

Panbacteriële identificatie via 16S nanopore sequencing

Beschrijving van de test

Naam:	Panbacteriële identificatie via 16S nanopore sequencing
Aanvraag code:	55055
Loinc:	66885-5
Frequentie:	1x/week
Uitvoerend labo:	AZ Sint Jan
TAT:	maximum 9 dagen
24u/24u:	NVT
Accreditatie:	ISO 15189:2022 (379-MED)
Verantwoordelijke bioloog:	dr. Marijke Reynders

Afname van het materiaal

Afname:	Microbiologische monsters (na telefonisch overleg met medisch microbioloog of infectioloog).
Toegelaten recipiënt:	Alle microbiologische recipiënten worden aanvaard indien klinisch aangewezen, inclusief hemoculturen.
Volume:	1 mL lichaamsvocht (of gemixt bioptje, in steriel recipiënt)

Criteria voor aanvaarding of bijaanvraag

Acceptatie:	Correct en onbeschadigd recipiënt met duidelijke identificatiegegevens.
Bijaanvraag:	Indien het monster een correcte pre-analytische fase doorliep en veilig bewaard zit (zie bewaarcondities), is dit toegelaten.

Analyse

Analysemethode:	De methode bestaat uit PCR amplificatie van het volledige bacteriële 16S gen op een DNA extract, gevolgd door long-read sequencing met een Nanopore MinION sequencer. De gegenereerde 16S sequenties worden vervolgens geanalyseerd
-----------------	---

met behulp van gespecialiseerde data-analyse software om de bacteriën die aanwezig zijn in het monster te identificeren. Bij identificatie van Mycobacteriën wordt een bijkomend target (hsp65) gesequenced om tot een meer correcte species-identificatie te komen.

Deelname EKE: QCMD jaarlijks

Interferentie: Deze analyse scoort minder goed bij infecties waar een zeer lage bacteriële load wordt verwacht, zoals i.g.v. CZS infecties (CSV-monsters). Bij vermoeden van een infectie met atypische Mycobacteriën, contacteer de microbioloog voor bijkomende sequencing van het hsp65 target (hogere gevoeligheid en betere speciesdifferentiatie)

Interpretatie: Het taxonomisch niveau van identificatie is afhankelijk van de variabiliteit van het 16S gen binnen het desbetreffend taxon. Rapportering op species niveau steeds onder voorbehoud, waarbij het meest waarschijnlijke species wordt gerapporteerd. Omwille van onvolledige primer complementariteit is deze test niet geschikt voor het opsporen van bacteriën binnen de orde Chlamydiales, en is er mogelijk verminderde gevoeligheid voor het genus Borrelia. Hiervoor kunnen echter wel gerichte PCR's worden gebruikt, tel 2603 bij hoge klinische verdenking.

Tarificatie

Nomenclatuur: 557071 - 557082 B 1000 Opsporen van infectieuze agentia in het bloed via moleculaire amplificatie bij allogene stamceltransplantatie patiënten # (Cumulregel [114](#))
Bron: RIZIV website op 26/04/2026

Tarificatie buiten nomenclatuur

Prijs in euro: 128.00

Laatst gewijzigd op

15-01-2026