

Klassische und molekulare diagnostische Methoden auf der roten Liste

Dirk Höper

Friedrich-Loeffler-Institut, Institut für Virusdiagnostik,
Greifswald - Insel Riems

Mit der kontinuierlichen Verbesserung der Sequenziertechnologien der 2. und 3. Generation, gemeinsam als next-generation sequencing (NGS) oder high-throughput sequencing (HTS) bezeichnet, werden stetig neue Anwendungsmöglichkeiten für diese Verfahren erschlossen. Während der Einsatz des HTS in der Diagnostik vor wenigen Jahren noch die Ausnahme und im Wesentlichen auf die Detektion neuer Erreger beschränkt war, werden zunehmend Anstrengungen unternommen, klassische virologische Methoden sowie molekularbiologische Methoden durch HTS zu ersetzen. Insbesondere die durch die mittlerweile größeren Datensätze gesteigerte Sensitivität trägt dazu bei. Wesentliche Voraussetzungen dafür sind auch die gesunkenen Kosten für die Sequenzierung und die Probenvorbereitung sowie die verbesserten und vereinfachten entsprechenden Verfahren. Dadurch ist es nun beispielsweise möglich, statt mehrerer real-time (RT-)PCRs oder aufwändiger Virusanzucht gefolgt von elektronenmikroskopischer Analyse, in nur einer einzigen Untersuchung mittels direkter Sequenzierung den Erregernachweis zu führen. Zusätzlich ist die Spezifität des Nachweises durch die erhaltene Sequenzinformation höher und ermöglicht gleichzeitig nicht nur den Nachweis, sondern auch die Charakterisierung des Erregers. Damit rückt die Möglichkeit, sowohl den Nachweis als auch die Charakterisierung neuer Erreger mit nur einer einzigen Methode durchzuführen, in greifbare Nähe. Die Vorteile liegen auf der Hand: es wird nur noch ein Verfahren benötigt, die Analysen können dementsprechend vereinheitlicht und vereinfacht werden, was letztlich zu effizienteren Strukturen und Abläufen führen kann.