



## JETZT NEU BEI VAXXINOVA DIAGNOSTICS

### :: Next Generation Sequencing (NGS) für PRRSV und Influenza A Virus

**Sequenzierungen von PRRSV** in Routinelaboren beschränken sich bisher meist auf den Bereich des ORF5, welcher sehr variabel ist, d.h. häufig Mutationen enthält. Bezogen auf das Gesamtgenom repräsentiert der ORF5 mit ca. 700 Basenpaaren allerdings nur etwa 5 % der gesamten PRRSV-RNA. NGS ermöglicht hingegen die Sequenzierung des kompletten Genoms von ca. 15.000 Basenpaaren.

Für die ORF5-Sequenzierung wird die Methode nach Sanger angewendet, bei der Gen für Gen sequenziert wird. Mit steigender Basenzahl der zu sequenzierenden Genomfragmente steigen **Zeitaufwand und Kosten**.

**NGS** löst dieses Problem und ermöglicht als Hochdurchsatz-Verfahren durch die simultane Sequenzierung die Analyse kompletter Genomlängen. Konkret für PRRSV bedeutet das eine wesentliche Verbesserung zur Erkennung von Mutationen im **gesamten Genom** sowie dem Nachweis von Rekombinationen mehrerer Virusstämme, was bei Beschränkung auf den ORF5 nicht immer gewährleistet ist.

#### Für das Verfahren des NGS gibt es einen 3-stufigen Arbeitsprozess:

- :: Probenaufbereitung (Extraktion der Nukleinsäure)
- :: eigentliche Sequenzierungsreaktion
- :: Generierung der Sequenz mittels bioinformatischer Analysen sehr großer Datenmengen

Zuletzt wird unter Zuhilfenahme von bekannten Sequenzen ein Alignment durchgeführt, wodurch ein verständliches Ergebnis erzeugt wird.

#### Probenmaterial, Preise, Untersuchungsdauer:

PRRSV	Influenza A Virus
Blut/Serum	Lunge
Lunge	Nasentupfer
Nasentupfer	oral / processing fluids
oral / processing fluids	
Sperma	
Abortmaterial	
<b>249,00 € (netto)</b>	<b>299,00 € (netto)</b>
<b>i. d. R. nur 7 bis 10 Werktage</b>	

#### Welche Möglichkeiten eröffnet NGS?

Bisher wird NGS vor allem von Forschungsinstituten der Pharmaindustrie und Universitäten genutzt und setzt sich immer mehr als neuer Goldstandard durch. Mittlerweile wird das Verfahren in den USA ebenso in der Routinediagnostik eingesetzt. Das ermöglicht die epidemiologische Analyse von Neuausbrüchen in einem Bestand (z. B. nach einer PRRSV-Sanierung): Handelt es sich um einen Neuausbruch oder um das bereits im Bestand kursierende Virus? Die Voraussetzung hierfür ist Nukleinsäure, die in ausreichender Menge isoliert und eingelagert wurde.

NGS wird in unserem **Partnerlabor VaxxinoVA US** in Worthington durchgeführt. Vier Spezialisten sind ausschließlich für diese Untersuchungen verantwortlich. Pro Jahr werden etwa 2.700 Genome von Bakterien und Viren aus Schweinen, Geflügel und Rindern bearbeitet. Die Genomanalysen bakterieller Isolate (v. a. *G. parasuis*, *S. suis*, *E. coli*) dienen der Gewinnung von Informationen über den Serotyp, Sequenztyp, Resistenzprofil, Phylogenie und das Vorhandensein von Virulenzfaktoren. Auf dieser Basis können geeignete Isolate für autogene Impfstoffe ausgewählt werden.

### :: IMPRESSUM