

Indhold:

HK19 Biokemi har erstattet HK18 Biokemi

SuPAR – ny komponent i HK19 Biokemi

DEKS brugerundersøgelse

DEKS er akkrediteret

EFLM Biological Variation Database

Lukning i sommerferien

DEKS Brugermøde

Har du forbedringsforslag til programmer fra QCMD?

HK19 Biokemi har erstattet HK18 Biokemi

HK19 Biokemi har nu, efter en længere periode med parallel-databehandling, erstattet HK18 Biokemi. Det er derfor ikke længere muligt at indberette data på HK18 Biokemi

Lis Jørgensen

SuPAR – ny komponent i HK19 Biokemi

Pakningsvedlægget til HK19 Biokemi (program kode 2226 DK) er blevet opdateret med den 'næsten' nye komponent **suPAR**. Der er beregnet middelværdier på henholdsvis Cobas (8000) c502 til 2,3 ng/mL og på Cobas c702, til 2,0 ng/ml. Det opdaterede pakningsvedlæg kan hentes på <http://deks.dk/index1.html>.

Du kan indberette suPAR som komponent i [EQA-programmet 2011 DK HK – serien Databehandling](#). Du aktiverer komponenten under metodeoplysninger ved at sætte flueben i Aktiv ud for komponentnavnet, så linjen bliver aktiv. Det er kun muligt at vælge metodeprincippet turbedimetrisk immunoassay.

Lis Jørgensen

DEKS brugerundersøgelse

Brugerundersøgelse for 3041 DK Hæmatologi

Vi siger tak for de mange gode svar. Svarene viste interesse for en prøve B i tillæg til hæmatologiprogrammet, og derfor vil vi i 2020 oprette et separat pilotprogram. Dette vil udfordre niveauerne på udvalgte komponenter. Programmet vil være gratis det første år, med 3 udsendelser pr. år. Mere information følger senere.

Nanna Larsen

Maskinel celle- og differentieltælling i body fluids

På baggrund af spørgeskemaer fra DEKS Brugermødet 2018 og brugerundersøgelsen, regner vi med at have et pilot-program til maskinel celle- og differentiel-tælling i body fluids klart i løbet af efteråret.

Programmet forventes at kunne anvendes til Sysmex og om muligt Advia.

Det er planen, at der vil være 2 prøver i forskellige niveauer og 5 udsendelser pr. år, og pilotprogrammet vil være gratis det første år.

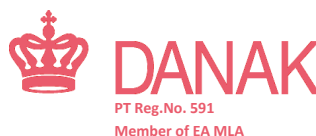
Interesserede brugere bedes henvende sig til: karin.heidemann@deks.dk eller nanna.larsen@deks.dk.

Karin Heidemann

DEKS er akkrediteret

Den 27. februar var DANAK på akkrediteringsbesøg hos DEKS. Vi havde ansøgt om akkreditering efter DS/EN ISO/IEC 17043 *Overensstemmelsesvurdering – Generelle krav til præstationsprøvning* indenfor områderne klinisk biokemi og klinisk farmakologi.

Ved besøget fandt DANAK kun 5 afvigelser, som alle er lukkede og DANAK gav tilsagn om akkreditering den 26.06.2019.



Karin Heidemann

DEKS Brugermøde - se mere side 2

EFLM Biological Variation Database

Mange har hentet data om biologisk variation på Westgaards hjemmeside. Nu skal du i stedet anvende EFLMs database med data for biologisk variation. EFLM har gennemgået og sorteret litteraturen bag de gamle data, og yderligere har de suppleret med nye data, hvor det var nødvendigt.

Hvis du har anvendt biologisk variation som baggrund for kvalitetskrav til forskellige analyser, så er det interessant at få undersøgt, om de bedre data ændrer estimerne for den biologiske spredning for det enkelte individ eller spredningen mellem individer.

EFLM Biological Variation Database er tilgængelig via [EFLMs hjemmeside](#) eller direkte på <https://biologicalvariation.eu>.

De opdaterede evidensbaserede estimerer på biologisk variation er produceret af to arbejdsgrupper under EFLM, nemlig WG "Biological Variation" og EFLM TG "Biological Variation Database".

Project background

BV data are reference data that have many applications in laboratory medicine. The data describe the variability of clinically important measurands around homeostatic set points within subjects (CV_i) and between subjects (CV_G). The availability of well characterised data enables the interpretation of laboratory results in clinical settings and can be used to define analytical performance specifications (APS) and other applications. The literature describing studies of BV stretches back over 45 years. Reviews of BV data identify widely varying estimates for many measurands, calling for a new approach to deliver robust BV estimates for safe clinical application. On this background, the Working Group on BV and the Task Group on the Biological Variation Database have developed a standard for evaluating studies on BV; the Biological Variation Data Critical Appraisal Checklist (BIVAC), a Minimum Dataset for BV studies and a meta-analysis approach for delivery of global BV estimates. These tools are used to populate the EFLM Biological Variation Database.

Morten Pedersen

Sommerferielukning

DEKS holder ferielukket i ugerne 30 og 31, fra og med lørdag 20/7 - til og med søndag 4/8.

DEKS ønsker alle en god sommerferie



DEKS BRUGERMØDE

Sted: Comwell, Kolding

Dato: 18.-19. september 2019

Tilmelding: www.dekstilmelding.dk

På mødet kan du bl.a. høre følgende:

- Professor Jakob Kjellberg fortæller om et mere nært sundhedsvæsen
- Professor Søren Brunak kommer og fortæller om national strategi for personlig medicin
- Undervisning i kvalitetssikring
- Nyt fra laboratoriet
- Fra forskning til hverdag med NGS, omics og big data
- Kvalitetssikring af POCT
- Fæces-mikrobiota-transplantation (FMT)
- Smart teknologi, nye muligheder
- Klinisk immunologi
- Klinisk mikrobiologi
- Når klinik og resultat ikke passer sammen

Derudover er der to workshops at vælge imellem der handler om hhv. POCT og ny IVD-forordning.

Endelig kan man tilmelde sig en rundvisning på "Biokemi og Immunologi" på Kolding Sygehus. HUSK: Det er først-til-mølle.

Se det fulde program på www.deks.dk

Vi glæder os til at se dig.

DEKS

Har du forbedringsforslag til programmer fra QCMD?

I oktober måned er der igen videnskabeligt møde hos QCMD, hvor indbudte kan komme og stille spørgsmål samt rådgive QCMD. Kurt J. Handberg fra mikrobiologisk afdeling, Århus, deltager i mødet som repræsentant for DEKS, og i den forbindelse vil vi gerne høre, om I har spørgsmål, kommentarer eller forbedringsforslag til QCMD programmer, som skal med på mødet? Send en mail til deks@deks.dk med emne "QCMD" senest tirsdag den 1. oktober 2019.

Gitte Henriksen