

Laboratorio di Ricerche Locorotondo

VADEMECUM 2009

CODICE A.S.L.	DETERMINAZIONI	MAT.	METODO	VALORI DI RIFERIMENTO	U.M.	TEMPO DI CONSEGNA	TARIFFA	SIGLE E SINONIMI
SETTORE: BIOLOGIA MOLECOLARE								
91.29.4 91.36.5	Genotipo APO B Estrazione del DNA	Sed	RICERCA MUTAZIONE IN PCR + IBRIDAZIONE CON SONDE NON RADIOMARcate O MEDIANTE SEQUENZIAMENTO	allele normale allele mutato		15	122.12 46.22 168.34	
91.29.4 91.36.5	Genotipo APO E Estrazione del DNA	Sed	RICERCA MUTAZIONE IN PCR + IBRIDAZIONE CON SONDE NON RADIOMARcate O MEDIANTE SEQUENZIAMENTO	allele normale allele mutato		15	122.12 46.22 168.34	
91.30.1 91.36.5	Ricerca Mutazione GENE BETA GLOBINA (20 mutazioni) ESTRAZIONE DEL DNA	Sed	RICERCA MUTAZIONE IN PCR + IBRIDAZIONE CON SONDE NON RADIOMARcate O MEDIANTE SEQUENZIAMENTO	allele normale allele mutato		20	475.65 46.22 529.97	
91.29.4 91.36.5	Ricerca Mutazione B FIBRINOGENO Estrazione del DNA	Sed	RICERCA MUTAZIONE IN PCR + IBRIDAZIONE CON SONDE NON RADIOMARcate O MEDIANTE SEQUENZIAMENTO	allele normale allele mutato		15	122.12 46.22 168.34	
91.11.5 91.36.5	Ricerca CITOMEGALOVIRUS DNA Estrazione del DNA	Sed	PCR + IBRIDAZIONE CON SONDE NON RADIOMARcate O MEDIANTE SEQUENZIAMENTO	negativo positivo		20	64.10 46.22 110.32	CMV DNA
90.83.4 91.36.5	Ricerca CLAMIDIA TRACHOMATIS DNA Estrazione del DNA	U TampV TampU	PCR + IBRIDAZIONE CON SONDE NON RADIOMARcate O MEDIANTE SEQUENZIAMENTO	negativo positivo		10	60.93 46.22 107.15	
91.29.4 91.36.5	Ricerca Mutazione EMOCROMATOSI DNA (C 282Y+S65C+H63T) Estrazione del DNA	Sed	RICERCA MUTAZIONE IN PCR + IBRIDAZIONE CON SONDE NON RADIOMARcate O MEDIANTE SEQUENZIAMENTO	allele normale allele mutato		20	122.12 46.22 168.34	Gene HFE (C 282 Y)

Laboratorio di Ricerche Locorotondo

VADEMECUM 2009

CODICE A.S.L.	DETERMINAZIONI	MAT.	METODO	VALORI DI RIFERIMENTO	U.M.	TEMPO DI CONSEGNA	TARIFFA	SIGLE E SINONIMI
91.11.5 91.36.5	Ricerca EPSTEIN BARR DNA Estrazione del DNA	Sed	RICERCA MUTAZIONE IN PCR + IBRIDAZIONE CON SONDE NON RADIOMARCATO O MEDIANTE SEQUENZIAMENTO	negativo positivo		20	64.60 46.22 110.82	EBV DNA
91.29.4 91.36.5	Ricerca Mutazione FATTORE II Estrazione del DNA	Sed	RICERCA MUTAZIONE IN PCR + IBRIDAZIONE CON SONDE NON RADIOMARCATO O MEDIANTE SEQUENZIAMENTO	allele normale allele mutato		15	122.12 46.22 168.34	
91.29.4 91.36.5	Ricerca Mutazione FATTORE V DI LEIDEN Estrazione del DNA	Sed	RICERCA MUTAZIONE IN PCR + IBRIDAZIONE CON SONDE NON RADIOMARCATO O MEDIANTE SEQUENZIAMENTO	allele normale allele mutato		15	122.12 46.22 168.34	
91.29.4 91.36.5	Ricerca Mutazione FATTORE V R2	Sed	RICERCA MUTAZIONE IN PCR + IBRIDAZIONE CON SONDE NON RADIOMARCATO O MEDIANTE SEQUENZIAMENTO	allele normale allele mutato		15	122.12 46.22 168.34	H1299r del fattore V
91.30.1 91.36.5	Ricerca Mutazione FIBROSI CISTICA DNA (almeno 20 mutazioni)	Sed	POLYMERASE CHAIN REACTION + IBRIDAZIONE REVERSE DOT BLOTT O SEQUENZIAMENTO	allele normale allele mutato		25	645.00 46.22 691.22	Mutazioni CFTR
91.17.3 91.36.5	Ricerca HBV DNA QUALITATIVO Estrazione del DNA	S Cong.	PCR + IBRIDAZIONE CON SONDE NON RADIOMARCATO O MEDIANTE SEQUENZIAMENTO	negativo positivo		12	63.42 46.22 108.87	
	Ricerca HBV DNA QUANTITATIVO	S Cong	PCR + IBRIDAZIONE CON SONDE NON RADIOMARCATO O MEDIANTE SEQUENZIAMENTO	Range di linearità da 1.1 a 4x10 ⁹ IU/ml		25	200.00	
91.20.2 91.36.5 91.36.1 91.19.3	GENOTIPO HCV RNA (previa ricerca) Estrazione del genoma Conservazione degli acidi nucleici HCV RNA qualitativo	S Cong. Ped Cong.in provetta sterile	PCR + IBRIDAZIONE CON SONDE NON RADIOMARCATO O MEDIANTE SEQUENZIAMENTO	Identificazione genotipi virali		20	78.79 46.22 41.23 64.08 230.32	

Laboratorio di Ricerche Locorotondo

VADEMECUM 2009

CODICE A.S.L.	DETERMINAZIONI	MAT.	METODO	VALORI DI RIFERIMENTO	U.M.	TEMPO DI CONSEGNA	TARIFFA	SIGLE E SINONIMI
91.19.3 91.36.5	Ricerca HCV RNA QUALITATIVO Estrazione del genoma	S Cong. Ped Cong.in provetta sterile	PCR + IBRIDAZIONE CON SONDE NON RADIOMARcate O MEDIANTE SEQUENZIAMENTO	negativo positivo		10	64.08 46.22 110.30	
91.19.4 91.36.5	Ricerca HCV RNA QUANTITATIVO Estrazione del genoma	S Cong.in provetta sterile	PCR + IBRIDAZIONE CON SONDE NON RADIOMARcate O MEDIANTE SEQUENZIAMENTO	range di linearità da 615 a 7.7 milioni IU/ml	Iu/ml	20	78.79 46.22 125.01	
91.36.5 91.11.5	Ricerca HERPES VIRUS DNA Estrazione del DNA	Sed	PCR + IBRIDAZIONE CON SONDE NON RADIOMARcate O MEDIANTE SEQUENZIAMENTO	negativo positivo		15	64.60 46.22 110.82	HSV 1 DNA
91.22.1 91.36.5	Ricerca HIV DNA QUALITATIVO Estrazione del DNA	Sed	PCR + IBRIDAZIONE CON SONDE NON RADIOMARcate O MEDIANTE SEQUENZIAMENTO	negativo positivo		12	64.08 46.22 110.30	
90.78.2 91.36.5	Tipizzazione genomica HLA locus A a bassa risoluzione Estrazione del DNA	Sed	RICERCA MUTAZIONE IN PCR + IBRIDAZIONE CON SONDE NON RADIOMARcate O MEDIANTE SEQUENZIAMENTO	Identificazione aplotipo regione HLA A		20	103.21 46.22 149.43	HLA classe I (locus A,)
90.78.4 91.36.5	Tipizzazione genomica HLA locus B a bassa risoluzione Estrazione del DNA	Sed	RICERCA MUTAZIONE IN PCR + IBRIDAZIONE CON SONDE NON RADIOMARcate O MEDIANTE SEQUENZIAMENTO	Identificazione aplotipo regione HLA B		20	103.21 46.22 149.43	HLA classe I (loci A,B,C)
90.79.1 91.36.5	Tipizzazione genomica HLA locus C a bassa risoluzione Estrazione del DNA	Sed	RICERCA MUTAZIONE IN PCR + IBRIDAZIONE CON SONDE NON RADIOMARcate O MEDIANTE SEQUENZIAMENTO	Identificazione aplotipo regione HLA C		20	103.21 46.22 149.43	HLA classe I (locus C)
90.80.4 91.36.5 90.80.2 90.81.1	Tipizzazione genomica HLA per CELIACHIA Estrazione del DNA (DQA1 ad ALTA RISOLUZIONE)	Sed	RICERCA MUTAZIONE IN PCR + IBRIDAZIONE CON SONDE NON RADIOMARcate O MEDIANTE SEQUENZIAMENTO	Identificazione aplotipo regione HLA DQ B1		15	181.41 46.22 181.41 216.98 626.02	HLA classe II per Celiachia

Laboratorio di Ricerche Locorotondo

VADEMECUM 2009

CODICE A.S.L.	DETERMINAZIONI	MAT.	METODO	VALORI DI RIFERIMENTO	U.M.	TEMPO DI CONSEGNA	TARIFFA	SIGLE E SINONIMI
90.81.1 91.36.5	Tipizzazione genomica HLA locus DR B1 a bassa risoluzione Estrazione del DNA	Sed	RICERCA MUTAZIONE IN PCR + IBRIDAZIONE CON SONDE NON RADIOMARcate O MEDIANTE SEQUENZIAMENTO	Identificazione aptotipo regione HLA DQ B1		20	216.98 46.22 263.20	HLA classe II (locus DR)
90.80.4 91.36.5	Tipizzazione genomica HLA locus DQ B1 a bassa risoluzione Estrazione del DNA	Sed	RICERCA MUTAZIONE IN PCR + IBRIDAZIONE CON SONDE NON RADIOMARcate O MEDIANTE SEQUENZIAMENTO	identificazione aptotipo regione HLA DR B1		20	181.41 46.22 227.63	HLA classe II (locus DQ)
91.29.4 91.36.5	Genotipo HPA 1 Estrazione del DNA	Sed	RICERCA MUTAZIONE IN PCR + IBRIDAZIONE CON SONDE NON RADIOMARcate O MEDIANTE SEQUENZIAMENTO	allele normale allele mutato		15	122.12 46.22 168.34	
91.29.4 91.36.5	Ricerca Mutazione MTHFR 677 Estrazione del DNA	Sed	RICERCA MUTAZIONE IN PCR + IBRIDAZIONE CON SONDE NON RADIOMARcate O MEDIANTE SEQUENZIAMENTO	allele normale allele mutato		18	122.12 46.22 168.34	5,10-metilentetraidrofolato reductasi
91.29.4 91.36.5	Ricerca Mutazione MTHFR 1298 Estrazione del DNA	Sed	RICERCA MUTAZIONE IN PCR + IBRIDAZIONE CON SONDE NON RADIOMARcate O MEDIANTE SEQUENZIAMENTO	allele normale allele mutato		15	122.12 46.22 168.34	5,10-metilentetraidrofolato reductasi
90.83.4 91.36.5	Ricerca MICOBACTERIUM TUBERCULOSIS DNA Estrazione del DNA	U/Saliva E/ Tamp. faringeo	RICERCA MUTAZIONE IN PCR + IBRIDAZIONE CON SONDE NON RADIOMARcate O MEDIANTE SEQUENZIAMENTO	negativo positivo		15	60.93 46.22 107.15	BK DNA
91.29.3 91.29.3 91.29.3 91.36.5	Microdelezione del Cromosoma Y Estrazione del genoma	Sed	RICERCA MUTAZIONE IN PCR + IBRIDAZIONE CON SONDE NON RADIOMARcate O MEDIANTE SEQUENZIAMENTO	assenza di microdelezioni		25	1213.38 46.22	
91.29.4 91.36.5	GENOTIPO PAI I Estrazione del genoma	Sed	RICERCA MUTAZIONE IN PCR + IBRIDAZIONE CON SONDE NON RADIOMARcate O	allele normale allele mutato		10	122.12 46.22 168.34	

Laboratorio di Ricerche Locorotondo

VADEMECUM 2009

CODICE A.S.L.	DETERMINAZIONI	MAT.	METODO	VALORI DI RIFERIMENTO	U.M.	TEMPO DI CONSEGNA	TARIFFA	SIGLE E SINONIMI
			MEDIANTE SEQUENZIAMENTO					
91.11.5 91.36.5	Ricerca PAPPILLOMA VIRUS DNA Estrazione del DNA	TampV Tamp. uretr. Tamp. cerv. Tessuto Tutti da stemperare in PBS e congelare	PCR + IBRIDAZIONE CON SONDE NON RADIOMARcate O MEDIANTE SEQUENZIAMENTO	negativo positivo		15	64.60 46.22 110.82	HPV DNA
91.11.5 91.30.3 91.36.5	Tipizzazione PAPPILLOMA VIRUS DNA Estrazione del DNA	TampV Tamp. uretr. Tamp. cerv. Tessuto Tutti da stemperare in PBS e congelare	PCR + IBRIDAZIONE CON SONDE NON RADIOMARcate O MEDIANTE SEQUENZIAMENTO	Identificazione genotipi virali		25	64.60 158.62 46.22 269.44	HPV DNA Tipizzazione
91.11.5 91.36.5	PARVOVIRUS B19 DNA Estrazione del DNA	Sed TampV Liquido seminale U LA	PCR + IBRIDAZIONE CON SONDE NON RADIOMARcate O MEDIANTE SEQUENZIAMENTO			15	64.60 46.22 110.82	
	QF- PRC (Analisi aneuploide)	villi coriali liquido amniotico	RICERCA MUTAZIONE IN PCR + IBRIDAZIONE CON SONDE NON RADIOMARcate O MEDIANTE SEQUENZIAMENTO	Assenza / presenza (aneuploide 13, 18, 21,cromosomi sessuali)		2	80.00	QF- PRC