



Virale Metagenomische Sequenzierung

Erfasst das gesamte Spektrum viraler Erreger

Die **metagenomische Sequenzierung** ist eine innovative diagnostische Methode zur umfassenden Analyse von genomischem Material aus klinischen Proben (v.a. Plasma, Liquor, Rachenabstrich).

Mittels Next Generation Sequencing (NGS) wird die gesamte in einer Probe enthaltene RNA und DNA sequenziert. Die erhaltenen Sequenzen werden mit einer Datenbank abgeglichen, die sämtliche bekannte Viren enthält.

Es kann ohne spezifische Primer und Sonden das gesamte Virusspektrum in einer Probe nachgewiesen und auch neue Virus-Varianten erkannt werden.

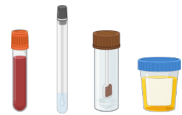
Die Methode wird zum ergebnisoffenen Nachweis von Viren aus einer Vielzahl von klinischen Materialien eingesetzt.

Die Erfahrung zeigt, dass die metagenomische Sequenzierung vor allem bei schwer zu diagnostizierenden Erkrankungen mit unbekannter Ätiologie oder breiter Differentialdiagnose (z.B. ZNS-Infektionen) zu einer umfassenderen und verbesserten Diagnostik beiträgt.

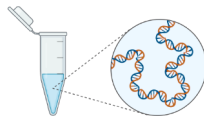
Die virale metagenomische Sequenzierung wurde 2013 am IMV für den diagnostischen Einsatz etabliert und weiterentwickelt. Sowohl die Laborprotokolle als auch die bioinformatische Pipeline wurden in-house entwickelt [1] und durch ihre Anwendung in der Routine und zahlreichen Studien [2-4], Ringversuchen [5,6] und External Quality Assessments validiert.

Ablauf virale metagenomische Sequenzierung

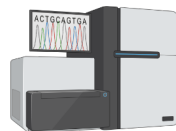
Patientenprobe



Extraktion, Reverse Transkription



Sequenzierung



Bioinformatische Analyse



Spektrum viraler Erreger



Auf einen Blick

Hoher Nutzen bei komplexen Fällen: Erkennt sämtliche bekannte und auch neue Viren.

Material: Liquor, EDTA-Blut, Abstrich, Urin, Punktate

Durchführung: 1x wöchentlich,
2 Tage Bearbeitungszeit

Verordnung: direkt im KISIM (USZ) oder mittels Auftragsformular

Attraktives Preis-Leistungsverhältnis: 549 TP, wird gemäss Gebührenverordnung IMV dem Patienten (ambulant) oder dem Spital (stationär) verrechnet, wird nicht von der Krankenkasse übernommen.

Referenzen

1. Lewandowska DW, Zagordi O, Geissberger F-D, et al. Optimization and validation of sample preparation for metagenomic sequencing of viruses in clinical samples. *Microbiome* 2017; 5:94.
2. Lewandowska DW, Capaul R, Prader S, et al. Persistent mammalian orthoreovirus, coxsackievirus and adenovirus co-infection in a child with a primary immunodeficiency detected by metagenomic sequencing: a case report. *BMC Infect Dis* 2018; 18:33.
3. Kufner V, Plate, Schmutz S, et al. Two Years of Viral Metagenomics in a Tertiary Diagnostics Unit: Evaluation of the First 105 Cases. *Genes* 2019; 10:661–15.
4. Tschumi F, Schmutz S, Kufner V, et al. Meningitis and epididymitis caused by Toscana virus infection imported to Switzerland diagnosed by metagenomic sequencing: a case report. *BMC Infect Dis* 2019; 19:591.
5. Junier, Huber, Schmutz, et al. Viral Metagenomics in the Clinical Realm: Lessons Learned from a Swiss-Wide Ring Trial. *Genes* 2019; 10:655–19.
6. Vries JJC de, Brown JR, Fischer N, et al. Benchmark of thirteen bioinformatic pipelines for metagenomic virus diagnostics using datasets from clinical samples. *J Clin Virol* 2021; 141:104908.