen selektiv *Actinobacillus actinomycetemcomitans*, *Actinobacillus equuli*, *Actinobacillus hominis*, *Actinobacillus suis*, *Actinobacillus ureae*, *Borrelia afzelii*, *Borrelia burgdorferi*, *Borrelia garinii*, *Borrelia hermsii*, *Borrelia hispanica*, *Chryseomonas luteola*, *Legionella dumoffii*, *Legionella micdadei*, *Legionella pneumophila*, *Moraxella* (*Branhamella*) *catarrhalis*, *Moraxella* (*Branhamella*) *nonliquefaciens*, *Moraxella* (*Branhamella*) *osloensis*, *Moraxella* (*Branhamella*) *phenylpyruvica*, *Pediococcus pentosaceus*, *Porphyromonas asaccharolytica*, *Providencia alcalifaciens*, *Providencia rettgeri*, *Providencia rustigianii*, *Providencia stuartii*, *Pseudomonas aeruginosa*, *Pseudomonas fluorescense*, *Psychrobacter immobilis*, *Vibrio cholerae*, *Vibrio parahaemolyticus* und/oder *Vibrio vulnificus*, vorzugsweise in einer physiologischen Probe, nach.

Die Amplifikation der zu analysierenden biologischen Proben und der Negativ-, Positiv- und internen Kontrollen durchläuft folgendes PCR-Programm:

Die biologische Probe wird vorab 4 Minuten bei 95°C denaturiert und es folgen 45 Zyklen, wobei in jedem Zyklus die Denaturierung bei 95°C für 5 Sekunden, das Annealing bei 60°C für 25 Sekunden und die Extension 40 Sekunden bei 72°C erfolgt. Für die Schmelzkurve wird 10 Sekunden bei 95°C denaturiert, 30 Sekunden auf 50°C abgekühlt und kontinuierlich auf 80°C mit einer Geschwindigkeit von 0,2°C/s erhöht.

Während des gesamten Workflows werden Positivkontrollen - nämlich *Staphylococcus epidermidis* 1000 cfu/ml, *Pseudomonas aeruginosa* 2000 cfu/ml und *Salmonella choleraesius* 2000 cfu/ml – und eine Negativkontrolle (humanes Thrombozytenkonzentrat) mitgeführt. Um eine mögliche Inhibition feststellen zu können, wird in jedem Reaktionsansatz pAW109 cDNA als interne Kontrolle coamplifiziert. Die Nachweisgrenze für die einzelnen Bakterienarten liegt bei > 5cfu/ml.

Die Negativkontrolle und die Positivkontrolle *Staphylococcus epidermidis* 1000 cfu/ml werden ab der Extraktion mitgeführt und die zwei weiteren Positivkontrollen *Salmonella choleraesius* 2000 cfu/ml und *Pseudomonas aeruginosa* 2000 cfu/ml erst ab der Amplifikation.

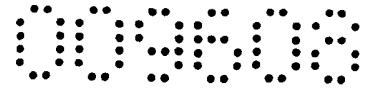
Für die Herstellung der Positivkontrolle mit *Staphylococcus epidermidis* werden abzentrifigiertes Thrombozytenkonzentrat und eine Bakteriensuspension in einer Konzentration von 1000 cfu/ml in einem Verhältnis von annähernd 4:1 pipettiert.

Für die Herstellung der Positivkontrolle mit *Salmonella choleraesius* 2000cfu/ml werden beispielsweise Thrombozytenkonzentrat und die Bakteriensuspension in einem Verhältnis von annähernd 2:1 vermischt. Weiters werden 1 ml Positivkontrolle mit 10 ml Lysozym-Lysostaphin-Lösung versetzt, gemischt und vorzugsweise bei 45°C inkubiert.

Die Herstellung der Positivkontrolle von *Pseudomonas aeruginosa* erfolgt wie jene von *Salmonella choleraesius*.

Anschließend erfolgt die Extraktion auf MagNa Pure Compact unter der Zugabe der internen Kontrolle pAW109.

Als interne Kontrolle wird GeneAmpRNA pAW109 ab der Extraktion verwendet, die vorerst in cDNA umgeschrieben, anschließend amplifiziert, verdünnt und gereinigt wird, vorzugsweise mit ExoSap und Microcon-Filtration, bevor sie als Kontrolle für klinische Analysen eingesetzt wird. Die interne Kontrolle wird den physiologischen Proben zugesetzt und ab Extraktion mitgeführt. Die interne Kontrolle wird mittels spezifischen Primern - SEQ ID NO:3 und SEQ ID NO:4 - im Reaktionsansatz coamplifiziert und dient als Workflow-Kontrolle. Der für die Amplifikation verwendete Vorwärtsprimer weist zumindest 10 aufeinander folgende Basen der Sequenz SEQ ID NO:1 5'-tcctacgggaggcagcagt-3'



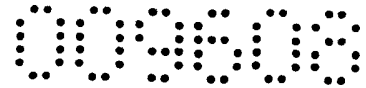
und der Rückwärtsprimer 10 aufeinander folgende Basen der Sequenz SEQ ID NO:2 5'-ggactaccagggtatctaatacctgtt-3' auf.

Zur Detektion der internen Kontrolle wird eine Fam/BHQ-1 markierte Taqman-Sonde dem Amplifikationsmix beigemengt, wobei das angeregte Fam-Molekül erst durch eine Hydrolyse der Taqmansonde Fluoreszenz abgibt und durch die Trennung von Farbstoff und Quencher die emittierte Fluoreszenz gemessen werden kann, wobei die Intensität der emittierten Fluoreszenz direkt proportional der Menge an Ziel-DNA ist. Die Sonden SEQ ID NO:6 bis SEQ ID NO:11 und SEQ ID:13 bis SEQ ID NO:35 können ebenfalls als Taqman-Sonden verwendet werden.

Wenn die beiden Fluoreszenzfarbstoffe (z.B. Tamra oder Fam des 5'-Endes und BHQ-1 des 3'-Endes) der Taqman Sonde nahe zusammen sind, wird nach Anregung, beispielsweise durch einen Laser, die Energie des Reporterfarbstoffes auf den Quencherfarbstoff übertragen und dieser emittiert Licht. Während der PCR werden beide Primer mittels Polymerase so lange verlängert, bis sie auf die Sonde treffen. Dort wird die hybridisierte DNA-Sonde vom DNA-Strang gelöst und mit Hilfe mit der 5'-3'- Exonukleaseaktivität der Polymerase abgebaut. Durch die Sondenhydrolyse wird die räumliche Nähe zwischen Reporter und Quencher unterbrochen und eine steigende Fluoreszenz des Reporterfarbstoffs kann gemessen werden. Eine Hydrolyse der Sonde durch die 5'-3'- Exonukleaseaktivität kann nur dann erfolgen, wenn es zu einer sequenzspezifischen Hybridisierung zwischen Sonde und Zielsequenz kommt. Entsprechend der Amplifikation des spezifischen PCR-Fragments steigt das Fluoreszenzsignal an. Dabei ist die Fluoreszenzzunahme dem Zuwachs an PCR-Amplifikaten direkt proportional.

Durch die interne Kontrolle kann eine Extraktionsschwankung oder eine unzureichende Amplifikation festgestellt werden. Das Amplifikat zeichnet sich durch eine Länge von annähernd 60 Basenpaaren aus. Eine Fam-BHQ-1 markierte Taqmansonde hybridisiert mit dem Template. Das Signal wird im Kanal 530 abgelesen und analysiert (wie nachfolgend noch ausführlich beschrieben). Die Sequenz der Fam-BHQ-1 markierten Taqmansonde ist SEQ ID NO:12.

Die Amplifikation der internen Kontrolle erfolgt in einer Lösung bestehend aus Wasser, Mn, Enzymmix, Primer der SEQ ID NO:3 und SEQ ID NO:4 sowie der Sonde der SEQ ID



NO:12. Im speziellen betragen die Konzentrationen und Volumina für den Mastermix: 3,5 µl Wasser, 1 µl 50 mM Mn, 7,5 µl 2,7x Enzymmix, je 1 µl 5 mM Primer SEQ ID NO:3 und SEQ ID NO:4 und 1 µl 5 mM Sonde SEQ ID NO:12. 15 µl des Mastermix werden zu 5 µl der positiven Kontrolle pipettiert und revers transkribiert und amplifiziert. Die reverse Transkription erfolgt für 30 Minuten bei 60°C. Zur Amplifikation wird die Probe vorab 8 Minuten bei 95°C denaturiert und anschließend in 45 Zyklen zu je 15 Sekunden bei 95°C, 1 Minute bei 60°C und 1 Minute bei 40°C amplifiziert.

Eine Inhibition durch positive Amplifikation der internen Kontrolle kann ausgeschlossen werden.

Die Auswertung über Schmelzkurven erlaubt eine Unterscheidung von gram-positiven und gram-negativen Bakterien und eine Zuweisung zu Bakterienarten anhand der Schmelztemperatur der Hybridisierungssonden von der amplifizierten DNA. Schmelzkurvenanalysen werden am Ende der PCR durchgeführt. Dabei wird eine Temperaturkurve, beginnend bei 50 °C, bis 80 °C durchgeführt und aufgezeichnet. An einem bestimmten Temperaturpunkt lösen sich dabei die Sonden von der bakteriellen DNA und die Fluoreszenz nimmt ab.

Durch Integrieren der Fluoreszenz durch die Temperatur entsteht ein Schmelzpeak, der zur Auswertung der Ergebnisse herangezogen werden kann.

Die Beurteilung und Auswertung der Wildtypproben erfolgt ausschließlich mit Schmelzkurvenanalyse mittels eines nach der Validierung festgelegten Cut offs. Durch sehr leicht auftretende bakterielle Kontaminationen während des Workflows bzw. durch das Enzym wird dieser Cut off bei der Schmelzkurvenanalyse bei einem Fluoreszenzsignal von > 0,03 bestimmt. Die Auswertung der internen Kontrolle erfolgt über absolute Quantifikationsanalyse.

Für eine eindeutige Auswertung aller Kanäle muss eine MultiColorDemo-kit Color Compensation importiert werden, um den Crosstalk zwischen den Kanälen auszuschalten.

Nach Abschluss der PCR werden die einzelnen Kanäle wie folgt ausgewertet und die interne Kontrolle und die Positivkontrollen kontrolliert:

Kanal 530: interne Kontrolle pAW109;

Kanal 610: Staphylococcus epidermidis 1000 cfu/ml (gram positiv)
Staphylococcus aureus 1000 cfu/ml (gram positiv)

Kanal 640: Salmonella choleraesius 2000 cfu/ml (gram negativ)

Kanal 705: Pseudomonas aeruginosa 2000 cfu/ml (gram negativ)

Im Kanal 530 müssen alle Proben einen positiven Kurvenanstieg aufweisen. Im Kanal 610 werden gram-positive Bakterien nachgewiesen. Die Positivkontrolle Staphylococcus epidermidis muss in der Schmelzkurvenanalyse einen eindeutigen Kurvenverlauf mit einem Fluoreszenzwert von $\sim 0,55$ aufweisen. Zudem wird dieser Fluoreszenzwert auch als Funktionsüberprüfung des Lysozym-Lysostaphin-Verdaus verwendet.

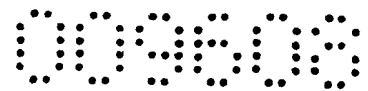
Gram-negative Bakterien werden im Kanal 640 analysiert und detektiert, wobei Salmonella choleraesius in der Schmelzkurvenanalyse einen eindeutigen Kurvenverlauf mit einem Fluoreszenzwert von $\sim 0,6$ aufweisen muss.

Auch im Kanal 705 werden gram-negative Bakterien detektiert. Die Positivkontrolle Pseudomonas aeruginosa muss in der Schmelzkurvenanalyse einen eindeutigen Kurvenverlauf mit einem Fluoreszenzwert von $\sim 0,8$ zeigen.

Ein deutlicher Schmelzkurvenanstieg einer zu untersuchenden biologischen Probe in einem der 4 Kanäle, der eine Fluoreszenz $> 0,03$ aufweist, gilt als positiv. Solche Proben werden im klinischen Alltag um eine relevante Aussage treffen zu können erneut extrahiert und amplifiziert.

Im nachfolgenden werden exemplarisch die Schmelztemperaturen und Kanäle einzelner Bakterienarten aufgelistet:

Bakterienart	Typus	Schmelztemperatur	Kanal
Pseudomonas aeruginosa	gram-negativ	68,5	705
Salmonella choleraesius	gram-negativ	62,5	640
Staphylococcus epidermidis	gram-positiv	68	610
Enterococcus faecalis	gram-positiv	71	610
Clostridium sporogenes	gram-positiv	60,8	610



Lactobacillus fermentum	gram-positiv	64,6	610
Staphylococcus aureus	gram-positiv	67,5	610
Bacillus subtilis	gram-positiv	71,5	610

Weiters wird auch die Schmelzkurve des Kanals 670 für die Probenanalyse ausgewertet. Die Überprüfung der internen Kontrolle erfolgt im Kanal 530 über die Crossing Points in der Quantification Analyse.

Die Auswertung der Analyse erfolgt über den so genannten CT-Wert (threshold cycle). Der CT-Wert drückt die Zyklenzahl aus, bei der zum ersten Mal ein Anstieg der Reporterfluoreszenz über das Grundrauschen ermittelt wird.

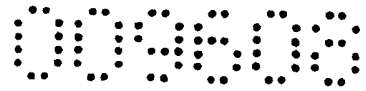
Die Detektion der internen Kontrolle basiert auf dem bereits beschriebenen Taqman-Prinzip, wobei das angeregte Fam-Molekül am 5'-Ende des Oligonukleotids SEQ ID NO:12 erst durch Hydrolyse der Taqman-Sonde das Licht im Kanal 530 abgibt. Nur durch die Trennung von Reporter- und Quencherfarbstoff kann das emittierte Licht gemessen werden. Die Intensität des emittierten Lichtes ist direkt proportional der Menge an Ziel-DNA.

Die Positivkontrollen in den verschiedenen Kanälen zeigen einen Funktionsgraphen mit einem Peak bei folgenden Temperaturen:

Bakterienart	Kanal	Schmelztemperatur in °C
Staphylococcus aureus	610	67,5
Escherichia coli	640	62
Pseudomonas aeruginosa	705	68,5

Abschließend sei angemerkt, dass auch Einzelmerkmale oder Merkmalskombinationen aus den gezeigten und beschriebenen unterschiedlichen Ausführungsbeispielen für sich eigenständige, erfinderische oder erfindungsgemäße Lösungen darstellen können.

Sämtliche Angaben zu Wertebereichen in gegenständlicher Beschreibung sind so zu verstehen, dass diese beliebige und alle Teilbereiche daraus mit umfassen, z.B. ist die Angabe



1 bis 10 so zu verstehen, dass sämtliche Teilbereiche, ausgehend von der unteren Grenze 1 und der oberen Grenze 10 mitumfasst sind, d.h. sämtliche Teilbereiche beginnen mit einer unteren Grenze von 1 oder größer und enden bei einer oberen Grenze von 10 oder weniger, z.B. 1 bis 1,7, oder 3,2 bis 8,1 oder 5,5 bis 10.

Die Ausführungsbeispiele zeigen mögliche Ausführungsvarianten der Zusammensetzung, wobei an dieser Stelle bemerkt sei, dass die Erfindung nicht auf die speziell dargestellten Ausführungsbeispiele derselben eingeschränkt ist, sondern vielmehr auch diverse Kombinationen der einzelnen Ausführungsbeispiele untereinander möglich sind und diese Variationsmöglichkeit aufgrund der Lehre zum technischen Handeln durch gegenständliche Erfindung im Können des auf diesem technischen Gebiet tätigen Fachmannes liegt. Es sind also auch sämtliche denkbaren Ausführungsbeispiele, die durch Kombinationen einzelner Details der dargestellten und beschriebenen Ausführungsvariante möglich sind, vom Schutzzumfang mit umfasst.

SEQUENZPROTOKOLL

<110> Österreichisches Rotes Kreuz
Wiedner Hauptstrasse 32
1041 Wien

<120> Bakteriennachweis
<160> 35

<210> 1
<211> 19
<212> DNA
<213> künstliche Sequenz

<220>
<223> Beschreibung der künstlichen Sequenz: Primer

<400> 1

tcctacggga ggcagcagt

19

<210> 2
<211> 26
<212> DNA
<213> künstliche Sequenz

<220>
<223> Beschreibung der künstlichen Sequenz: Primer

<400> 2

ggactaccag ggtatctaatt cctgtt

26

<210> 3
<211> 18
<212> DNA
<213> künstliche Sequenz

<220>
<223> Beschreibung der künstlichen Sequenz: Primer

<400> 3

gcctgggttc cctgttcc

18

<210> 4
<211> 19
<212> DNA
<213> künstliche Sequenz

<220>
<223> Beschreibung der künstlichen Sequenz: Primer

<400> 4

cgacgtaccc ctgacatgg

19

<210> 5

<211> 22
 <212> DNA
 <213> künstliche Sequenz

<220>
 <223> Beschreibung der künstlichen Sequenz: Oligonukleotid
 <400> 5

gtattaccgc ggctgctggc ac

22

<210> 6
 <211> 28
 <212> DNA
 <213> künstliche Sequenz

<220>
 <223> Beschreibung der künstlichen Sequenz: Oligonukleotid
 <400> 6

tagttagccg tggctttctg gtagata

28

<210> 7
 <211> 28
 <212> DNA
 <213> künstliche Sequenz

<220>
 <223> Beschreibung der künstlichen Sequenz: Oligonukleotid
 <400> 7

tagttagccg tccctttctg gtagata

28

<210> 8
 <211> 28
 <212> DNA
 <213> künstliche Sequenz

<220>
 <223> Beschreibung der künstlichen Sequenz: Oligonukleotid
 <400> 8

tagttagccg tggctttctg gtaggta

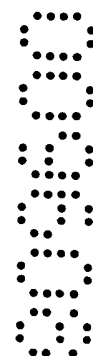
28

<210> 9
 <211> 22
 <212> DNA
 <213> künstliche Sequenz

<220>
 <223> Beschreibung der künstlichen Sequenz: Oligonukleotid
 <400> 9

cggtgcttct tctgcgagta ac

22



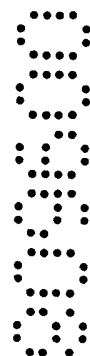
<210> 10
<211> 24
<212> DNA
<213> künstliche Sequenz

<220>
<223> Beschreibung der künstlichen Sequenz: Oligonukleotid

<400> 10

cggtgcttat tcttaggta ccgt

24



<210> 11
<211> 24
<212> DNA
<213> künstliche Sequenz

<220>
<223> Beschreibung der künstlichen Sequenz: Oligonukleotid

<400> 11

cggtgcttat tctgttgta acgt

24

<210> 12
<211> 25
<212> DNA
<213> künstliche Sequenz

<220>
<223> Beschreibung der künstlichen Sequenz: Oligonukleotid

<400> 12

caggccaatg ttcaccaag ctctg

25

<210> 13
<211> 25
<212> DNA
<213> künstliche Sequenz

<220>
<223> Beschreibung der künstlichen Sequenz: Oligonukleotid

<400> 13

acggtagccg ggttatgaag cgccg

25

<210> 14
<211> 23
<212> DNA
<213> künstliche Sequenz

<220>
<223> Beschreibung der künstlichen Sequenz: Oligonukleotid

<400> 14

agggtagtgg gtaagaagcg ccg

23

<210> 15

<211> 23

<212> DNA

<213> künstliche Sequenz

<220>

<223> Beschreibung der künstlichen Sequenz: Oligonukleotid

<400> 15

tgaataagcg ccggctaagc gcg

23

<210> 16

<211> 21

<212> DNA

<213> künstliche Sequenz

<220>

<223> Beschreibung der künstlichen Sequenz: Oligonukleotid

<400> 16

atgtaccgta tgaataagga t

21

<210> 17

<211> 21

<212> DNA

<213> künstliche Sequenz

<220>

<223> Beschreibung der künstlichen Sequenz: Oligonukleotid

<400> 17

atgtataata tgaataagga t

21

<210> 18

<211> 21

<212> DNA

<213> künstliche Sequenz

<220>

<223> Beschreibung der künstlichen Sequenz: Oligonukleotid

<400> 18

atgtaccttg tgaataagca t

21

<210> 19

<211> 21

<212> DNA

<213> künstliche Sequenz

<220>

<223> Beschreibung der künstlichen Sequenz: Oligonukleotid



<400> 19

atgtacccta tgaataagca t

21

<210> 20

<211> 21

<212> DNA

<213> künstliche Sequenz

<220>

<223> Beschreibung der künstlichen Sequenz: Oligonukleotid

<400> 20

aagtatcgta cgaataagga t

21

<210> 21

<211> 24

<212> DNA

<213> künstliche Sequenz

<220>

<223> Beschreibung der künstlichen Sequenz: Oligonukleotid

<400> 21

agcgtaccag gtaaagaagc accg

24

<210> 22

<211> 24

<212> DNA

<213> künstliche Sequenz

<220>

<223> Beschreibung der künstlichen Sequenz: Oligonukleotid

<400> 22

agcgtaccgg gtaaagaagc accg

24

<210> 23

<211> 28

<212> DNA

<213> künstliche Sequenz

<220>

<223> Beschreibung der künstlichen Sequenz: Oligonukleotid

<400> 23

tacccttgga ggaagccgcg gctaacta

28

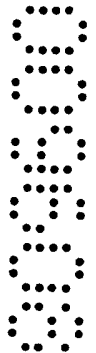
<210> 24

<211> 26

<212> DNA

<213> künstliche Sequenz

<220>



<223> Beschreibung der künstlichen Sequenz: Oligonukleotid

<400> 24

tacctaccta aagcaccggc taacta

26

<210> 25

<211> 26

<212> DNA

<213> künstliche Sequenz

<220>

<223> Beschreibung der künstlichen Sequenz: Oligonukleotid

<400> 25

tacctgccta aagcaccggc taacta

26

<210> 26

<211> 22

<212> DNA

<213> künstliche Sequenz

<220>

<223> Beschreibung der künstlichen Sequenz: Oligonukleotid

<400> 26

ggtacgggg gaagaagcg cg

22

<210> 27

<211> 24

<212> DNA

<213> künstliche Sequenz

<220>

<223> Beschreibung der künstlichen Sequenz: Oligonukleotid

<400> 27

ctgtaccatt ttgaataagt gacg

24

<210> 28

<211> 28

<212> DNA

<213> künstliche Sequenz

<220>

<223> Beschreibung der künstlichen Sequenz: Oligonukleotid

<400> 28

taccctgtga ggaagccccg gctaacta

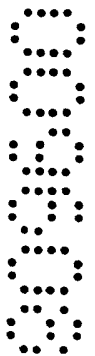
28

<210> 29

<211> 28

<212> DNA

<213> künstliche Sequenz



<220>
<223> Beschreibung der künstlichen Sequenz: Oligonukleotid

<400> 29

taccatagga ggaagcccg gctaaata

28

<210> 30
<211> 24
<212> DNA
<213> künstliche Sequenz

<220>
<223> Beschreibung der künstlichen Sequenz: Oligonukleotid

<400> 30

catgtactct acgaataagt atcg

24

<210> 31
<211> 24
<212> DNA
<213> künstliche Sequenz

<220>
<223> Beschreibung der künstlichen Sequenz: Oligonukleotid

<400> 31

acggtaggtg cagagaaagc gccg

24

<210> 32
<211> 27
<212> DNA
<213> künstliche Sequenz

<220>
<223> Beschreibung der künstlichen Sequenz: Oligonukleotid

<400> 32

ctgaatgtac tggaagaata aggatcg

27

<210> 33
<211> 26
<212> DNA
<213> künstliche Sequenz

<220>
<223> Beschreibung der künstlichen Sequenz: Oligonukleotid

<400> 33

ctgaatgtac ccaagaataa ggatcg

26

<210> 34
<211> 25



<212> DNA

<213> künstliche Sequenz

<220>

<223> Beschreibung der künstlichen Sequenz: Oligonukleotid

<400> 34

acggtagtcg tgcgaataag ccccg

25

<210> 35

<211> 24

<212> DNA

<213> künstliche Sequenz

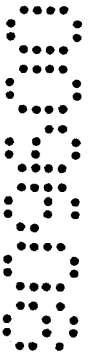
<220>

<223> Beschreibung der künstlichen Sequenz: Oligonukleotid

<400> 35

actgtacat ttgaataagt atcg

24



Patentansprüche

1. Synthetisches Oligonukleotid zum Nachweis von Bakterienkontaminationen vorzugsweise in physiologischen Proben von einer Länge von 10 bis 30 Basen, dadurch gekennzeichnet, dass das Oligonukleotid eine Nukleotidsequenz komplementär zu einer Nukleotidsequenz kodierend für eine Sequenz der hochkonservierten 16S rDNA Region eines Bakteriengenoms ist, wobei das Oligonukleotid mindestens 10 aufeinander folgende Basen einer Sequenz ausgewählt aus einer Gruppe umfassend SEQ ID NO:5 bis SEQ ID NO:35 aufweist.

2. Oligonukleotid nach Anspruch 1, dadurch gekennzeichnet, dass es am 5'- und/oder 3'-Ende modifiziert, insbesondere fluoreszenzmarkiert, sind.

3. Oligonukleotid nach Anspruch 1 oder 2, dadurch gekennzeichnet, dass das Oligonukleotid ausgewählt aus einer Gruppe umfassend SEQ ID NO:6 bis SEQ ID NO:9, SEQ ID NO:13 bis SEQ ID NO:15, SEQ ID NO:28, SEQ ID NO:29 und SEQ ID NO:31 spezifisch für gram-positive Bakterienarten ist.

4. Oligonukleotid nach einem der Ansprüche 1 bis 3, dadurch gekennzeichnet, dass das Oligonukleotid ausgewählt aus einer Gruppe umfassend SEQ ID NO:6, SEQ ID NO:10 bis SEQ ID NO:12, SEQ ID NO:16 bis SEQ ID NO:27, SEQ ID NO:30 und SEQ ID NO:32 bis SEQ ID NO:35 spezifisch für gram-negative Bakterienarten ist.

5. Oligonukleotid nach einem der Ansprüche 1 bis 3, dadurch gekennzeichnet, dass das Oligonukleotid SEQ ID NO:5 komplementär zu einer Teilsequenz der 16S rDNA Region eines Bakteriengenoms ist und/oder mit einem Reporterfarbstoff (Fluoreszein) markiert ist.

6. Oligonukleotid nach einem der Ansprüche 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, dass das Oligonukleotid SEQ ID NO:6 spezifisch für die Gattung *Enterococcus*, *Kurthia*, *Lactobacillus* und/oder *Listeria* ist und selektiv *Enterococcus avium*, *Enterococcus casseliflavus*, *Enterococcus durans*, *Enterococcus faecalis*, *Enterococcus faecium*, *Enterococcus gallinarum*, *Enterococcus hirae*, *Kurthia gibsonii*, *Kurthia sibirica*, *Lactobacillus acidophilus*, *Lactobacillus casei*, *Lactobacillus fermentum*, *Lactobacillus plantarum*, *Lactobacillus salivarius*, *Listeria monocytogenes* und/oder *Listeria pyogenes*, vorzugsweise in einer physiologischen Probe, detektiert.

7. Oligonukleotid nach einem der Ansprüche 1 bis 3, dadurch gekennzeichnet, dass das Oligonukleotid SEQ ID NO:7 spezifisch für die Gattung *Leuconostoc* und/oder *Streptococcus* ist und selektiv *Leuconostoc citreum*, *Leuconostoc lactis*, *Streptococcus agalactiae*, *Streptococcus anginosus*, *Streptococcus bovis*, *Streptococcus mitis*, *Streptococcus pneumoniae*, *Streptococcus pyogenes*, *Streptococcus salivarius*, *Streptococcus sanguinis* und/oder *Streptococcus sp.*, vorzugsweise in einer physiologischen Probe, detektiert.

8. Oligonukleotid nach einem der Ansprüche 1 bis 3, dadurch gekennzeichnet, dass das Oligonukleotid SEQ ID NO:8 spezifisch für die Gattung *Bacillus*, *Clostridium*, *Mycoplasma* und/oder *Staphylococcus*, ist und selektiv *Bacillus anthracis*, *Bacillus circulans*, *Bacillus pumilus*, *Bacillus sphaericus*, *Bacillus subtilis*, *Bacteroides capillosus*, *Brevibacillus laterosporus*, *Clostridium bifermentans*, *Clostridium botulinum*, *Clostridium butyricum*, *Clostridium clostridioforme*, *Clostridium difficile*, *Clostridium novyi*, *Clostridium perfringens*, *Clostridium septicum*, *Clostridium sporogenes*, *Clostridium tetani*, *Erysipelothrix rhusiopathiae*, *Fusobacterium alocis*, *Gemella haemolysans*, *Mycoplasma orale*, *Mycoplasma pulmonis*, *Mycoplasma buccale*, *Staphylococcus aureus*, *Staphylococcus capitis*, *Staphylococcus cohnii*, *Staphylococcus epidermidis*, *Staphylococcus haemolyticus*, *Staphylococcus hominis*, *Staphylococcus lugdunensis*, *Staphylococcus xylosus* und/oder *Veillonella parvula*, vorzugsweise in einer physiologischen Probe, detektiert.

9. Oligonukleotid nach einem der Ansprüche 1 bis 3, dadurch gekennzeichnet, dass das Oligonukleotid SEQ ID NO:9 spezifisch für die Gattung *Acinetobacter*, *Actino-*

myces, *Aeromonas*, *Anaerobiospirillum*, *Bartonella*, *Brucella*, *Citrobacter*, *Enterobacter*, *Haemophilus*, *Klebsiella*, *Kluyvera*, *Legionella*, *Pasteurella*, *Proteus*, *Rickettsia*, *Salmonella*, *Serratia*, *Shigella*, *Vibrio*, *Yersinia*, ist und selektiv *Acinetobacter baumannii*, *Acinetobacter calcoaceticus*, *Acinetobacter haemolyticus*, *Acinetobacter johnsonii*, *Acinetobacter junii*, *Acinetobacter lwoffii*, *Actinomyces meyeri*, *Actinomyces pyogenes*, *Aeromonas caciae*, *Aeromonas hydrophila*, *Aeromonas schubertii*, *Aeromonas veronii*, *Agrobacterium radiobacter*, *Alcaligenes faecalis*, *Anaerobiospirillum succiniciproducens*, *Anaerobiospirillum thomasi*, *Acronobacterium pyogenes*, *Bartonella bacilliformis*, *Bartonella henselae*, *Brucella abortus*, *Brucella melitensis*, *Calymmatobacterium granulomatis*, *Citrobacter amalonaticus*, *Citrobacter freundii*, *Coxiella burnetti*, *Edwardsiella tarda*, *Enterobacter aerogenes*, *Enterobacter cloacae*, *Enterobacter sakazakii*, *Enterobacter* sp., *Escherichia coli*, *Haemophilus aegypticus*, *Haemophilus aphrophilus*, *Haemophilus ducreyi*, *Haemophilus parahaemolyticus*, *Haemophilus parainfluenzae*, *Haemophilus paraphrophilus*, *Haemophilus segnis*, *Hafnia alvei*, *Klebsiella oxytoca*, *Klebsiella pneumoniae*, *Klebsiella rhinoscleromatis*, *Kluyvera ascorbata*, *Kluyvera cryocrescens*, *Legionella dumoffii*, *Legionella micdadei*, *Morganella morganii*, *Ochrobactrum anthropi*, *Pantoea agglomerans*, *Pasteurella gallinarum*, *Pasteurella pneumotropica*, *Plesiomonas shigelloides*, *Propionibacterium acnes*, *Proteus mirabilis*, *Proteus penneri*, *Proteus vulgaris*, *Pseudomonas putida*, *Rickettsia akari*, *Rickettsia australis*, *Rickettsia conorii*, *Salmonella choleraesuis*, *Salmonella enterica*, *Salmonella paratyphi A*, *Salmonella paratyphi B*, *paratyphi C*, *Salmonella typhi*, *Salmonella typhimurium*, *Serratia ficaria*, *Serratia fonticola*, *Serratia grimesii*, *Serratia liquefaciens*, *Serratia marcescens*, *Serratia ruddiae*, *Shigella boydii*, *Shigella dysenteriae*, *Shigella flexneri*, *Shigella sonnei*, *Vibrio alginolyticus*, *Vibrio hollisae*, *Wigglesworthia glossinidia*, *Xanthomonas campestris*, *Yersinia enterocolitica*, *Yersinia pestis* und/oder *Yersinia pseudotuberculosis* vorzugsweise in einer physiologischen Probe, detektiert.

10. Oligonukleotid nach einem der Ansprüche 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, dass das Oligonukleotid SEQ ID NO:10 spezifisch für die Gattung *Achromobacter*, *Actinomadura*, *Actinomyces*, *Afipia*, *Bordetella*, *Burkholderia*, *Campylobacter*, *Capnocytophaga*, *Comamonas*, *Corynebacterium*, *Ehrlichia*, *Fusobacterium*, *Methylobacterium*, *Mycobacterium*, *Neisseria*, *Nocardia*, *Oligella*, *Prevotella* und/oder *Rhodococcus* ist und selektiv *Achromobacter piechaudii*, *Achromobacter xylosoxidans*, *Actinomadura madurae*,

Actinomadura pelletieri, *Actinomyces bovis*, *Actinomyces naeslundii*, *Actinomyces viscosus*, *Afipia broomeae*, *Afipia felis*, *Bacteroides gracilis*, *Bilophila wadsworthia*, *Bordetella bronchiseptica*, *Bordetella parapertussis*, *Bordetella pertussis*, *Burkholderia cepacia*, *Burkholderia gladioli*, *Burkholderia mallei*, *Burkholderia pseudomallei*, *Campylobacter coli*, *Campylobacter fetus*, *Campylobacter jejuni*, *Campylobacter lari*, *Capnocytophaga canimorsus*, *Capnocytophaga cynodegmi*, *Capnocytophaga gingivalis*, *Capnocytophaga ochracea*, *Capnocytophaga sputigena*, *Chromobacterium violaceum*, *Comamonas terrigena*, *Comamonas testosteroni*, *Corynebacterium diphtheriae*, *Corynebacterium minutissimum*, *Corynebacterium pseudotuberculosis*, *Corynebacterium urealyticum*, *Ehrlichia canis*, *Ehrlichia chaffeensis*, *Ehrlichia sennetsu*, *Eikenella corrodens*, *Eubacterium lentum*, *Francisella tularensis*, *Fusobacterium necrophorum*, *Fusobacterium nucleatum*, *Gardnerella vaginalis*, *Haemophilus influenzae*, *Helicobacter pylori*, *Kingella kingae*, *Methylobacterium extorquens*, *Methylobacterium mesophilicum*, *Mycobacterium africanum*, *Mycobacterium avium*, *Mycobacterium bovis*, *Mycobacterium chelonae*, *Mycobacterium intracellulare*, *Mycobacterium kansasii*, *Mycobacterium leprae*, *Mycobacterium malmoeense*, *Mycobacterium marinum*, *Mycobacterium scrofulaceum*, *Mycobacterium tuberculosis*, *Mycobacterium xenopi*, *Neisseria cinerea*, *Neisseria gonorrhoeae*, *Neisseria meningitidis*, *Nocardia asteroides*, *Nocardia nova*, *Nocardia octitidiscaviarum*, *Oligella urethralis*, *Oligella ureolytica*, *Peptoniphilus asaccharolyticus*, *Peptostreptococcus prevotii*, *Porphyromonas gingivalis*, *Prevotella buccae*, *Prevotella buccalis*, *Prevotella corporis*, *Prevotella denticola*, *Prevotella oralis*, *Rhodococcus equi*, *Rhodococcus erythropolis*, *Rhodococcus rhodochrous*, *Stenotrophomonas maltophilia*, *Streptobacillus moniliformis*, *Tropheryma whippley* und/oder *Weeksella virosa*, vorzugsweise in einer physiologischen Probe detektiert.

11. Oligonukleotid nach einem der Ansprüche 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, dass das Oligonukleotid SEQ ID NO:11 spezifisch für die Gattung ist *Actinobacillus*, *Borrelia*, *Legionella*, *Moraxella* (*Branhamella*), *Providencia*, *Pseudomonas* und/oder *Vibrio* ist und selektiv *Actinobacillus actinomycetemcomitans*, *Actinobacillus equuli*, *Actinobacillus hominis*, *Actinobacillus suis*, *Actinobacillus ureae*, *Borrelia afzelii*, *Borrelia burgdorferi*, *Borrelia garninii*, *Borrelia hermsii*, *Borrelia hispanica*, *Chryseomonas luteola*, *Legionella dumoffii*, *Legionella micdadei*, *Legionella pneumophila*, *Moraxella* (*Branhamella*) *cattarrhalis*, *Moraxella* (*Branhamella*) *nonliquefaciens*, *Moraxella* (*Branhamella*) *osloensis*,

Moraxella (*Branhamella*) *phenylpyruvica*, *Pediococcus pentosaceus*, *Porphyromonas asaccharolytica*, *Providencia alcalifaciens*, *Providencia rettgeri*, *Providencia rustigianii*, *Providencia stuartii*, *Pseudomonas aeruginosa*, *Pseudomonas fluorescense*, *Psychrobacter immobilis*, *Vibrio cholerae*, *Vibrio parahaemolyticus* und/oder *Vibrio vulnificus*, vorzugsweise in einer physiologischen Probe, detektiert.

12. Oligonukleotid nach einem der Ansprüche 1 bis 3, dadurch gekennzeichnet, dass das Oligonukleotid SEQ ID NO:13 und SEQ ID NO:14 spezifisch für die Gattung *Actinomyces* sind und SEQ ID NO:13 selektiv *Actinomyces israelii* und SEQ ID NO:14 selektiv *Actinomyces odontolyticus* vorzugsweise in einer physiologischen Probe detektiert.

13. Oligonukleotid nach einem der Ansprüche 1 bis 3, dadurch gekennzeichnet, dass das Oligonukleotid SEQ ID NO:15 spezifisch für die Gattung *Arcanobacterium* ist und selektiv *Arcanobacterium haemolyticum* vorzugsweise in einer physiologischen Probe detektiert.

14. Oligonukleotid nach einem der Ansprüche 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, dass das Oligonukleotid SEQ ID NO:16 bis SEQ ID NO:20 spezifisch für die Gattung *Bacteroides* ist und SEQ ID NO:16 selektiv *Bacteroides eggerthii*, SEQ ID NO:17 selektiv *Bacteroides fragilis*, SEQ ID NO:18 selektiv *Bacteroides forsythus*, SEQ ID NO:19 selektiv *Bacteroides merdae* und SEQ ID NO:20 selektiv *Bacteroides putredinis* vorzugsweise in einer physiologischen Probe detektiert.

15. Oligonukleotid nach einem der Ansprüche 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, dass das Oligonukleotid SEQ ID NO:21 und SEQ ID NO:22 spezifisch für die Gattung *Chlamydiae* sind und SEQ ID NO:21 selektiv *Chlamydiae trachomatis* und SEQ ID NO:22 selektiv *Chlamydiae pneumoniae* vorzugsweise in einer physiologischen Probe detektiert.

16. Oligonukleotid nach einem der Ansprüche 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, dass das Oligonukleotid SEQ ID NO:23 spezifisch für die Gattung *Fusobacterium* ist und selektiv *Fusobacterium sulci* vorzugsweise in einer physiologischen Probe detektiert.
17. Oligonukleotid nach einem der Ansprüche 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, dass das Oligonukleotid SEQ ID NO:24 und SEQ ID NO:25 spezifisch für die Gattung *Leptospira* sind und SEQ ID NO:24 selektiv *Leptospira biflexa* und SEQ ID NO:25 selektiv *Leptospira interrogans* vorzugsweise in einer physiologischen Probe detektiert.
18. Oligonukleotid nach einem der Ansprüche 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, dass das Oligonukleotid SEQ ID NO:26 spezifisch für die Gattung *Mobiluncus* ist und selektiv *Mobiluncus mulieris* vorzugsweise in einer physiologischen Probe detektiert.
19. Oligonukleotid nach einem der Ansprüche 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, dass das Oligonukleotid SEQ ID NO:27 spezifisch für die Gattung *Mycoplasma* ist und selektiv *Mycoplasma pneumoniae* vorzugsweise in einer physiologischen Probe detektiert.
20. Oligonukleotid nach einem der Ansprüche 1 bis 3, dadurch gekennzeichnet, dass das Oligonukleotid SEQ ID NO:28 und SEQ ID NO:29 spezifisch für die Gattung *Peptostreptococcus* sind und SEQ ID NO:28 selektiv *Peptostreptococcus anaerobicus* und SEQ ID NO:29 selektiv *Peptostreptococcus magnus* vorzugsweise in einer physiologischen Probe detektiert.
21. Oligonukleotid nach einem der Ansprüche 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, dass das Oligonukleotid SEQ ID NO:30 spezifisch für die Gattung *Porphyromonas* ist und selektiv *Porphyromonas endodontalis* vorzugsweise in einer physiologischen Probe detektiert.
22. Oligonukleotid nach einem der Ansprüche 1 bis 3, dadurch gekennzeichnet, dass das Oligonukleotid SEQ ID NO:31 spezifisch für die Gattung *Rothia* ist und selektiv *Rothia dentocariosa* vorzugsweise in einer physiologischen Probe detektiert.

23. Oligonukleotid nach einem der Ansprüche 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, dass das Oligonukleotid SEQ ID NO:32 und SEQ ID NO:33 spezifisch für die Gattung *Sphingobacterium* sind und SEQ ID NO:32 selektiv *Sphingobacterium multivorum* und SEQ ID NO:33 selektiv *Sphingobacterium spiritovorum* vorzugsweise in einer physiologischen Probe detektiert.
24. Oligonukleotid nach einem der Ansprüche 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, dass das Oligonukleotid SEQ ID NO:34 spezifisch für die Gattung *Treponema* ist und selektiv *Treponema pallidum* vorzugsweise in einer physiologischen Probe detektiert.
25. Oligonukleotid nach einem der Ansprüche 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, dass das Oligonukleotid SEQ ID NO:35 spezifisch für die Gattung *Ureaplasma* ist und selektiv *Ureaplasma urealyticum* vorzugsweise in einer physiologischen Probe detektiert.
26. Oligonukleotid enthaltend eine Nukleotidsequenz, die komplementär zu einem synthetischen Oligonukleotid gemäß einem der Ansprüche 1 bis 25 ist.
27. Zusammensetzung umfassend eine Kombination von Oligonukleotiden zum Nachweis von Bakterien-DNA kodierend für eine Sequenz der hochkonservierten 16S rDNA Region, dadurch gekennzeichnet, dass das erste Oligonukleotid mindestens 10 aufeinander folgende Basen der Oligonukleotide SEQ ID NO:5 aufweist und am 3'-Ende fluoresceinmarkiert ist und das weitere Oligonukleotid mindestens 10 aufeinander folgende Basen zumindest eines der Oligonukleotide SEQ ID NO:6 bis SEQ ID NO:35 aufweist und am 5'-Ende mit einem Fluoreszenzfarbstoff markiert ist.
28. Verfahren zur Detektion von zumindest einer Bakterienkontamination vorzugsweise einer physiologischen Probe umfassend die Schritte i) Extraktion der Nukleinsäure, insbesondere Bakterien-DNA, ii) Amplifikation mit Primern und Detektion mit Oligonukleotiden, insbesondere fluoreszenzmarkierten Oligonukleotiden als Hybridisierungssonden, gemäß einem der Ansprüche 1 bis 26 vorzugsweise in einer Realtime-PCR und iii) Auswertung über Schmelzkurvenanalyse.

29. Verfahren nach Anspruch 28, dadurch gekennzeichnet, dass bei der Extraktion die Zellen lysiert werden, bakterielle DNA freigesetzt wird, an magnetisierte Partikel bindet, gereinigt und zuletzt mit einem Puffer eluiert wird.

30. Verfahren nach Anspruch 28 oder 29, dadurch gekennzeichnet, dass eine Inkubation der physiologischen Probe mit einer Enzymlösung, insbesondere Lysostaphin-Lysozym-Lösung, vor der Extraktion erfolgt.

31. Verfahren nach einem der Ansprüche 28 bis 30, dadurch gekennzeichnet, dass eine Nukleinsäuresequenz aus der hochkonservierten 16S rDNA Region eines Bakteriengenoms amplifiziert wird.

32. Verfahren nach einem der Ansprüche 28 bis 31, dadurch gekennzeichnet, dass als Primer Oligonukleotide mit einer Länge von mindestens 10 aufeinander folgenden Basen der Oligonukleotide SEQ ID:1 und SEQ ID NO:2 ausgewählt werden.

33. Verfahren nach einem der Ansprüche 28 bis 32, dadurch gekennzeichnet, dass Kontrollen, wie eine interne Kontrolle vorzugsweise ab der Extraktion, eine Negativ- und zumindest eine Positivkontrolle, mitgeführt werden.

34. Verfahren nach einem der Ansprüche 28 bis 33, dadurch gekennzeichnet, dass die zumindest eine Positivkontrolle eine Nukleinsäuresequenz von *Salmonella choleraesuis*, *Pseudomonas aeruginosa* und/oder *Staphylococcus epidermidis* enthält.

35. Verfahren nach einem der Ansprüche 28 bis 34, dadurch gekennzeichnet, dass die Nukleinsäuresequenz der zumindest einen internen Kontrolle mit einem Primerpaar bestehend aus einem Oligonukleotid mit einer Länge von mindestens 10 aufeinander folgenden Basen des Oligonukleotids SEQ ID NO:3 und SEQ ID NO:4 amplifiziert wird.

36. Verfahren nach einem der Ansprüche 28 bis 35, dadurch gekennzeichnet, dass die Nukleinsäuresequenzen der internen Kontrolle mit einem Oligonukleotid mit einer

Länge von mindestens 10 aufeinander folgenden Basen des Oligonukleotids SEQ ID NO: 12 hybridisiert werden.

37. Verfahren nach einem der Ansprüche 28 bis 36, dadurch gekennzeichnet, dass das Oligonukleotid eine komplementäre Sequenz des Oligonukleotids SEQ ID NO: 12 ist.
38. Verfahren nach einem der Ansprüche 28 bis 37, dadurch gekennzeichnet, dass die Realtime-PCR in Kapillaren durchgeführt wird.
39. Verfahren nach einem der Ansprüche 28 bis 38, dadurch gekennzeichnet, dass als physiologische Probe eine Körperflüssigkeit aus einer Gruppe umfassend Blut, Blutfraktionen, Plasma, Knochenmark, Urin, Stuhl, Speichel, Lymphe, Exsudate, Transsudate, Sekrete, Spinalflüssigkeit, Samenflüssigkeit, dispergiertes Gewebe und/oder Flüssigkeiten aus natürlichen oder unnatürlichen Körperhöhlen bzw. Abstriche ausgewählt wird.
40. Verfahren nach einem der Ansprüche 28 bis 39, dadurch gekennzeichnet, dass als physiologische Probe Blutbestandteile, wie z.B. Thrombozyten, verwendet werden.
41. Verfahren nach einem der Ansprüche 28 bis 40, dadurch gekennzeichnet, dass gram-positive und/oder gram-negative Bakterien detektiert und unterschieden werden.
42. Verfahren nach einem der Ansprüche 28 bis 41, dadurch gekennzeichnet, dass die Bakterienarten *Enterococcus avium*, *Enterococcus casseliflavus*, *Enterococcus durans*, *Enterococcus faecalis*, *Enterococcus faecium*, *Enterococcus gallinarum*, *Enterococcus hirae*, *Kurthia gibsonii*, *Kurthia sibirica*, *Lactobacillus acidophilus*, *Lactobacillus casei*, *Lactobacillus fermentum*, *Lactobacillus plantarum*, *Lactobacillus salivarius*, *Listeria monocytogenes*, *Listeria pyogenes*, *Leuconostoc citreum*, *Leuconostoc lactis*, *Streptococcus agalactiae*, *Streptococcus anginosus*, *Streptococcus bovis*, *Streptococcus mitis*, *Streptococcus pneumoniae*, *Streptococcus pyogenes*, *Streptococcus salivarius*, *Streptococcus*

sanguinis, *Streptococcus* sp., *Bacillus anthracis*, *Bacillus circulans*, *Bacillus pumilus*, *Bacillus sphaericus*, *Bacillus subtilis*, *Bacteroides capillosus*, *Brevibacillus laterosporus*, *Clostridium bifermentans*, *Clostridium botulinum*, *Clostridium butyricum*, *Clostridium clostridioforme*, *Clostridium difficile*, *Clostridium novyi*, *Clostridium perfringens*, *Clostridium septicum*, *Clostridium sporogenes*, *Clostridium tetani*, *Erysipelothrix rhusiopathiae*, *Fusobacterium alocis*, *Gemella haemolysans*, *Mycoplasma orale*, *Mycoplasma pulmonis*, *Mycoplasma buccale*, *Staphylococcus aureus*, *Staphylococcus capitis*, *Staphylococcus cohnii*, *Staphylococcus epidermidis*, *Staphylococcus haemolyticus*, *Staphylococcus hominis*, *Staphylococcus lugdunensis*, *Staphylococcus xylosus*, *Veillonella parvula*, *Acinetobacter baumannii*, *Acinetobacter calcoaceticus*, *Acinetobacter haemolyticus*, *Acinetobacter johnsonii*, *Acinetobacter junii*, *Acinetobacter lwoffii*, *Actinomyces meyeri*, *Actinomyces pyogenes*, *Aeromonas caciae*, *Aeromonas hydrophila*, *Aeromonas schubertii*, *Aeromonas veronii*, *Agrobacterium radiobacter*, *Alcaligenes faecalis*, *Anaerobiospirillum succiniciproducens*, *Anaerobiospirillum thomasi*, *Acranobacterium pyogenes*, *Bartonella bacilliformis*, *Bartonella henselae*, *Brucella abortus*, *Brucella melitensis*, *Calymmatobacterium granulomatis*, *Citrobacter amalonaticus*, *Citrobacter freundii*, *Coxiella burnetti*, *Edwardsiella tarda*, *Enterobacter aerogenes*, *Enterobacter cloacae*, *Enterobacter sakazakii*, *Enterobacter* sp., *Escherichia coli*, *Haemophilus aegypticus*, *Haemophilus aphrophilus*, *Haemophilus ducreyi*, *Haemophilus parahaemolyticus*, *Haemophilus parainfluenzae*, *Haemophilus paraphrophilus*, *Haemophilus segnis*, *Hafnia alvei*, *Klebsiella oxytoca*, *Klebsiella pneumoniae*, *Klebsiella rhinoscleromatis*, *Kluyvera ascorbata*, *Kluyvera cryocrescens*, *Legionella dumoffii*, *Legionella micdadei*, *Morganella morganii*, *Ochrobactrum anthropi*, *Pantoea agglomerans*, *Pasteurella gallinarum*, *Pasteurella pneumotropica*, *Plesiomonas shigelloides*, *Propionibacterium acnes*, *Proteus mirabilis*, *Proteus penneri*, *Proteus vulgaris*, *Pseudomonas putida*, *Rickettsia akari*, *Rickettsia australis*, *Rickettsia conorii*, *Salmonella choleraesuis*, *Salmonella enterica*, *Salmonella paratyphi A*, *Salmonella paratyphi B*, *paratyphi C*, *Salmonella typhi*, *Salmonella typhimurium*, *Serratia ficaria*, *Serratia fonticola*, *Serratia grimesii*, *Serratia liquefaciens*, *Serratia marcescens*, *Serratia rudis*, *Shigella boydii*, *Shigella dysenteriae*, *Shigella flexneri*, *Shigella sonnei*, *Vibrio alginolyticus*, *Vibrio hollisae*, *Wigglesworthia glossinidia*, *Xanthomonas campestris*, *Yersinia enterocolitica*, *Yersinia pestis*, *Yersinia pseudotuberculosis*, *Achromobacter piechaudii*, *Achromobacter xylosoxidans*, *Actinomadura madurae*, *Actinomadura pelletieri*, *Actinomyces bovis*, *Actinomyces naeslundii*, *Actinomyces viscosus*, *Afipia broo-*

meae, *Afipia felis*, *Bacteroides gracilis*, *Bilophila wadsworthia*, *Bordetella bronchiseptica*, *Bordetella parapertussis*, *Bordetella pertussis*, *Burkholderia cepacia*, *Burkholderia gladioli*, *Burkholderia mallei*, *Burkholderia pseudomallei*, *Campylobacter coli*, *Campylobacter fetus*, *Campylobacter jejuni*, *Campylobacter lari*, *Capnocytophaga canimorsus*, *Capnocytophaga cynodegmi*, *Capnocytophaga gingivalis*, *Capnocytophaga ochracea*, *Capnocytophaga sputigena*, *Chromobacterium violaceum*, *Comamonas terrigena*, *Comamonas testosteroni*, *Corynebacterium diptheriae*, *Corynebacterium minutissimum*, *Corynebacterium pseudotuberculosis*, *Corynebacterium urealyticum*, *Ehrlichia canis*, *Ehrlichia chaffeensis*, *Ehrlichia sennetsu*, *Eikenella corrodens*, *Eubacterium lentum*, *Francisella tularensis*, *Fusobacterium necrophorum*, *Fusobacterium nucleatum*, *Gardnerella vaginalis*, *Haemophilus influenzae*, *Helicobacter pylori*, *Kingella kingae*, *Methylobacterium extorquens*, *Methylobacterium mesophilicum*, *Mycobacterium africanum*, *Mycobacterium avium*, *Mycobacterium bovis*, *Mycobacterium chelonae*, *Mycobacterium intracellulare*, *Mycobacterium kanasasii*, *Mycobacterium leprae*, *Mycobacterium malmoeense*, *Mycobacterium marinum*, *Mycobacterium scrofulaceum*, *Mycobacterium tuberculosis*, *Mycobacterium xenopi*, *Neisseria cinerea*, *Neisseria gonorrhoeae*, *Neisseria meningitidis*, *Nocardia asteroides*, *Nocardia nova*, *Nocardia ocellatidiscaviarum*, *Oligella urethralis*, *Oligella urelytica*, *Peptoniphilus asaccharolyticus*, *Peptostreptococcus prevotii*, *Porphyromonas gingivalis*, *Prevotella buccae*, *Prevotella buccalis*, *Prevotella corporis*, *Prevotella denticola*, *Prevotella oralis*, *Rhodococcus equi*, *Rhodococcus erythropolis*, *Rhodococcus rhodochrous*, *Stenotrophomonas maltophilia*, *Streptobacillus moniliformis*, *Tropheryma whippley*, *Weeksella virosa*, *Actinobacillus actinomycetemcomitans*, *Actinobacillus equuli*, *Actinobacillus hominis*, *Actinobacillus suis*, *Actinobacillus ureae*, *Borrelia afzelii*, *Borrelia burgdorferi*, *Borrelia garninii*, *Borrelia hermsii*, *Borrelia hispanica*, *Chryseomonas luteola*, *Legionella dumoffii*, *Legionella micdadei*, *Legionella pneumophila*, *Moraxella (Branhamella) catarrhalis*, *Moraxella (Branhamella) nonliquefaciens*, *Moraxella (Branhamella) osloensis*, *Moraxella (Branhamella) phenylpyruvica*, *Pediococcus pentosaceus*, *Porphyromonas asaccharolytica*, *Providencia alcalifaciens*, *Providencia rettgeri*, *Providencia rustigianii*, *Providencia stuartii*, *Pseudomonas aeruginosa*, *Pseudomonas fluorescense*, *Psychrobacter immobilis*, *Vibrio cholerae*, *Vibrio parahaemolyticus*, *Vibrio vulnificus*, *Actinomyces israelii*, *Actinomyces odontolyticus*, *Arcanobacterium haemolyticum*, *Bacteroides eggerthii*, *Bacteroides fragilis*, *Bacteroides forsythus*, *Bacteroides merdae*, *Bacteroides putredinis*, *Chlamydiae trachoma-*

tis, Chlamydiae pneumoniae, Fusobacterium sulci, Leptospira biflexa, Leptospira interrogans, Mobiluncus mulieris, Mycoplasma pneumoniae, Peptostreptococcus anaerobicus, Peptostreptococcus magnus, Porphyromonas endodontalis, Rothia dentocariosa, Sphingobacterium multivorum, Sphingobacterium spiritovorum, Treponema pallidum und/oder Ureaplasma urealyticum mittels Schmelzkurvenanalyse detektiert werden.

43. Verfahren nach einem der Ansprüche 28 bis 42, dadurch gekennzeichnet, dass die Bestimmung der Bakterienarten mittels Schmelzkurvenanalyse durch Überschreitung eines durch Evaluierung vordefinierten Cut-Off Wertes erfolgt.

44. Kit zum Nachweis von Bakterien, enthaltend wenigstens ein Primerpaar zur Amplifikation, vorzugsweise gemäß Anspruch 32 und/oder 35, und zumindest ein Oligonukleotid gemäß einem der Ansprüche 1 bis 20, gegebenenfalls eine thermostabile DNA-Polymerase und dNTP-Lösungen.

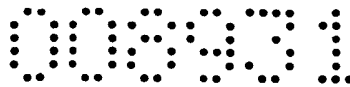
45. Kit nach Anspruch 44, dadurch gekennzeichnet, dass weitere Komponenten, wie Magnesiumchloridlösung, Rinderserumalbumin, Puffer und steriles Wasser enthalten sind.

Österreichisches Rotes Kreuz

durch



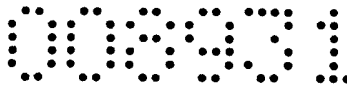
(Dr. Ofner)



(Neue) Patentansprüche

1. Synthetisches Oligonukleotid zum Nachweis von Bakterienkontaminationen vorzugsweise in Proben, die einem menschlichen oder tierischen Körper entnommen sind, von einer Länge von 10 bis 30 Basen, dadurch gekennzeichnet, dass das Oligonukleotid eine Nukleotidsequenz komplementär zu einer Nukleotidsequenz kodierend für eine Sequenz der hochkonservierten 16S rDNA Region eines Bakteriengenoms ist, wobei das Oligonukleotid mindestens 10 aufeinander folgende Basen einer Sequenz ausgewählt aus einer Gruppe umfassend SEQ ID NO:5 bis SEQ ID NO:35 aufweist.
2. Oligonukleotid nach Anspruch 1, dadurch gekennzeichnet, dass es am 5'- und/oder 3'-Ende modifiziert, insbesondere fluoreszenzmarkiert, ist.
3. Oligonukleotid nach Anspruch 1 oder 2, dadurch gekennzeichnet, dass das Oligonukleotid ausgewählt aus einer Gruppe umfassend SEQ ID NO:6 bis SEQ ID NO:9, SEQ ID NO:13 bis SEQ ID NO:15, SEQ ID NO:28, SEQ ID NO:29 und SEQ ID NO:31 spezifisch für gram-positive Bakterienarten ist.
4. Oligonukleotid nach einem der Ansprüche 1 bis 3, dadurch gekennzeichnet, dass das Oligonukleotid ausgewählt aus einer Gruppe umfassend SEQ ID NO:6, SEQ ID NO:10 bis SEQ ID NO:12, SEQ ID NO:16 bis SEQ ID NO:27, SEQ ID NO:30 und SEQ ID NO:32 bis SEQ ID NO:35 spezifisch für gram-negative Bakterienarten ist.
5. Oligonukleotid nach einem der Ansprüche 1 bis 3, dadurch gekennzeichnet, dass das Oligonukleotid SEQ ID NO:5 komplementär zu einer Teilsequenz der 16S rDNA Region eines Bakteriengenoms ist und/oder mit einem Reporterfarbstoff (Fluoreszein) markiert ist.

NACHGEREICHT

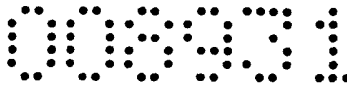


6. Oligonukleotid nach einem der Ansprüche 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, dass das Oligonukleotid SEQ ID NO:6 spezifisch für die Gattung *Enterococcus*, *Kurthia*, *Lactobacillus* und/oder *Listeria* ist und selektiv *Enterococcus avium*, *Enterococcus casseliflavus*, *Enterococcus durans*, *Enterococcus faecalis*, *Enterococcus faecium*, *Enterococcus gallinarum*, *Enterococcus hirae*, *Kurthia gibsonii*, *Kurthia sibirica*, *Lactobacillus acidophilus*, *Lactobacillus casei*, *Lactobacillus fermentum*, *Lactobacillus plantarum*, *Lactobacillus salivarius*, *Listeria monocytogenes* und/oder *Listeria pyogenes*, vorzugsweise in einer Probe, detektiert.

7. Oligonukleotid nach einem der Ansprüche 1 bis 3, dadurch gekennzeichnet, dass das Oligonukleotid SEQ ID NO:7 spezifisch für die Gattung *Leuconostoc* und/oder *Streptococcus* ist und selektiv *Leuconostoc citreum*, *Leuconostoc lactis*, *Streptococcus agalactiae*, *Streptococcus anginosus*, *Streptococcus bovis*, *Streptococcus mitis*, *Streptococcus pneumoniae*, *Streptococcus pyogenes*, *Streptococcus salivarius*, *Streptococcus sanguinis* und/oder *Streptococcus sp.*, vorzugsweise in einer Probe, detektiert.

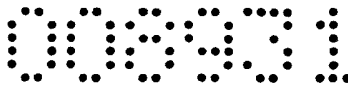
8. Oligonukleotid nach einem der Ansprüche 1 bis 3, dadurch gekennzeichnet, dass das Oligonukleotid SEQ ID NO:8 spezifisch für die Gattung *Bacillus*, *Clostridium*, *Mycoplasma* und/oder *Staphylococcus*, ist und selektiv *Bacillus anthracis*, *Bacillus circulans*, *Bacillus pumilus*, *Bacillus sphaericus*, *Bacillus subtilis*, *Bacteroides capillosus*, *Brevibacillus laterosporus*, *Clostridium bifermentans*, *Clostridium botulinum*, *Clostridium butyricum*, *Clostridium clostridioforme*, *Clostridium difficile*, *Clostridium novyi*, *Clostridium perfringens*, *Clostridium septicum*, *Clostridium sporogenes*, *Clostridium tetani*, *Erysipelothrix rhusiopathiae*, *Fusobacterium alocis*, *Gemella haemolysans*, *Mycoplasma orale*, *Mycoplasma pulmonis*, *Mycoplasma buccale*, *Staphylococcus aureus*, *Staphylococcus capitis*, *Staphylococcus cohnii*, *Staphylococcus epidermidis*, *Staphylococcus haemolyticus*, *Staphylococcus hominis*, *Staphylococcus lugdunensis*, *Staphylococcus xylosus* und/oder *Veillonella parvula*, vorzugsweise in einer Probe, detektiert.

9. Oligonukleotid nach einem der Ansprüche 1 bis 3, dadurch gekennzeichnet, dass das Oligonukleotid SEQ ID NO:9 spezifisch für die Gattung *Acinetobacter*, *Actino-*



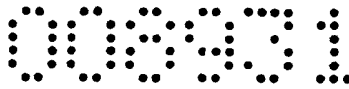
myces, Aeromonas, Anaerobiospirillum, Bartonella, Brucella, Citrobacter, Enterobacter, Haemophilus, Klebsiella, Kluyvera, Legionella, Pasteurella, Proteus, Rickettsia, Salmonella, Serratia, Shigella, Vibrio, Yersinia, ist und selektiv Acinetobacter baumannii, Acinetobacter calcoaceticus, Acinetobacter haemolyticus, Acinetobacter johnsonii, Acinetobacter junii, Acinetobacter Iwoffii, Actinomyces meyeri, Actinomyces pyogenes, Aeromonas caciae, Aeromonas hydrophila, Aeromonas schubertii, Aeromonas veronii, Agrobacterium radiobacter, Alcaligenes faecalis, Anaerobiospirillum succiniciproducens, Anaerobiospirillum thomasi, Acrobacterium pyogenes, Bartonella bacilliformis, Bartonella henselae, Brucella abortus, Brucella melitensis, Calymmatobacterium granulomatis, Citrobacter amalonaticus, Citrobacter freundii, Coxiella burnetii, Edwardsiella tarda, Enterobacter aerogenes, Enterobacter cloacae, Enterobacter sakazakii, Enterobacter sp., Escherichia coli, Haemophilus aegypticus, Haemophilus aphrophilus, Haemophilus ducreyi, Haemophilus parahaemolyticus, Haemophilus parainfluenzae, Haemophilus paraphrophilus, Haemophilus segnis, Hafnia alvei, Klebsiella oxytoca, Klebsiella pneumoniae, Klebsiella rhinoscleromatis, Kluyvera ascorbata, Kluyvera cryocrescens, Legionella dumoffii, Legionella micdadei, Morganella morganii, Ochrobactrum anthropi, Pantoea agglomerans, Pasteurella gallinarum, Pasteurella pneumotropica, Plesiomonas shigelloides, Propionibacterium acnes, Proteus mirabilis, Proteus penneri, Proteus vulgaris, Pseudomonas putida, Rickettsia akari, Rickettsia australis, Rickettsia conorii, Salmonella choleraesuis, Salmonella enterica, Salmonella paratyphi A, Salmonella paratyphi B, paratyphi C, Salmonella typhi, Salmonella typhimurium, Serratia ficaria, Serratia fonticola, Serratia grimesii, Serratia liquefaciens, Serratia marcescens, Serratia ruddiae, Shigella boydii, Shigella dysenteriae, Shigella flexneri, Shigella sonnei, Vibrio alginolyticus, Vibrio hollisae, Wigglesworthia glossinidia, Xanthomonas campestris, Yersinia enterocolitica, Yersinia pestis und/oder Yersinia pseudotuberculosis vorzugsweise in einer Probe, detektiert.

10. Oligonukleotid nach einem der Ansprüche 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, dass das Oligonukleotid SEQ ID NO:10 spezifisch für die Gattung Achromobacter, Actinomyces, Afipia, Bordetella, Burkholderia, Campylobacter, Capnocytophaga, Comamonas, Corynebacterium, Ehrlichia, Fusobacterium, Methylobacterium, Mycobacterium, Neisseria, Nocardia, Oligella, Prevotella und/oder Rhodococcus ist und selektiv Achromobacter piechaudii, Achromobacter xylosoxidans, Actinomyces madurae,



Actinomadura pelletieri, *Actinomyces bovis*, *Actinomyces naeslundii*, *Actinomyces viscosus*, *Afipia broomeae*, *Afipia felis*, *Bacteroides gracilis*, *Bilophila wadsworthia*, *Bordetella bronchiseptica*, *Bordetella parapertussis*, *Bordetella pertussis*, *Burkholderia cepacia*, *Burkholderia gladioli*, *Burkholderia mallei*, *Burkholderia pseudomallei*, *Campylobacter coli*, *Campylobacter fetus*, *Campylobacter jejuni*, *Campylobacter lari*, *Capnocytophaga canimorsus*, *Capnocytophaga cynodegmi*, *Capnocytophaga gingivalis*, *Capnocytophaga ochracea*, *Capnocytophaga sputigena*, *Chromobacterium violaceum*, *Comamonas terrigena*, *Comamonas testosteroni*, *Corynebacterium diphtheriae*, *Corynebacterium minutissimum*, *Corynebacterium pseudotuberculosis*, *Corynebacterium urealyticum*, *Ehrlichia canis*, *Ehrlichia chaffeensis*, *Ehrlichia sennetsu*, *Eikenella corrodens*, *Eubacterium lentum*, *Francisella tularensis*, *Fusobacterium necrophorum*, *Fusobacterium nucleatum*, *Gardnerella vaginalis*, *Haemophilus influenzae*, *Helicobacter pylori*, *Kingella kingae*, *Methylobacterium extorquens*, *Methylobacterium mesophilicum*, *Mycobacterium africanum*, *Mycobacterium avium*, *Mycobacterium bovis*, *Mycobacterium chelonae*, *Mycobacterium intracellulare*, *Mycobacterium kansasii*, *Mycobacterium leprae*, *Mycobacterium malmoeense*, *Mycobacterium marinum*, *Mycobacterium scrofulaceum*, *Mycobacterium tuberculosis*, *Mycobacterium xenopi*, *Neisseria cinerea*, *Neisseria gonorrhoeae*, *Neisseria meningitidis*, *Nocardia asteroides*, *Nocardia nova*, *Nocardia ostitidiscaviarum*, *Oligella urethralis*, *Oligella urelytica*, *Peptoniphilus asaccharolyticus*, *Peptostreptococcus prevotii*, *Porohyromonas gingivalis*, *Prevotella buccae*, *Prevotella buccalis*, *Prevotella corporis*, *Prevotella denticola*, *Prevotella oralis*, *Rhodococcus equi*, *Rhodococcus erythropolis*, *Rhodococcus rhodochrous*, *Stenotrophomonas maltophilia*, *Streptobacillus moniliformis*, *Tropheryma whippely* und/oder *Weeksella virosa*, vorzugsweise in einer Probe detektiert.

11. Oligonukleotid nach einem der Ansprüche 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, dass das Oligonukleotid SEQ ID NO:11 spezifisch für die Gattung ~~ist~~ *Actinobacillus*, *Borrelia*, *Legionella*, *Moraxella* (*Branhamella*), *Providencia*, *Pseudomonas* und/oder *Vibrio* ist und selektiv *Actinobacillus actinomycetemcomitans*, *Actinobacillus equuli*, *Actinobacillus hominis*, *Actinobacillus suis*, *Actinobacillus ureae*, *Borrelia afzelii*, *Borrelia burgdorferi*, *Borrelia garinii*, *Borrelia hermsii*, *Borrelia hispanica*, *Chryseomonas luteola*, *Legionella dumoffii*, *Legionella micdadei*, *Legionella pneumophila*, *Moraxella* (*Branhamella*) *cattarrhalis*, *Moraxella* (*Branhamella*) *nonliquefaciens*, *Moraxella* (*Branhamella*) *osloensis*,



Moraxella (*Branhamella*) *phenylpyruvica*, *Pediococcus pentosaceus*, *Porphyromonas asaccharolytica*, *Providencia alcalifaciens*, *Providencia rettgeri*, *Providencia rustigianii*, *Providencia stuartii*, *Pseudomonas aeruginosa*, *Pseudomonas fluorescense*, *Psychrobacter immobilis*, *Vibrio cholerae*, *Vibrio parahaemolyticus* und/oder *Vibrio vulnificus*, vorzugsweise in einer Probe, detektiert.

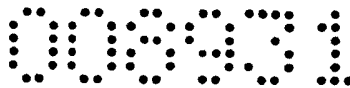
12. Oligonukleotid nach einem der Ansprüche 1 bis 3, dadurch gekennzeichnet, dass das Oligonukleotid SEQ ID NO:13 und SEQ ID NO:14 spezifisch für die Gattung *Actinomyces* sind und SEQ ID NO:13 selektiv *Actinomyces israelii* und SEQ ID NO:14 selektiv *Actinomyces odontolyticus* vorzugsweise in einer Probe detektiert.

13. Oligonukleotid nach einem der Ansprüche 1 bis 3, dadurch gekennzeichnet, dass das Oligonukleotid SEQ ID NO:15 spezifisch für die Gattung *Arcanobacterium* ist und selektiv *Arcanobacterium haemolyticum* vorzugsweise in einer Probe detektiert.

14. Oligonukleotid nach einem der Ansprüche 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, dass das Oligonukleotid SEQ ID NO:16 bis SEQ ID NO:20 spezifisch für die Gattung *Bacteroides* ist und SEQ ID NO:16 selektiv *Bacteroides eggerthii*, SEQ ID NO:17 selektiv *Bacteroides fragilis*, SEQ ID NO:18 selektiv *Bacteroides forsythus*, SEQ ID NO:19 selektiv *Bacteroides merdae* und SEQ ID NO:20 selektiv *Bacteroides putredinis* vorzugsweise in einer Probe detektiert.

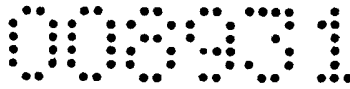
15. Oligonukleotid nach einem der Ansprüche 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, dass das Oligonukleotid SEQ ID NO:21 und SEQ ID NO:22 spezifisch für die Gattung *Chlamydiae* sind und SEQ ID NO:21 selektiv *Chlamydiae trachomatis* und SEQ ID NO:22 selektiv *Chlamydiae pneumoniae* vorzugsweise in einer Probe detektiert.

16. Oligonukleotid nach einem der Ansprüche 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, dass das Oligonukleotid SEQ ID NO:23 spezifisch für die Gattung *Fusobacterium* ist und selektiv *Fusobacterium sulci* vorzugsweise in einer Probe detektiert.



- 6 -

17. Oligonukleotid nach einem der Ansprüche 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, dass das Oligonukleotid SEQ ID NO:24 und SEQ ID NO:25 spezifisch für die Gattung *Leptospira* sind und SEQ ID NO:24 selektiv *Leptospira biflexa* und SEQ ID NO:25 selektiv *Leptospira interrogans* vorzugsweise in einer Probe detektiert.
18. Oligonukleotid nach einem der Ansprüche 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, dass das Oligonukleotid SEQ ID NO:26 spezifisch für die Gattung *Mobiluncus* ist und selektiv *Mobiluncus mulieris* vorzugsweise in einer Probe detektiert.
19. Oligonukleotid nach einem der Ansprüche 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, dass das Oligonukleotid SEQ ID NO:27 spezifisch für die Gattung *Mycoplasma* ist und selektiv *Mycoplasma pneumoniae* vorzugsweise in einer Probe detektiert.
20. Oligonukleotid nach einem der Ansprüche 1 bis 3, dadurch gekennzeichnet, dass das Oligonukleotid SEQ ID NO:28 und SEQ ID NO:29 spezifisch für die Gattung *Peptostreptococcus* sind und SEQ ID NO:28 selektiv *Peptostreptococcus anaerobicus* und SEQ ID NO:29 selektiv *Peptostreptococcus magnus* vorzugsweise in einer Probe detektiert.
21. Oligonukleotid nach einem der Ansprüche 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, dass das Oligonukleotid SEQ ID NO:30 spezifisch für die Gattung *Porphyromonas* ist und selektiv *Porphyromonas endodontalis* vorzugsweise in einer Probe detektiert.
22. Oligonukleotid nach einem der Ansprüche 1 bis 3, dadurch gekennzeichnet, dass das Oligonukleotid SEQ ID NO:31 spezifisch für die Gattung *Rothia* ist und selektiv *Rothia dentocariosa* vorzugsweise in einer Probe detektiert.
23. Oligonukleotid nach einem der Ansprüche 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, dass das Oligonukleotid SEQ ID NO:32 und SEQ ID NO:33 spezifisch für die Gattung *Sphingobacterium* sind und SEQ ID NO:32 selektiv *Sphingobacterium multivorum* und



SEQ ID NO:33 selektiv *Sphingobacterium spiritovorum* vorzugsweise in einer Probe detektiert.

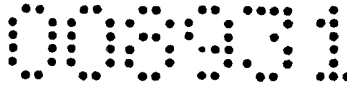
24. Oligonukleotid nach einem der Ansprüche 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, dass das Oligonukleotid SEQ ID NO:34 spezifisch für die Gattung *Treponema* ist und selektiv *Treponema pallidum* vorzugsweise in einer Probe detektiert.

25. Oligonukleotid nach einem der Ansprüche 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, dass das Oligonukleotid SEQ ID NO:35 spezifisch für die Gattung *Ureaplasma* ist und selektiv *Ureaplasma urealyticum* vorzugsweise in einer Probe detektiert.

26. Oligonukleotid enthaltend eine Nukleotidsequenz, die komplementär zu einem synthetischen Oligonukleotid gemäß einem der Ansprüche 1 bis 25 ist.

27. Zusammensetzung umfassend eine Kombination von Oligonukleotiden zum Nachweis von Bakterien-DNA kodierend für eine Sequenz der hochkonservierten 16S rDNA Region, dadurch gekennzeichnet, dass das erste Oligonukleotid mindestens 10 aufeinander folgende Basen der Oligonukleotide SEQ ID NO:5 aufweist und am 3'-Ende fluoresceinmarkiert ist und das weitere Oligonukleotid mindestens 10 aufeinander folgende Basen zumindest eines der Oligonukleotide SEQ ID NO:6 bis SEQ ID NO:35 aufweist und am 5'-Ende mit einem Fluoreszenzfarbstoff markiert ist.

28. Verfahren zur Detektion von zumindest einer Bakterienkontamination vorzugsweise einer Probe, die einem menschlichen oder tierischen Körper entnommen ist, umfassend die Schritte i) Extraktion der Nukleinsäure, insbesondere Bakterien-DNA, ii) Amplifikation mit Primern und Detektion mit Oligonukleotiden, insbesondere fluoreszenzmarkierten Oligonukleotiden als Hybridisierungs sonden, gemäß einem der Ansprüche 1 bis 26 vorzugsweise in einer Realtime-PCR und iii) Auswertung über Schmelzkurvenanalyse.



29. Verfahren nach Anspruch 28, dadurch gekennzeichnet, dass bei der Extraktion die Zellen lysiert werden, bakterielle DNA freigesetzt wird, an magnetisierte Partikel bindet, gereinigt und zuletzt mit einem Puffer eluiert wird.

30. Verfahren nach Anspruch 28 oder 29, dadurch gekennzeichnet, dass eine Inkubation der Probe mit einer Enzymlösung, insbesondere Lysostaphin-Lysozym-Lösung, vor der Extraktion erfolgt.

31. Verfahren nach einem der Ansprüche 28 bis 30, dadurch gekennzeichnet, dass eine Nukleinsäuresequenz aus der hochkonservierten 16S rDNA Region eines Bakteriengenoms amplifiziert wird.

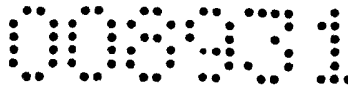
32. Verfahren nach einem der Ansprüche 28 bis 31, dadurch gekennzeichnet, dass als Primer Oligonukleotide mit einer Länge von mindestens 10 aufeinander folgenden Basen der Oligonukleotide SEQ ID:1 und SEQ ID NO:2 ausgewählt werden.

33. Verfahren nach einem der Ansprüche 28 bis 32, dadurch gekennzeichnet, dass Kontrollen, wie eine interne Kontrolle vorzugsweise ab der Extraktion, eine Negativ- und zumindest eine Positivkontrolle, mitgeführt werden.

34. Verfahren nach einem der Ansprüche 28 bis 33, dadurch gekennzeichnet, dass die zumindest eine Positivkontrolle eine Nukleinsäuresequenz von *Salmonella choleraesuis*, *Pseudomonas aeruginosa* und/oder *Staphylococcus epidermidis* enthält.

35. Verfahren nach einem der Ansprüche 28 bis 34, dadurch gekennzeichnet, dass die Nukleinsäuresequenz der zumindest einen internen Kontrolle mit einem Primerpaar bestehend aus einem Oligonukleotid mit einer Länge von mindestens 10 aufeinander folgenden Basen des Oligonukleotids SEQ ID NO:3 und SEQ ID NO:4 amplifiziert wird.

36. Verfahren nach einem der Ansprüche 28 bis 35, dadurch gekennzeichnet, dass die Nukleinsäuresequenzen der internen Kontrolle mit einem Oligonukleotid mit einer



Länge von mindestens 10 aufeinander folgenden Basen des Oligonukleotids SEQ ID NO: 12 hybridisiert werden.

37. Verfahren nach einem der Ansprüche 28 bis 36, dadurch gekennzeichnet, dass das Oligonukleotid eine komplementäre Sequenz des Oligonukleotids SEQ ID NO: 12 ist.

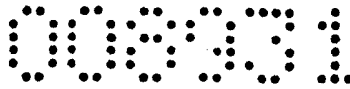
38. Verfahren nach einem der Ansprüche 28 bis 37, dadurch gekennzeichnet, dass die Realtime-PCR in Kapillaren durchgeführt wird.

39. Verfahren nach einem der Ansprüche 28 bis 38, dadurch gekennzeichnet, dass als Probe, die einem menschlichen oder tierischen Körper entnommen ist, eine Körperflüssigkeit aus einer Gruppe umfassend Blut, Blutfraktionen, Plasma, Knochenmark, Urin, Stuhl, Speichel, Lymphe, Exsudate, Transsudate, Sekrete, Spinalflüssigkeit, Samenflüssigkeit, dispergiertes Gewebe und/oder Flüssigkeiten aus natürlichen oder unnatürlichen Körperhöhlen bzw. Abstriche ausgewählt wird.

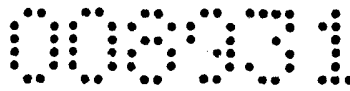
40. Verfahren nach einem der Ansprüche 28 bis 39, dadurch gekennzeichnet, dass als Probe Blutbestandteile, wie z.B. Thrombozyten, verwendet werden.

41. Verfahren nach einem der Ansprüche 28 bis 40, dadurch gekennzeichnet, dass gram-positive und/oder gram-negative Bakterien detektiert und unterschieden werden.

42. Verfahren nach einem der Ansprüche 28 bis 41, dadurch gekennzeichnet, dass die Bakterienarten *Enterococcus avium*, *Enterococcus casseliflavus*, *Enterococcus durans*, *Enterococcus faecalis*, *Enterococcus faecium*, *Enterococcus gallinarum*, *Enterococcus hirae*, *Kurthia gibsonii*, *Kurthia sibirica*, *Lactobacillus acidophilus*, *Lactobacillus casei*, *Lactobacillus fermentum*, *Lactobacillus plantarum*, *Lactobacillus salivarius*, *Listeria monocytogenes*, *Listeria pyogenes*, *Leuconostoc citreum*, *Leuconostoc lactis*, *Streptococcus agalactiae*, *Streptococcus anginosus*, *Streptococcus bovis*, *Streptococcus mitis*, *Streptococcus pneumoniae*, *Streptococcus pyogenes*, *Streptococcus salivarius*, *Streptococcus*



sanguinis, Streptococcus sp., Bacillus anthracis, Bacillus circulans, Bacillus pumilus, Bacillus sphaericus, Bacillus subtilis, Bacteroides capillosus, Brevibacillus laterosporus, Clostridium bifermentans, Clostridium botulinum, Clostridium butyricum, Clostridium clostridioforme, Clostridium difficile, Clostridium novyi, Clostridium perfringens, Clostridium septicum, Clostridium sporogenes, Clostridium tetani, Erysipelothrix rhusiopathiae, Fusobacterium alocis, Gemella haemolysans, Mycoplasma orale, Mycoplasma pulmonis, Mycoplasma buccale, Staphylococcus aureus, Staphylococcus capitis, Staphylococcus cohnii, Staphylococcus epidermidis, Staphylococcus haemolyticus, Staphylococcus hominis, Staphylococcus lugdunensis, Staphylococcus xylosus, Veillonella parvula, Acinetobacter baumannii, Acinetobacter calcoaceticus, Acinetobacter haemolyticus, Acinetobacter johnsonii, Acinetobacter junii, Acinetobacter lwoffii, Actinomyces meyeri, Actinomyces pyogenes, Aeromonas caciae, Aeromonas hydrophila, Aeromonas schubertii, Aeromonas veronii, Agrobacterium radiobacter, Alcaligenes faecalis, Anaerobiospirillum succiniciproducens, Anaerobiospirillum thomasi, Acetobacterium pyogenes, Bartonella bacilliformis, Bartonella henselae, Brucella abortus, Brucella melitensis, Calymmatobacterium granulomatis, Citrobacter amalonaticus, Citrobacter freundii, Coxiella burnetti, Edwardsiella tarda, Enterobacter aerogenes, Enterobacter cloacae, Enterobacter sakazakii, Enterobacter sp., Escherichia coli, Haemophilus aegypticus, Haemophilus aphrophilus, Haemophilus ducreyi, Haemophilus parahaemolyticus, Haemophilus parainfluenzae, Haemophilus paraphrophilus, Haemophilus segnis, Hafnia alvei, Klebsiella oxytoca, Klebsiella pneumoniae, Klebsiella rhinoscleromatis, Kluyvera ascorbata, Kluyvera cryocrescens, Legionella dumoffii, Legionella micdadei, Morganella morganii, Ochrobactrum anthropi, Pantoea agglomerans, Pasteurella gallinarum, Pasteurella pneumotropica, Plesiomonas shigelloides, Propionibacterium acnes, Proteus mirabilis, Proteus penneri, Proteus vulgaris, Pseudomonas putida, Rickettsia akari, Rickettsia australis, Rickettsia conorii, Salmonella choleraesuis, Salmonella enterica, Salmonella paratyphi A, Salmonella paratyphi B, paratyphi C, Salmonella typhi, Salmonella typhimurium, Serratia ficaria, Serratia fonticola, Serratia grimesii, Serratia liquefaciens, Serratia marcescens, Serratia rubidaea, Shigella boydii, Shigella dysenteriae, Shigella flexneri, Shigella sonnei, Vibrio alginolyticus, Vibrio hollisae, Wigglesworthia glossinidia, Xanthomonas campestris, Yersinia enterocolitica, Yersinia pestis, Yersinia pseudotuberculosis, Achromobacter piechaudii, Achromobacter xylosoxidans, Actinomadura madurae, Actinomadura pelletieri, Actinomyces bovis, Actinomyces naeslundii, Actinomyces viscosus, Afipia broo-



meae, *Afipia felis*, *Bacteroides gracilis*, *Bilophila wadsworthia*, *Bordetella bronchiseptica*, *Bordetella parapertussis*, *Bordetella pertussis*, *Burkholderia cepacia*, *Burkholderia gladioli*, *Burkholderia mallei*, *Burkholderia pseudomallei*, *Campylobacter coli*, *Campylobacter fetus*, *Campylobacter jejuni*, *Campylobacter lari*, *Capnocytophaga canimorsus*, *Capnocytophaga cynodegmi*, *Capnocytophaga gingivalis*, *Capnocytophaga ochracea*, *Capnocytophaga sputigena*, *Chromobacterium violaceum*, *Comamonas terrigena*, *Comamonas testosteroni*, *Corynebacterium diptheriae*, *Corynebacterium minutissimum*, *Corynebacterium pseudotuberculosis*, *Corynebacterium urealyticum*, *Ehrlichia canis*, *Ehrlichia chaffeensis*, *Ehrlichia sennetsu*, *Eikenella corrodens*, *Eubacterium lentum*, *Francisella tularensis*, *Fusobacterium necrophorum*, *Fusobacterium nucleatum*, *Gardnerella vaginalis*, *Haemophilus influenzae*, *Helicobacter pylori*, *Kingella kingae*, *Methylobacterium extorquens*, *Methylobacterium mesophilicum*, *Mycobacterium africanum*, *Mycobacterium avium*, *Mycobacterium bovis*, *Mycobacterium chelonae*, *Mycobacterium intracellulare*, *Mycobacterium kanasii*, *Mycobacterium leprae*, *Mycobacterium malmoeense*, *Mycobacterium marinum*, *Mycobacterium scrofulaceum*, *Mycobacterium tuberculosis*, *Mycobacterium xenopi*, *Neisseria cinerea*, *Neisseria gonorrhoeae*, *Neisseria meningitidis*, *Nocardia asteroides*, *Nocardia nova*, *Nocardia octitidis*, *Oligella urethralis*, *Oligella urelytica*, *Peptoniphilus asaccharolyticus*, *Peptostreptococcus prevotii*, *Porphyromonas gingivalis*, *Prevotella buccae*, *Prevotella buccalis*, *Prevotella corporis*, *Prevotella denticola*, *Prevotella oralis*, *Rhodococcus equi*, *Rhodococcus erythropolis*, *Rhodococcus rhodochrous*, *Stenotrophomonas maltophilia*, *Streptobacillus moniliformis*, *Tropheryma whippely*, *Weeksella virosa*, *Actinobacillus actinomycetemcomitans*, *Actinobacillus equuli*, *Actinobacillus hominis*, *Actinobacillus suis*, *Actinobacillus ureae*, *Borrelia afzelii*, *Borrelia burgdorferi*, *Borrelia garninii*, *Borrelia hermsii*, *Borrelia hispanica*, *Chryseomonas luteola*, *Legionella dumoffii*, *Legionella micdadei*, *Legionella pneumophila*, *Moraxella (Branhamella) catarrhalis*, *Moraxella (Branhamella) nonliquefaciens*, *Moraxella (Branhamella) osloensis*, *Moraxella (Branhamella) phenylpyruvica*, *Pediococcus pentosaceus*, *Porphyromonas asaccharolytica*, *Providencia alcalifaciens*, *Providencia rettgeri*, *Providencia rustigianii*, *Providencia stuartii*, *Pseudomonas aeruginosa*, *Pseudomonas fluorescens*, *Psychrobacter immobilis*, *Vibrio cholerae*, *Vibrio parahaemolyticus*, *Vibrio vulnificus*, *Actinomyces israelii*, *Actinomyces odontolyticus*, *Arcanobacterium haemolyticum*, *Bacteroides eggerthii*, *Bacteroides fragilis*, *Bacteroides forsythus*, *Bacteroides merdae*, *Bacteroides putredinis*, *Chlamydiae trachoma-*

tis, Chlamydiae pneumoniae, Fusobacterium sulci, Leptospira biflexa, Leptospira interrogans, Mobiluncus mulieris, Mycoplasma pneumoniae, Peptostreptococcus anaerobicus, Peptostreptococcus magnus, Porphyromonas endodontalis, Rothia dentocariosa, Spingobacterium multivorum, Spingobacterium spiritovorum, Treponema pallidum und/oder Ureaplasma urealyticum mittels Schmelzkurvenanalyse detektiert werden.

43. Verfahren nach einem der Ansprüche 28 bis 42, dadurch gekennzeichnet, dass die Bestimmung der Bakterienarten mittels Schmelzkurvenanalyse durch Überschreitung eines durch Evaluierung vordefinierten Cut-Off Wertes erfolgt.

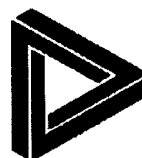
44. Kit zum Nachweis von Bakterien, enthaltend wenigstens ein Primerpaar zur Amplifikation, vorzugsweise gemäß Anspruch 32 und/oder 35, und zumindest ein Oligonukleotid gemäß einem der Ansprüche 1 bis 20, gegebenenfalls eine thermostabile DNA-Polymerase und dNTP-Lösungen.

45. Kit nach Anspruch 44, dadurch gekennzeichnet, dass weitere Komponenten, wie Magnesiumchloridlösung, Rinderserumalbumin, Puffer und steriles Wasser enthalten sind.

Österreichisches Rotes Kreuz
Landesverband Oberösterreich
durch

Dr. Clemens Öhrer





Klassifikation des Anmeldungsgegenstands gemäß IPC ⁶ : C12Q 1/68 (2006.01)
Klassifikation des Anmeldungsgegenstands gemäß ECLA: C12Q1/68B, C12Q1/68M10B
Recherchierter Prüfstoff (Klassifikation): C12Q, C12N15/09
Konsultierte Online-Datenbank: EPODOC, blastn, STN
Dieser Recherchenbericht wurde zu den am 7. September 2006 eingereichten Ansprüchen 1-45 erstellt.

Kategorie ^{*)}	Bezeichnung der Veröffentlichung: Ländercode, Veröffentlichungsnummer, Dokumentart (Anmelder), Veröffentlichungsdatum, Textstelle oder Figur soweit erforderlich	Betreffend Anspruch
A	EP 1366195 A2 (AUSTRIAN RES CT S GMBH ARC) 3. Dezember 2003 (03.12.2003) <i>gesamtes Dokument</i>	1-45
	--	
A	US 6664081 B2 (BRENTANO ET AL) 16. Dezember 2003 (16.12.2003) <i>gesamtes Dokument</i>	1-45
	--	
A	WO 2000/052203 A2 (KING S COLLEGE LONDON) 8. September 2000 (08.09.2000) <i>gesamtes Dokument</i>	1-45
	--	
A	US5994066 A (INFECTIO DIAGNOSTIC INC) 30. November 1999 (30.11.1999) <i>gesamtes Dokument</i>	1-45
	--	
A	WO 1993/003186 A1 (HOFFMANN LA ROCHE) 18. Februar 1993 (18.02.1993) <i>gesamtes Dokument</i>	1-45
	--	

Datum der Beendigung der Recherche: 21. Mai 2007	☒ Fortsetzung siehe Folgeblatt	Prüfer(in): Dr. ETZ
--	--	-------------------------------

^{*)} Kategorien der angeführten Dokumente: X Veröffentlichung von besonderer Bedeutung : der Anmeldungsgegenstand kann allein aufgrund dieser Druckschrift nicht als neu bzw. auf erfinderischer Tätigkeit beruhend betrachtet werden. Y Veröffentlichung von Bedeutung : der Anmeldungsgegenstand kann nicht als auf erfinderischer Tätigkeit beruhend betrachtet werden, wenn die Veröffentlichung mit einer oder mehreren weiteren Veröffentlichungen dieser Kategorie in Verbindung gebracht wird und diese Verbindung für einen Fachmann naheliegend ist.		A Veröffentlichung, die den allgemeinen Stand der Technik definiert. P Dokument, das von Bedeutung ist (Kategorien X oder Y), jedoch nach dem Prioritätstag der Anmeldung veröffentlicht wurde. E Dokument, das von besonderer Bedeutung ist (Kategorie X), aus dem ein älteres Recht hervorgehen könnte (früheres Anmeldedatum, jedoch nachveröffentlicht, Schutz ist in Österreich möglich, würde Neuheit in Frage stellen). & Veröffentlichung, die Mitglied der selben Patentfamilie ist.
---	--	--

Kategorie	Bezeichnung der Veröffentlichung: Ländercode, Veröffentlichungsnummer, Dokumentart (Anmelder), Veröffentlichungsdatum, Textstelle oder Figur soweit erforderlich	Betreffend Anspruch
A	WO 1998/015648 A1 (STENDER ET AL.) 16. April 1998 (16.04.1998) <i>gesamtes Dokument</i> ----	1-45