



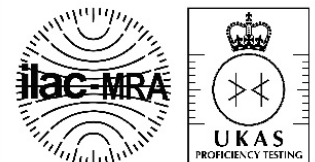
QWAS

Program badania biegłości - mikrobiologia wody

Opis programu

**LGC Standards
Proficiency Testing**
1 Chamberhall Business Park
Chamberhall Green
Bury, BL9 0AP
UK.

Telefon: +44 (0) 161 762 2500
Email: ptcustomerservices@lgcgroup.com
WWW: www.lgcstandards.com



0001

Protokół statusu wydania oraz wprowadzonych zmian

Wydanie:19

Data wydania: wrzesień 2020

Opis programu QWAS

WYDANIE	DATA WYDANIA	SZCZEGÓŁY	ZATWIERDZONY PRZEZ
10	wrz 2014	Dodanie <i>Staphylococcus species</i> do 421. Włączenie informacji o spójności pomiarowej w załączniku A. Włączenie informacji dotyczącej podwykonawstwa w punkcie "Materiały do badań".	R.Lathall
11	wrz 2015	Poprawione SPDA dla 416 na 0.5 Dodanie próbek poprzednio dostępnych w QMIS, tj. identyfikacja, zadanie teoretyczne. Zaktualizowanie metod. Usunięcie informacji o papierowych wersjach raportów.	A.S.Eden S.Fairless A.McCarthy
12	sie 2016	Wprowadzenie zmian w opisie próbki 427 o ustaleniu wartości przypisanej na podstawie przygotowania próbki	T. Noblett
13	wrz 2017	Dodanie próbki 4 – 'Badanie przy użyciu Dip-slide (dwustronnych płytek odciskowo-zanurzeniowych)' z programu Hygiene. Zmiana nazwy na próbkę 428. Dodanie oznaczania liczby gatunków <i>Legionella</i> do próbki 423.	T. Pullan
14	wrz 2018	Zamieniono kody metod na 'All' (Wszystkie). Usunięto informacje o metodach. Zaktualizowano zakres PCR na 'All' (Wszystkie).	T. Pullan
15	sie 2019	Usunięto "Wykrywanie obecności" z opisu próbki 423. Do próbek 417 i 418 dodane parametr „bezpośrednie zliczanie”.	A McCarthy R.Smith
16	lis 2019	Dodanie oznaczania liczby <i>Pseudomonas aeruginosa</i> do próbki 414.	A.S.Eden
17	lut 2020	Zmieniono jednostkę dla próbek 417 i 418 dla parametru - Oznaczanie liczby <i>Legionella pneumophila</i> metodą bezpośrednią. Zaktualizowano logo UKAS.	R.Smith A McCarthy
18	cze 2020	Zmieniono jednostkę dla próbki 427. Dodano drożdże i pleśnie do próbki 413.	R.Smith T.Noblett
19	wrz 2020	Dodano próbkę 429: TVC w wodzie dializacyjnej. Dodano próbkę 430: SARS-CoV-2 w ściekach.	R.Smith

Uwagi:

Jeżeli niniejszy dokument został przetłumaczony, wersją wiążącą jest wersja w języku angielskim.

Cele programu i organizacja

Głównym celem programu badania biegłości Quality in Water Analysis Scheme (QWAS) jest umożliwienie laboratoriom wykonującym mikrobiologiczne analizy wody monitorowania ich sprawności oraz porównania jej z wynikami podobnych laboratoriów. Celem QWAS jest także dostarczenie uczestnikom informacji związanych z problemami technicznymi oraz metodykami odnoszącymi się do mikrobiologicznych badań wody i badania takich próbek.

Rok programu QWAS trwa od stycznia do grudnia. Dalsze informacje, w tym informacja o dostępności materiałów do badań, datach dystrybucji oraz terminach raportowania, dostępne są w aktualnie obowiązującym formularzu zgłoszeniowym programu QWAS.

Materiały do badań

Szczegóły dotyczące dostępnych w QWAS materiałów do badań znajdują się w Załączniku A. Zakres badanych parametrów jest na bieżąco przeglądany w celu zapewnienia, że spełnia on bieżące wymagania laboratoriów oraz obowiązujących przepisów.

Partie materiałów do badań są poddawane testom na jednorodność dla przynajmniej jednego parametru, jeżeli jest to właściwe. Szczegóły dotyczące przeprowadzonych testów na jednorodność i ich wyniki podane są w raportach z programu QWAS.

Niektóre aspekty programu, takie jak produkcja materiału do badań, badanie jednorodności i ocena stabilności, może być od czasu do czasu zlecona. Gdy wystąpi podwykonawstwo, wykonywane jest przez kompetentnego podwykonawcę, a LGC jest odpowiedzialne za tę pracę. Planowanie programu, ocena wyników i autoryzacja raportu końcowego nigdy nie zostanie zlecona.

Analiza statystyczna

Informacje dotyczące statystyki wykorzystanej w programie QWAS można znaleźć w Ogólnym protokole oraz w Raporcie z programu. Metody wyznaczania wartości przypisanych oraz wykorzystane dla poszczególnych próbek wartości SDPA zostały podane w Załączniku A.

Metody

Metody są wymienione na stronie PORTAL. Prosimy o wybranie najbardziej odpowiedniej metody z listy. Jeżeli żadna z wymienionych metod nie jest odpowiednia, prosimy o wybranie metody 'Other' ('Inna') i dodanie krótkiego opisu w polu 'Comments' ('Komentarz') na stronie PORTAL.

Wyniki i raporty

Wyniki z programu QWAS są nadsyłane za pomocą elektronicznego systemu raportowania, PORTAL. Pełne instrukcje raportowania są dostarczane e-mailem..

Raporty z programu QWAS są dostępne na stronie internetowej w terminie 10 dni roboczych od zamknięcia rundy. Uczestnicy otrzymają e-mailem link do raportu po jego opublikowaniu.

ZAŁĄCZNIK A – Opis wykorzystanych skrótów

Wartość przypisana, *Assigned Value (AV)*

Wartość przypisana może być otrzymana w następujący sposób:

- Z odpornej wartości średniej (mediany) wyników uczestników (*RMean*). Jest to mediana wyników uczestników po odrzuceniu wyników, które są nieodpowiednie do oceny statystycznej, np. błędów w obliczeniach, przeniesieniach i innych błędów grubych. Zasadniczo, wartość przypisana zostanie wyznaczona na podstawie wyników uzyskanych wszystkimi metodami, chyba, że dla danego pomiaru wyniki mogą się różnić w zależności od zastosowanej metody, w takim przypadku wartość przypisana będzie wyznaczona dla poszczególnych metod, co będzie odzwierciedlone w tabelach w raporcie. Dla niektórych analitów, w przypadku gdy istnieje uznana metoda referencyjna dla danego rodzaju pomiaru, może ona być wykorzystana jako wartość przypisana dla danego analitu, t.j. będzie miała zastosowanie do wyników uzyskanych jakąkolwiek metodą.

Spójność pomiarowa: Wartości przypisane, otrzymane z wyników uczestników lub podzbiorów wyników, nie są spójne pomiarowo z międzynarodowymi wzorcami miar. Niepewność wartości przypisanych uzyskanych w ten sposób, jest ustalona z wyników uczestników, zgodnie z ISO 13528.

- Na podstawie przygotowania próbki (*Formulation*). Oznacza to, że wartość przypisana jest wyznaczana na podstawie znajomości szczegółów dotyczących przygotowania próbki – znanych i dokładnych ilości analitów wykorzystanych do przygotowania próbki.

Spójność pomiarowa: Wartości przypisane wyznaczone na podstawie sposobu przygotowania próbki do badań, są spójne pomiarowo poprzez nieprzerwany łańcuch porównań z międzynarodowymi wzorcami miar. Niepewność wartości przypisanej jest wyznaczona przy wykorzystaniu składowych niepewności pochodzących z kalibracji w nieprzerwanym łańcuchu porównań.

- Na podstawie “jakościowego” przygotowania próbki (*Qual Form*). Ma to zastosowanie do badań jakościowych, w których wartość przypisana opiera się na obecności/nieobecności danego analitu w materiale do badań.

Spójność pomiarowa: Wartości przypisane wyznaczone są na podstawie jakościowego przygotowania próbki do badań i są spójne pomiarowo z certyfikowanymi materiałami odniesienia i szczepami odniesienia.

- Na podstawie laboratoriów eksperckich (*Expert*). Wartość przypisana dla analitu pochodzi z laboratorium “eksperskiego”.

Spójność pomiarowa: Wartości przypisane dostarczone przez laboratoria eksperckie mogą być spójne pomiarowo z międzynarodowymi wzorcami miar, stosownie do laboratorium i wykorzystanej metody. Niepewność wartości przypisanej uzyskanej w ten sposób, będzie dostarczona przez laboratorium wykonujące analizę. Szczegóły dotyczące spójności pomiarowej i związanej niepewności zostaną opublikowane w raporcie dla programu/rundy.

Zakres

Wskazuje na zakres stężeń danego analitu w materiale do badań.

SDPA

SDPA przedstawia 'odchylenie standardowe do oceny biegłości', które jest wykorzystywane do oszacowania biegłości uczestnika w odniesieniu do danego pomiaru i danego analitu. Może to być wartość ustalona, procent (%) wartości przypisanej lub może opierać się na odpornym odchyleniu standardowym wyników pomiaru uczestników - albo dla wszystkich metod, albo zależnie od metody, jeżeli wynik danego pomiaru zależy od zastosowanej metody (patrz wartość przypisana).

Jednostki

Wskazuje na jednostki wykorzystane do oceny danych. Są to jednostki, w których uczestnicy powinni raportować swoje wyniki. Dla niektórych analizów, w niektórych programach, uczestnicy mogą wybrać jednostki, w których chcą raportować swoje wyniki, jednak jednostki określone w niniejszym opisie programu są domyślnymi jednostkami, do których zostaną przekształcone wszystkie wyniki wyraportowane w dopuszczalnych alternatywnych jednostkach.

DP

Wskazuje na liczbę miejsc dziesiętnych, do których uczestnicy powinni raportować wyniki swoich pomiarów.

ZAŁĄCZNIK A

Próbka PT-WT-412 Organizmy wskaźnikowe w wodzie pitnej**Dostarczana jako:** 10ml fiolka (do rekonstrukcji do objętości 1 litra)

Parametr	Metoda	AV	Zakres	SDPA	Jednostki	DP
Ogólna liczba drobnoustrojów tlenowych w 22°C Ogólna liczba drobnoustrojów tlenowych w 37°C	Wszystkie	RMean	0 do 1000	log ₁₀ 0,35	j.t.k. ml ⁻¹	0
Oznaczanie liczby <i>Escherichia coli</i>	Wszystkie	RMean	0 do 1000	log ₁₀ 0,35	j.t.k. 100 ml ⁻¹	0
Oznaczanie liczby bakterii grupy coli	Wszystkie	RMean	0 do 1000	log ₁₀ 0,35	j.t.k. 100 ml ⁻¹	0
Oznaczanie liczby enterokoków	Wszystkie	RMean	0 do 1000	log ₁₀ 0,35	j.t.k. 100 ml ⁻¹	0

Próbka PT-WT-413 Organizmy środowiskowe w wodzie pitnej**Dostarczana jako:** 10ml fiolka (do rekonstrukcji do objętości 1 litra)

Parametr	Metoda	AV	Zakres	SDPA	Jednostki	DP
Oznaczanie liczby <i>Clostridium perfringens</i>	Wszystkie	RMean	0 do 1000	log ₁₀ 0,35	j.t.k. 100 ml ⁻¹	0
Oznaczanie liczby clostridiów redukujących siarczyny	Wszystkie	RMean	0 do 1000	log ₁₀ 0,35	j.t.k. 100 ml ⁻¹	0
Wykrywanie obecności clostridiów redukujących siarczyny	Wszystkie	QualForm	0 do 1000	n/d	j.t.k. 100 ml ⁻¹	n/d
Oznaczanie liczby clostridiów redukujących siarczyny (TYLKO przetrwalniki)	Wszystkie	RMean	0 do 1000	log ₁₀ 0,35	j.t.k. 100 ml ⁻¹	0
Oznaczanie liczby <i>P.aeruginosa</i>	Wszystkie	RMean	0 do 1000	log ₁₀ 0,35	j.t.k. 100 ml ⁻¹	0
Oznaczanie liczby drożdży; pleśni; drożdży i pleśni (łącznie)	Wszystkie	RMean	0 do 1000	log ₁₀ 0,35	j.t.k. 100 ml ⁻¹	0

Próbka PT_WT-414 Mikroorganizmy w wodzie przemysłowej**Dostarczana jako:** 10ml fiolka (do rekonstrukcji do objętości 100 ml)

Parametr	Metoda	AV	Zakres	SDPA	Jednostki	DP
Ogólna liczba drobnoustrojów tlenowych	Wszystkie	RMean	0 do 100000	log ₁₀ 0,35	j.t.k. ml ⁻¹	0
Oznaczenie liczby gatunków <i>Pseudomonas</i>	Wszystkie	RMean	0 do 100000	log ₁₀ 0,35	j.t.k. ml ⁻¹	0
Oznaczenie liczby <i>Pseudomonas aeruginosa</i>	Wszystkie	RMean	0 do 100000	log ₁₀ 0.35	j.t.k. ml ⁻¹	0
Oznaczenie liczby drożdży; pleśni; drożdży i pleśni (łącznie)	Wszystkie	RMean	0 do 100000	log ₁₀ 0,35	j.t.k. ml ⁻¹	0

Próbka PT-WT-416 Salmonella/E.coli w osadzie ściekowym**Dostarczana jako:** 2 x 10g próbka symulowanego osadu

Parametr	Metoda	AV	Zakres	SDPA	Jednostki	DP
Wykrywanie obecności gatunków <i>Salmonella</i>	Wszystkie	QualForm	0 do 10000	n/d	j.t.k. 100 ml ⁻¹	n/d
Oznaczenie liczby <i>Escherichia coli</i>	Wszystkie	RMean	0 do 100000	log ₁₀ 0,50	j.t.k. ml ⁻¹	0

Próbka PT_WT-417 Legionella pneumophila w wodach środowiskowych**Dostarczana jako:** 1 x 10ml fiolka (do rekonstrukcji do objętości do 10 x 1 litr)

Parametr	Metoda	AV	Zakres	SDPA	Jednostki	DP
Oznaczenie liczby <i>Legionella pneumophila</i> metodą hodowlaną	Wszystkie	RMean	0 do 100000	log ₁₀ 0,50	j.t.k. L ⁻¹	0
Oznaczenie liczby <i>Legionella pneumophila</i> metodą bezpośrednią	Wszystkie	RMean	0 to 100000	log ₁₀ 0,50	j.t.k. L ⁻¹	0
Wykrywanie obecności <i>Legionella pneumophila</i>	Wszystkie	QualForm	0 do 100000	n/d	j.t.k. L ⁻¹	n/d
Oznaczenie liczby <i>Legionella pneumophila</i> metodą PCR	PCR	RMean	Wszystko	log ₁₀ 0,50	jednostki genomowe L ⁻¹	0
Identyfikacja <i>Legionella pneumophila</i>	Wszystkie	n/d	n/d	n/d	n/d	n/d

Próbka PT-WT-418**Gatunki Legionella w wodach środowiskowych****Dostarczana jako:**

1 x 10ml fiołka (do rekonstrukcji do objętości do 10 x 1 litr)

Parametr	Metoda	AV	Zakres	SDPA	Jednostki	DP
Oznaczenie liczby gatunków <i>Legionella</i> metodą hodowlaną	Wszystkie	RMean	0 do 100000	log ₁₀ 0,50	j.t.k. L ⁻¹	0
Oznaczenie liczby gatunków <i>Legionella</i> metodą bezpośrednią	Wszystkie	RMean	0 do 100000	log ₁₀ 0,50	j.t.k. L ⁻¹	0
Wykrywanie obecności gatunków <i>Legionella</i>	Wszystkie	QualForm	0 do 100000	n/d	j.t.k. L ⁻¹	n/d
Oznaczenie liczby gatunków <i>Legionella</i> metodą PCR	PCR	RMean	Wszystko	log ₁₀ 0,50	jednostki genomowe L ⁻¹	0
Identyfikacja <i>Legionella</i> species	Wszystkie	n/d	n/d	n/d	n/d	n/d

Próbka PT-WT-419**Mikroorganizmy w wodach powierzchniowych/ściekowych/z kąpielisk****Dostarczana jako:**

10ml fiołka (do rekonstrukcji do objętości do 10 x 1 litr)

Parametr	Metoda	AV	Zakres	SDPA	Jednostki	DP
Ogólna liczba bakterii grupy coli	Wszystkie	RMean	0 do 100000	log ₁₀ 0,35	j.t.k. 100 ml ⁻¹	0
Ogólna liczba bakterii grupy coli typu kałowego	Wszystkie	RMean	0 do 100000	log ₁₀ 0,35	j.t.k. 100 ml ⁻¹	0
Oznaczenie liczby <i>Escherichia coli</i>	Wszystkie	RMean	0 do 100000	log ₁₀ 0,35	j.t.k. 100 ml ⁻¹	0
Oznaczenie liczby enterokoków	Wszystkie	RMean	0 do 100000	log ₁₀ 0,35	j.t.k. 100 ml ⁻¹	0
Wykrywanie obecności gatunków <i>Salmonella</i>	Wszystkie	QualForm	0 do 10000	n/d	j.t.k. L ⁻¹	n/d

Próbka PT-WT-420**Mikroorganizmy w wodzie mineralnej****Dostarczana jako:**

10ml fiołka (do rekonstrukcji do objętości do 10 x 1 litr)

Parametr	Metoda	AV	Zakres	SDPA	Jednostki	DP
Ogólna liczba drobnoustrojów tlenowych w 22°C Ogólna liczba drobnoustrojów tlenowych w 37°C	Wszystkie	RMean	0 do 1000	log ₁₀ 0,35	j.t.k. ml ⁻¹	0
Oznaczenie liczby <i>Escherichia coli</i>	Wszystkie	RMean	0 do 1000	log ₁₀ 0,35	j.t.k. 250 ml ⁻¹	0
Oznaczenie liczby enterokoków	Wszystkie	RMean	0 do 1000	log ₁₀ 0,35	j.t.k. 250 ml ⁻¹	0
Oznaczenie liczby <i>Pseudomonas aeruginosa</i>	Wszystkie	RMean	0 do 1000	log ₁₀ 0,35	j.t.k. 250 ml ⁻¹	0

Próbka PT-WT-421 **Mikroorganizmy w wodzie powierzchniowej/z kąpielisk/obiektów rekreacyjnych**
Dostarczana jako: 10ml fiolka (do rekonstrukcji do objętości 1 litra)

Parametr	Metoda	AV	Zakres	SDPA	Jednostki	DP
Oznaczanie liczby gronkowców koagulazo-dodatnich Oznaczanie liczby gatunków <i>Staphylococcus</i>	Wszystkie	RMean	0 do 100000	log ₁₀ 0,35	j.t.k. 100 ml ⁻¹	0
Oznaczanie liczby clostridiów redukujących siarczynę	Wszystkie	RMean	0 do 100000	log ₁₀ 0,35	j.t.k. 100 ml ⁻¹	0

Próbka PT-WT-422 **Mikroorganizmy w wodzie morskiej**
Dostarczana jako: 10ml fiolka (do rekonstrukcji do objętości do 10 x 1 litr)

Parametr	Metoda	AV	Zakres	SDPA	Jednostki	DP
Ogólna liczba bakterii grupy coli	Wszystkie	RMean	<100000	log ₁₀ 0,35	j.t.k. 100 ml ⁻¹	0
Ogólna liczba bakterii grupy coli typu kałowego	Wszystkie	RMean	<100000	log ₁₀ 0,35	j.t.k. 100 ml ⁻¹	0
Oznaczanie liczby <i>Escherichia coli</i>	Wszystkie	RMean	<100000	log ₁₀ 0,35	j.t.k. 100 ml ⁻¹	0
Oznaczanie liczby enterokoków	Wszystkie	RMean	<100000	log ₁₀ 0,35	j.t.k. 100 ml ⁻¹	0
Wykrywanie obecności gatunków <i>Salmonella</i>	Wszystkie	QualForm	<10000	n/d	j.t.k. L ⁻¹	n/d

Próbka PT-WT-423 **Legionella w wodzie pitnej**
Dostarczana jako: 10ml fiolka (do rekonstrukcji do objętości 10 x litr)

Parametr	Metoda	AV	Zakres	SDPA	Jednostki	DP
Wykrywanie obecności gatunków <i>Legionella</i> (niski poziom)	Wszystkie	QualForm	0 do 1000	n/d	n/d	n/d
Oznaczanie liczby gatunków <i>Legionella</i> metodą hodowlaną	Wszystkie	RMean	0 do 1000	log ₁₀ 0,50	j.t.k. L ⁻¹	0

Próbka PT-WT-424 **Mikroorganizmy w wodzie mineralnej (wykrywanie obecności)**
Dostarczana jako: 10ml fiolka (do rekonstrukcji do objętości 1 litra)

Parametr	Metoda	AV	Zakres	SDPA	Jednostki	DP
Wykrywanie obecności gronkowców koagulazo-dodatnich	Wszystkie	QualForm	0 do 1000	n/d	j.t.k. 250 ml ⁻¹	0
Wykrywanie obecności clostridiów redukujących siarczyny	Wszystkie	QualForm	0 do 1000	n/d	j.t.k. 50 ml ⁻¹	0
Wykrywanie obecności form przetrwalników clostridiów redukujących siarczyny	Wszystkie	QualForm	0 do 1000	n/d	j.t.k. 50 ml ⁻¹	0

Próbka PT-WT-425 **Organizmy wskaźnikowe w wodzie pitnej (wykrywanie obecności)**
Dostarczana jako: 10ml fiolka (do rekonstrukcji do objętości 1 litra)

Parametr	Metoda	AV	Zakres	SDPA	Jednostki	DP
Wykrywanie obecności <i>Escherichia coli</i>	Wszystkie	QualForm	0 do 100	n/d	j.t.k. 100 ml ⁻¹	n/d
Wykrywanie obecności bakterii grupy coli	Wszystkie	QualForm	0 do 100	n/d	j.t.k. 100 ml ⁻¹	n/d
Wykrywanie obecności enterokoków	Wszystkie	QualForm	0 do 100	n/d	j.t.k. 100 ml ⁻¹	n/d

Próbka PT-WT-426 **Identyfikacja (non-pathogen)**
Dostarczana jako: Uczestnicy otrzymają fiolkę liofilizowanego materiału zawierającą organizm do hodowli na nieselektywnym agarze przed badaniem. Próbka może zawierać organizmy sklasyfikowane na poziomie bezpieczeństwa (biosafety level) 1 lub 2 zazwyczaj występujące w wodzie. Organizm powinien zostać zidentyfikowany zgodnie z rodziną, rodzajem i gatunkiem.

Parametr	Metoda	AV	Zakres	SDPA	Jednostki	DP
Identyfikacja nieznanymi organizmów	Wszystkie	Formulation	n/d	n/d	n/d	n/d

Próbka PT-WT-427 **Zadanie teoretyczne**
Dostarczana jako: Uczestnicy otrzymają zdjęcie oraz "zadanie teoretyczne" w celu policzenia liczby kolonii i obliczenia liczby mikroorganizmów w oryginalnej próbce.

Parametr	Metoda	AV	Zakres	SDPA	Jednostki	DP
Policzenie kolonii i obliczenie liczby mikroorganizmów	Metoda wizualna	Formulation	0-300	Większe niż odporne SD lub log 0,05	Różne	n/d

Próbka PT-WT-428* **Badanie higieny przy użyciu dip slides (dwustronnych płytek odciskowo-zanurzeniowych)****Dostarczana jako:** Liofilizowana tabletką do dodania do sterylnej wody

Parametr	Metoda	AV	Zakres	SDPA	Jednostki	DP
Ogólna liczba mikroorganizmów	Dip slide	Qual Form	0 do 100.000	n/d	j.t.k./dipslide lub j.t.k./ cm ²	n/d
Oznaczanie liczby bakterii grupy coli	Dip slide	Qual Form	0 do 100.000	n/d	j.t.k./dipslide lub j.t.k./ cm ²	n/d

*Niniejsza próbka nie jest obecnie objęta zakresem akredytacji LGC Standards.

Próbka PT-WT-429 **Całkowita liczba żywych organizmów w wodzie do dializy****Dostarczana jako:** Fiolka 10 ml (do resuscytacji do końcowej objętości 100 ml)

Parametr	Metoda	AV	Zakres	SDPA	Jednostki	DP
Ogólna liczba drobnoustrojów tlenowych w 17-23°C	Wszystkie	RMean	0 to 100	log ₁₀ 0.35	cfu/ml	0

Próbka PT-WT-430* **SARS-CoV-2 w ściekach****Dostarczana jako:** 2 x 1,5 ml fiołki (A i B) niezakaźnego wirusa SARS-CoV-2 (cały genom)
1 x 250ml koncentratu ścieków (do odtworzenia przed analizą)

Parametr	Metoda	AV	Zakres	SDPA	Jednostki	DP
Wykrywanie SARS-CoV-2	Molekularnie	Pozytywny/ Negatywny	Qual Form	NA	NA	NA
Ilościowe oznaczanie SARS-CoV-2	Molekularnie	0 - 5000 kopii wirusa na 1000ml	Formulation	Robust SD	Kopii na 1000ml	NA

*Niniejsza próbka nie jest obecnie objęta zakresem akredytacji LGC Standards.