

**Lista akredytowanych działań prowadzonych w ramach zakresu elastycznego**

**wydanie nr 12, z dnia 27.10.2022 r.**

<b>Przedmiot badań/wyrób</b>	<b>Rodzaj działalności/badane cechy/metoda</b>	<b>Dokumenty odniesienia</b>
<b>Materiał pochodzenia ludzkiego</b>	<p>1. Identyfikacja rodzaju śladu biologicznego. Cechy swoiste materiału biologicznego. Metoda: Immunochromatograficzna, biochemiczna, genetyczna.</p> <p>2. Indywidualizacja śladów biologicznych. Analiza DNA w zakresie polimorficznych układów typu STR. locus amelogeniny i autosomalnych loci STR: D3S1358, D1S1656, D2S441, D10S1248, D13S317, D16S539, D18S51, D2S1338, CSF1PO, TH01, vWA, D21S11, D7S820, D5S818, TPOX, D8S1179, D12S391, D19S433, FGA, D22S1045, Penta D, Penta E, SE33, loci chromosomu Y-STR: DYS576, DYS389I, DYS448, DYS389II, DYS19, DYS391, DYS481, DYS549, DYS533, DYS438, DYS437, DYS570, DYS635, DYS390, DYS439, DYS392, DYS643, DYS393, DYS458, DYS385, DYS456, Y GATA H4, loci chromosomu X-STR: DXS10103, DXS8378, DX7132, DXS10134, DXS10074, DX10101, DXS10135, DXS7423, DXS10146, DXS10079, HPRTB, DXS10148 Metoda: Multipleks PCR z elektroforezą kapilarną.</p> <p>3. Indywidualizacja śladów biologicznych. Analiza polimorfizmu mitochondrialnego DNA (mDNA) w zakresie: regiony HV1 (16010-16380) i HV2 (60-370) Metoda sekwencjonowania DNA.</p> <p>4. Analiza pokrewieństwa. Analiza polimorfizmu z wykorzystaniem układu STR. D3S1358, D1S1656, D2S441, D10S1248, D13S317, D16S539, D18S51, D2S1338, CSF1PO, TH01, vWA, D21S11, D7S820, D5S818, TPOX, D8S1179, D12S391, D19S433, FGA, D22S1045, Penta D, Penta E, SE33, loci chromosomu Y-STR: DYS576, DYS389I, DYS448, DYS389II, DYS19, DYS391, DYS481, DYS549, DYS533, DYS438, DYS437, DYS570, DYS635, DYS390, DYS439, DYS392, DYS643, DYS393, DYS458, DYS385, DYS456, Y GATA H4, loci chromosomu X-STR: DXS10103, DXS8378, DX7132, DXS10134, DXS10074, DX10101, DXS10135, DXS7423, DXS10146, DXS10079, HPRTB, DXS10148 Metoda: Multipleks PCR z elektroforezą kapilarną. Analiza polimorfizmu mitochondrialnego DNA (mt DNA) w zakresie: regiony HV1 (16010-16380) i HV2 (60-370). Metoda sekwencjonowania DNA.</p>	<b>PB-1 wydanie 10 z dnia 17.10.2021</b>
<b>Materiał biologiczny pochodzenia ludzkiego: Krew, ślina, wymaz z policzka, mocz, płyn mózgowo-rdzeniowy, wymaz z nosogardzieli</b>	<p>1. Obecność wirusów, bakterii, grzybów i pierwotniaków</p> <p>Metoda: Real Time PCR</p> <p>- ADV - HCMV - HCV</p>	<b>PB-4 wydanie 5 z dnia 11.04.2020</b>

	<ul style="list-style-type: none"> <li>- HBV</li> <li>- EBV</li> <li>- HHV6</li> <li>- parvovirus B19</li> <li>- HIV</li> <li>- HSV I</li> <li>- HSV II</li> <li>- HPV</li> <li>- HPV typy: 6, 11, 16, 18, 31, 33, 35, 39, 42, 43, 44, 45, 51, 52, 56, 58, 59, 66, 68</li> <li>- <i>Chlamydia trachomatis</i></li> <li>- <i>Mycoplasma genitalium</i></li> <li>- <i>Ureaplasma parvum</i></li> <li>- <i>Ureaplasma urealyticum</i></li> <li>- <i>Neisseria gonorrhoeae</i></li> <li>- <i>Borrelia burgdorferi</i></li> <li>- <i>Borrelia afzelii</i></li> <li>- <i>Borrelia garinii</i></li> <li>- <i>Trichomonas vaginalis</i></li> <li>- <i>Candida albicans</i></li> <li>- <i>Candida glabrata</i></li> <li>- <i>Candida krusei</i></li> <li>- <i>Toxoplasma gondii</i></li> <li>- SARS-CoV-2</li> </ul> <p>2. Liczba kopii sekwencji materiału genetycznego:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- ADV</li> <li>- HSV I</li> <li>- HSV II</li> <li>- HCMV</li> <li>- HCV</li> <li>- HBV</li> <li>- EBV</li> <li>- HHV6</li> <li>- parvovirus B19</li> </ul> <p>Zakres: (1-10000) (kopii/ul) Metoda: Real Time PCR</p>	
--	--	--

Instytut Genetyki Sądowej

dr n. med. Jolanta Czarna  
EKSPERT GENETYKI SĄDOWEJ

Opracował: .....

(data, podpis)  
27.10.2022

KIEROWNIK  
INSTYTUTU GENETYKI SĄDOWEJ

Zatwierdził: .....

dr n. med. Jolanta Powierska-Czarna

(data, podpis)

27.10.2022