

Inhaltsverzeichnis

1	Material und Methoden	2
1.1	Bioinformatische Methoden	2
1.1.1	Rekombinase Polymerase Amplifikation Primerdesign	2
1.1.2	Modifikation der Fluoreszenzsonden	2
1.1.3	Statistische Auswertung der Amplifikationen	3
1.1.4	Vergleich von Anstiegszeiten	4
1.1.5	Probit-Analyse	5
1.2	Herstellen der RNA-Standards	5
1.2.1	Transformation von <i>E. coli</i> mit Plasmid-DNA	5
1.2.2	Extraktion von Plasmid-DNA aus Übernackkulturen	6
1.2.3	Sequenzierung der isolierten Plasmide	6
1.2.4	Restriktionsverdau und Linearisierung von Plasmiden	7
1.2.5	DNA-Aufreinigung des Restriktionsverdaus	7
1.2.6	In Vitro Transkription zur Herstellung von viralen RNA Standards	7
1.2.7	Ribogreen Assay zur quantifizierung von RNA	8
1.2.8	Isolation von viraler RNA aus Nasopharyngeal-Swabs	8
1.3	Nukleinsäure Amplifikation	8
1.3.1	Real Time Polymerase Kettenreaktion	8
1.3.2	Rekombinase Polymerase Amplifikation	9

1 Material und Methoden

1.1 Bioinformatische Methoden

1.1.1 Rekombinase Polymerase Amplifikation Primerdesign

Für die Erstellung der Primer und Sonden zur Detektion des Influenza A und B Virus wurde das von Higgins et al. (2018) entwickelte Programm *PrimedRPA* verwendet. Die Parameter dafür sind in Tabelle 1 angegeben.

Tabelle 1: Parameter für das Primerdesign mit dem PrimedRPA Programm

Parameter	Wert
Länge der Primer	30 - 34 bp
Länge der Sonde	50 bp
Sondentyp	Exonuclease Sonde
Nukleotid-Wiederholungs-Grenzwert	5 bp
GC-Gehalt für Primer und Sonde	40 - 60 %
Hintergrund-Kreuzreaktivitäts-Grenzwert	65 %
Prozentuale Primer-Sonden Dimersierungstoleranz	40 %

Als Referenzsequenzen für das Influenza A Virus diente jeweils eine Sequenz des Virusgenomsegmentes 7 von den Subtypen H1N1 (GenBank Nr.: MT341937) und H3N2 (GenBank Nr.: MT244214). Die Primer und Sonden wurden so gewählt, dass mindestens 90 % der Primer- und Sondensequenz keine Basenfehlpaarungen zwischen den beiden Subtypen aufweisen. Für das Influenza B Virus diente das Virusgenomsegment 8 (GenBank Nr.: MT637911) als Referenzsequenz. Alle entstandenen Primer/Sonden Sets wurden mit dem Online-Programm *PrimerDimer*¹ von Johnston et al. (2019) auf Eigenhybridisierung und Dimerbildung untersucht. Im Anschluss wurden die Primer-Sonden-Sets mit DNA-Sequenzen des gleichen Virusgenomsegmentes von älteren Stämmen verglichen und mögliche Fehlpaarungen durch die Einführung von degenerierten Primern zu vermeiden. Für das Alignment wurde das Online-Programm *Clustal Omega*² beschrieben durch Sievers and Higgins (2017), verwendet. Für die Influenza A Primer-Sonden sets wurden zusätzlich degenerierte Basen eingeführt um ein optimales Alignment an die Sequenzen der beiden Subtypen zu gewährleisten.

1.1.2 Modifikation der Fluoreszenzsonden

Das Prinzip der Fluoreszenzsonden ist bei PCR und RPA gleich. Dieses besteht aus einem fluoreszierenden Reportermolekül und einem sogenannten Quencher, welche sich innerhalb der Sonde in räumlicher Nähe befinden. Der Quencher ist ein weiteres Fluorophor, welches von der Emission des Reportermoleküls angeregt wird und dadurch verhindert, dass die Fluoreszenz des Reportermoleküls detektiert werden kann. Erst wenn die beiden Fluorophore durch Hydrolyse getrennt werden kann der Quencher nicht mehr das Signal des Reportermoleküls blockieren und die Fluoreszenz kann detektiert werden (S. Bustin 2000). Alle verwendeten PCR-Sonden wurden am 5'-Ende mit einem entsprechendem Reporterfluorophor markiert. An 3'-Ende sowie an der 9 Basesposition wurden die Sonde mit entsprechende Quenchern markiert. Das Design der RPA-Sonden wurde wie in Behrmann et al. (2020) beschrieben durchgeführt. Dazu wurde die erste Thymin-Base nach ca. 30 bp mit dem Reporterfluorophor markiert, gefolgt von einer a-basischen Seite. Nachfolgend wurde ein entsprechender Quencher an die Sonde gekoppelt.

¹<http://www.primer-dimer.com/>

²<https://www.ebi.ac.uk/Tools/msa/clustalo/>

1.1.3 Statistische Auswertung der Amplifikationen

Für die Entwicklung und Optimierung von Amplifikationsverfahren ist eine einheitliche statistische Auswertung notwendig (Rödiger, Burdukiewicz, and Schierack 2015). Als Werkzeug für die Auswertung wurde die “Open Source” Programmiersprache R verwendet, welches für spezifische Anwendungen beliebig erweiterbar ist durch die Verwendung sogenannter “Packages” (Pabinger et al. 2014).

Normalisierung der Fluoreszenz-Daten:

Für die Normalisierung der Daten wurde wie in der Literatur beschrieben, der Mittelwert der ersten 5 Messwerte jeder Amplifikationskurve berechnet (Ritz and Spiess 2008). Die berechneten Mittelwerte wurden von den jeweiligen Datensätzen subtrahiert.

Ermittlung signifikanter Amplifikationen:

Die Überprüfung, ob es sich bei einem gemessenen Fluoreszenz-Datensatz um eine positive Amplifikation handelt, wurde mit dem *chipPCR* Paket von Rödiger, Burdukiewicz, and Schierack (2015) durchgeführt. Für die Auswertung wurden folgende Tests durchgeführt.

Shapiro-Wilk Test: Negative Amplifikationen unterliegen einem gleichmäßigen starken Rauschen, weswegen eine Normalverteilung der Daten gegeben ist. Bei positiven Amplifikationen hingegen sind die Daten durch den linearen Anstieg in der exponentiellen Phase der Amplifikation nicht mehr normalverteilt. Anhand dieser Gesetzmäßigkeit lassen sich durch einen Test auf Normalverteilung positive von negativen Amplifikationen unterscheiden (Rödiger et al. 2022). Mithilfe des Shapiro-Wilk Tests (beschrieben durch SHAPIRO and WILK (1965)) für Normalität wird der Datensatz auf Normalverteilung getestet. Bei errechneten P-Werten von $\geq 5 \cdot 10^{-4}$ liegt keine Normalverteilung mehr vor und der Datensatz wurde als positive Amplifikation gewertet.

Residuen Wachstums Test: Bei diesem Test wird die Stabilität der Residuen in der linearen Phase des Anstiegs untersucht. Bei negativen Amplifikationen weichen die Fluoreszenzwerte von dem linearen Modell ab. Dadurch korrelieren die Residuen im Gegensatz zu positiven Amplifikationen stark mit den Fluoreszenzwerten. Anhand eines Schwellenwertes von 0,5 wurde diese Korrelation untersucht und der Datensatz als positive/negative Amplifikation eingestuft.

Vergleichs Test: Innerhalb dieses Tests wird untersucht, ob die ersten 20 % des Datensatzes sich signifikant von den letzten 15 % unterscheiden. Dazu wurden die beiden Datengruppen mit dem Wilcoxon-Mann-Whitney-Test, beschrieben durch Mann and Whitney (1947), verglichen. Besteht ein signifikanter Unterschied, handelt es sich um eine positive Amplifikation.

Signal Level Test: Dieser Test vergleicht zwei aus dem Datensatz berechnete Werte. Ersterer berechnet sich aus Formel (1), wobei MAD^3 (engl. *Mean-absolute deviation*) für die absolute Standardabweichung steht (siehe R-Dokumentation). Der zweite Wert ist das Signal-Rausch-Verhältnis (SNR, engl. *signal noise ratio*), berechnet mit Formel (2). Bei einem um 25 % erhöhtem Wert des SNR im Vergleich zum ersten Wert wird die Amplifikation als positiv gewertet.

$$Median + 2 * MAD \quad \text{mit} \quad MAD = n^{-1} \sum_{i=1}^n |O_i - \bar{O}| \quad (1)$$

³<https://search.r-project.org/CRAN/refmans/ie2misc/html/madstat.html>

$$SNR = \frac{\text{Mittelwert der Fluoreszenzwerte}}{\text{Standardabweichung der Fluoreszenzwerte}} \quad (2)$$

Polygon Test: Innerhalb dieses Tests wird der Anstieg pro Zeitintervall mit Formel (3) aufsummiert. Bei positiven Amplifikationen erreicht die Summe höhere Werte als bei negativen Amplifikationen, da hier das stärkere Rauschen der Daten die Endsumme niedrig hält. Als Schwellenwert für eine positive Amplifikation wurde hier empirisch ein Wert von 10 festgelegt. (Rödiger, Burdukiewicz, and Schierack 2015).

$$((x_2 - x_1)) * ((y_2 + y_1)) \hat{=} (\Delta t) * ((y_2 + y_1)) \quad (3)$$

Des Weiteren ist es üblich, bei Echtzeit-Amplifikationsmethoden einen Schwellenwert einzuführen. Sollte dieser während der Messung nicht überschritten werden wird die Amplifikation als negativ eingestuft (Aranha et al. 2021). Um dies zu berücksichtigen wurde ein weiterer Test, der *Schwellenwert Test*, eingeführt. Für die Berechnung des Schwellenwertes wurde die von Frey, Canzio, and Zurakowski (1998) beschriebene Methode verwendet. Diese beruht auf dem Median der gesamten Daten, zu welchem ein Faktor addiert wird. Der Faktor bildet sich dabei aus der Standardabweichung (SD) der Daten multipliziert mit einem Term bestehend aus der Probenanzahl (n_1) und den Werten einer einseitigen Students t-Verteilung (siehe Formel (4)). Für die Schwellenwertberechnung wurden mindestens 6 Negativkontrollen als Datensatz verwendet. Das Konfidenzintervall für die t-Verteilung wurde als 0,99 (99 %) festgelegt.

$$\text{Schwellenwert} = \bar{X} + SD * t \sqrt{1 + \frac{1}{n_1}} \quad \text{mit} \quad SD = \sqrt{\frac{\sum (x_i - \bar{X})^2}{n_2 - 1}} \quad (4)$$

Um eine Amplifikation als positiv einzustufen, mussten alle aufgeführten Tests ein positives Testergebnis aufweisen. Sobald ein oder mehrere Tests ein negatives Testergebnis zeigten, wurde die Amplifikation als negativ eingestuft.

Ermittlung der Anstiegszeit

Die Anstiegszeit, in der Literatur bei PCR-System nach den MIQE Richtlinien auch als C_q -Wert (engl. *cycle quantification*) angegeben, ist der Zeitpunkt bei, die dem Fluoreszenzwerte einer Amplifikation einen vorher festgelegten Schwellenwert überschreiten und sich zusätzlich signifikant von dem Grundrauschen unterscheiden (S. A. Bustin et al. 2009). Dies lässt sich auch auf die RPA als TT-Wert (engl. *threshold time*) übertragen (Diagne et al. 2020). Für die Ermittlung der Anstiegszeit wurde der im *chipPCR*-Paket vorhandene Befehl “th.cyc” verwendet. Dieser gleicht die Amplifikationskurve im Bereich des vorher festgelegten Schwellenwertes mit einer Polynomfunktion zweiten Grades an und gibt den Schnittpunkt mit dem Schwellenwert als Anstiegszeit aus. Als Schwellenwert wurde der im Schwellenwert Test beschriebene Wert (siehe Kapitel 1.1.3) verwendet (Rödiger, Burdukiewicz, and Schierack 2015).

1.1.4 Vergleich von Anstiegszeiten

Um zu Überprüfen, ob eine Veränderung der Reaktionsparameter eine signifikante Veränderung der Anstiegszeiten zur Folge hat wurden die Mittelwerte der Anstiegszeiten bei 2 Gruppen mithilfe eines T-Tests und bei 3 oder mehr Gruppen mithilfe einer einfaktoriellen Varianzanalyse verglichen. Im ersten Schritt wurden die Daten mit dem Shapiro-Wilk-Test auf Normalität überprüft und anschließend auf Ausreißer untersucht.

Datenpunkte welche über $Q3 + 3 * IQR$ oder unter $Q1 - 3 * IQR$ liegen wurden als Ausreißer festgelegt und für die folgenden Tests ignoriert. Dabei sind $Q1$ und $Q3$ das erste und dritte Quartil der Daten und IQR steht für den Interquartils-Abstand. Nachfolgend wurden die bereinigten Daten auf Varianzhomogenität mit dem Levene-Test überprüft. Bei einem Vergleich von 2 Gruppen wurde bei festgestellter Varianzhomogenität der students T-Test und bei signifikant unterschiedlichen Varianzen der Welch T-Test durchgeführt. Bei einem Vergleich von 3 oder mehr Gruppen wurde bei Varianzhomogenität eine einfaktorielle Varianzanalyse durchgeführt, welche bei einem p-Wert von unter 0,05 mit einem nachfolgendem Tuckey HSD Test kombiniert wurde, um die Verhältnisse zwischen den Gruppen zu untersuchen. Wenn die Gruppen keine einheitlichen Varianzen besitzen wurde eine Welch's Varianzanalyse durchgeführt. Konnten innerhalb der Welch's Varianzanalyse signifikante Unterschiede zwischen den Gruppen festgestellt werden, wurde ein Games Howell Test nachfolgend durchgeführt, um die Verhältnisse der einzelnen Gruppen zu untersuchen.

1.1.5 Probit-Analyse

Die Probit-Analyse ist ein statistisches Modell, welches binäre Fälle (0 und 1) mit einer fortlaufenden Variablen in Verbindung bringt. Dabei wird die Gaußsche Normalverteilungsfunktion ϕ , welche durch die Formel $p = \phi(\alpha + \beta x)$ beschrieben wird, auf die Regression angewendet (Bingham and Fry 2010). Die von Bliss (1934) entwickelte Methode wurde ursprünglich für toxikologische Experimente genutzt, um die tödliche Dosis mathematisch zu bestimmen (Bliss 1934). Aufgrund der gleichen Datenlage lässt sich jedoch dieses mathematische Modell auch verwenden, um das Detektionslimit anhand einer Konzentrationsreihe für ein Nukleinsäure-Amplifikationssystem zu ermitteln. Die Probit-Analyse anhand von Amplifikationsdaten erfolgte mittels einer R-skripts, entwickelt durch Ole Behrmann, beschrieben in Behrmann et al. (2020). Skript modifiziert und an die Daten angepasst durch mich.

1.2 Herstellen der RNA-Standards

Für die Etablierung und Optimierung der RPA-Protokolle ist es nötig, eine definierte Menge amplifizierbarer viraler Nukleinsäure-Moleküle einzusetzen um so eine Vergleichbarkeit zu anderen Protokollen herzustellen. Dafür wurden definierte RNA-Standards der zu amplifizierenden Nukleinsäure hergestellt. Die RNA-Standards für das Influenza A virus wurden wie in den nachfolgenden Kapiteln beschrieben hergestellt. Für das Influenza B Virus war in der Arbeitsgruppe schon eine transformierte *E. coli* Kultur vorhanden, weswegen mit dieser erst ab Kapitel 1.2.2 weitergearbeitet wurde.

1.2.1 Transformation von *E. coli* mit Plasmid-DNA

Die chemische Transformation von NEB[®] 5-alpha competent *E. coli* (High Efficiency, New England BioLabs[®] GmbH) wurde nach Herstellerangaben durchgeführt (Protokoll⁴ online verfügbar). Als Vektor dienten synthetisierte Plasmide der Firma Invitrogen (Plasmidkarten siehe Abbildung ?? - ?? im Anhang). Nach der Transformation wurden jeweils 25 µl des Transformationsansatzes auf zwei mit Ampicillin (Enkonzentration: 100 µg/ml, Roche diagnostics) versetzte LB-Platten (Carl Roth) ausplattiert und bei 37 °C über Nacht inkubiert. Zur Überprüfung der Transformation wurde eine Kolonie-PCR, eine modifizierte Form der PCR, durchgeführt. Hierbei dient nicht reine DNA, sondern die transformierten Bakterien als Ausgangsmaterial. Durch die Wahl spezifischer Primer, welche das gewünschte Insert innerhalb des Plasmids amplifizieren, kann überprüft werden, ob die Transformation innerhalb der Kultur erfolgreich war (Bergkessel and Guthrie 2013).

⁴<https://international.neb.com/protocols/0001/01/01/high-efficiency-transformation-protocol-c2987>

Für die PCR wurde der Luna[®] Universal qPCR Master Mix (New England BioLabs) verwendet. Eine halbe Kolonie der transformierten *E. coli* wurde in 20 µl PCR-reinem Wasser (Nuklease- und Nukleinsäure-frei, DEPC behandelt, Carl Roth) suspendiert. Von dieser Suspension wurden 2 µl mit 18 µl PCR-Mix gemischt und eine PCR durchgeführt. Das Temperaturprogramm der PCR ist in Tabelle 2 angegeben. Weitere 5 µl der Suspension wurden auf einer mit Ampicillin versetzten LB-Platte ausplattiert und bei 37 °C über Nacht inkubiert um eine Folgekultur der überprüften *E. coli* zu erhalten.

Tabelle 2: Temperaturprotokoll für die Kolonie-PCR

Temperatur	Zeit	Zyklen
Zellyse		
95 °C	60s	1x
Amplifikation		
95 °C	10s	45x*
60 °C	30s	
Kühlen		
40 °C	30s	1x

* Messung der Fluoreszenz

1.2.2 Extraktion von Plasmid-DNA aus Übernacktkulturen

Die transformierten Bakterien wurden bei 37 °C und 200 RPM über Nacht in 25 ml Lennox LB-Medium (Carl Roth) kultiviert. Die Isolierung der Plasmid-DNA erfolgte mit dem Qiagen Plasmid Midi Kit (Qiagen) nach Herstellerangaben (Protokoll⁵ online verfügbar). Das Prinzip der QIAGEN DNA-Aufreinigung beruht dabei auf einer speziellen alkalischen Lyse der Bakterien kombiniert mit einem Ionen Austausch (QIAGEN 2021). Hierbei wird die negativ geladene DNA an ein positiv geladenes Säulenmaterial wie Diethylaminoethyl (DE-AE) Zellulose gebunden (Gautam 2022). Durch in Salzkonzentrationen variierende Puffer kann anschließend die gebundene DNA von Unreinheiten befreit und eluiert werden (Prazeres, Schluep, and Cooney 1998). Die Elution der DNA im letzten Schritt wurde mit 30 µl PCR-reinem Wasser durchgeführt. Eine anschließende Abschätzung der DNA-Konzentration erfolgte mit dem NanoDrop 8000 Spektrophotometer (Thermo Fisher Scientific)

1.2.3 Sequenzierung der isolierten Plasmide

Um die DNA-Sequenz des transformierten Plasmids zu überprüfen, wurde die isolierte Plasmid-DNA mittels Sequenzierung untersucht. Dabei wird der Plasmidabschnitt mit der Virussequenz über eine PCR amplifiziert und mittels der von Sanger, Nicklen, and Coulson (1977) beschriebenen Kettenabbruchmethode mit fluoreszenzmarkierten Didesoxynucleotiden sequenziert (Mülhardt 2009). Als Primer für die aus Kapitel 1.2.2 extrahierte Plasmid-DNA wurde der Vorwärtsprimer M13 (5'-GTAAAACGACGGCCAG-3') und der Rückwärtsprimer M13r (5'-CAGGAAACAGCTATGAC-3') verwendet. Die Sequenzierung erfolgte bei der Firma Microsynth SeqLab GmbH.

⁵<https://www.qiagen.com/us/resources/download.aspx?id=0bd0c5fb-c271-43e7-af43-32d539374fa9&lang=en>

1.2.4 Restriktionsverdau und Linearisierung von Plasmiden

In Vorbereitung für eine *in vitro* Transkription zum Erstellen viraler RNA wurde die aus Kapitel 1.2.2 extrahierte Plasmid-DNA linearisiert. Dafür wurden Restriktions Endonukleasen benutzt, welche innerhalb von spezifischen Erkennungssequenzen die DNA schneiden **und somit einen Doppelstrangbruch induzieren** (Smith, n.d.). Für das Influenza B Plasmid (siehe...) wurde das Enzym SacI (Fast Digest, Thermo Fisher Scientific) verwendet. Der Restriktionsverdau erfolgte in 30 µl einfach konzentriertem Fast Digest Puffer (Thermo Fisher Scientific), welcher mit 6 µl Enzym und 3 µl Plasmid-DNA versetzt wurde. Der Restriktionsansatz wurde für 30 min bei 37 °C im Wasserbad inkubiert und anschließend bei 65 °C für 5 min inaktiviert. Für die Influenza A Plasmide (siehe...) wurde das Enzym PshAI (Thermo Fisher Scientific) verwendet. Der Restriktionsverdau erfolgte in 40 µl einfach konzentriertem Tango Puffer (Thermo Fisher Scientific), welcher mit 3 µg Plasmid-DNA und 1,5 U/µl Enzym versetzt wurde. Der Restriktionsansatz wurde für 2 h im Wasserbad bei 37 °C inkubiert und anschließend bei 80 °C für 20 min im ThermoStat C (Eppendorf®) inaktiviert. Zur Überprüfung des Restriktionsverdaus wurde eine Agarose-Gelelektrophorese durchgeführt. Sie dient der Auftrennung von DNA-Fragmenten. Die negativ geladene DNA wandert durch das Anlegen einer Spannung durch ein gitterartiges Trägermaterial (Agarose-Gel) Richtung Anode. Dabei wandern kürzere DNA-Moleküle schneller durch das Trägermaterial als längere, wodurch DNA-Moleküle anhand ihrer Sequenzlänge aufgetrennt werden. Auch verschiedene Plasmidformen wie zirkuläre oder supercoile Plasmide lassen sich so unterscheiden, **da die unterschiedlichen formen für geringere oder stärkere sterische Beeinträchtigung in der Gittermatrix sorgen**. Zur visuellen Detektion der DNA-Fragmente wird die aufgetrennte DNA durch einen Farbstoff markiert (Mülhardt 2009; Schmidt et al. 1999). Als Trägermaterial diente ein Agarosegel mit 1 % (w/v) Agarose in 1X TRIS-Borat-EDTA-Puffer (Roti®fair, Carl Roth) versetzt mit 1,5 µl Green Gel DNA/RNA Stain (Bio & Sell). Pro Geltasche wurden 100 ng DNA-Material mit 1 µl 6x orange loading DYE (Thermo Fisher Scientific) in einem finalen Volumen von 6 µl analysiert. Als Referenz wurden jeweils 3 µl einer 100bp plus DNA-Leiter (GeneRuler, Thermo Fisher Scientific) und einer 1 kb DNA-Leiter (PeqGOLD, Thermo Fisher Scientific) mitgeführt. Die angelegte Spannung betrug 80 V für 60 min. Nach der erfolgten Elektrophorese wurde das Gel unter UV-Licht mithilfe des Geldokumentationssystems Biorad universal Hood II (Bio-Rad) ausgewertet.

1.2.5 DNA-Aufreinigung des Restriktionsverdaus

Um Puffer- und Enzymbestandteile aus dem fertigen Restriktionsansatz zu entfernen, wurde der Ansatz mithilfe des DNA clean & concentrator Kit (Zymo Research) nach Herstellerangaben aufgereinigt (Protokoll⁶ online verfügbar). Die Elution im letzten Schritt des Herstellerprotokolls erfolgte mit 10 µl DNA Elutionspuffer. Anschließend fand eine Abschätzung der DNA-Konzentration mit dem NanoDrop 8000 Spektrophotometer statt.

1.2.6 In Vitro Transkription zur Herstellung von viralen RNA Standards

Die *in vitro* Transkription erfolgte mit dem HiScribe™ T7 High Yield RNA Synthesis Kit (New England BioLabs) nach Herstellerangaben (Protokoll⁷ online verfügbar). Pro Reaktion wurde 1 µg verdaute und gereingte DNA aus Kapitel 1.2.4 eingesetzt. Anschließend wurde die Reaktion für 2 h bei 37 °C im Wasserbad inkubiert. Um die Anfangs-DNA aus der RNA-Lösung zu entfernen wurde anschließend ein DNase verdau

⁶https://files.zymoresearch.com/protocols/_d4003t_d4003_d4004_d4013_d4014_dna_clean_concentrator_-5.pdf

⁷<https://international.neb.com/protocols/0001/01/01/standard-rna-synthesis-e2040>

durchgeführt. Dazu wurde der Mix mit 70 µl PCR-reinem Wasser verdünnt und 10 µl 10x DNase-Puffer (New England Biolabs) dazugegeben. Die neu entstandene Reaktionslösung wurde mit 4 U DNase (New England Biolabs) versetzt und abermals bei 37 °C für 15 min inkubiert. Um Puffer- und Enzymbestandteile aus den vorherigen Arbeitsschritten zu entfernen und eine reine RNA-Lösung zu erhalten, wurde das EchoCLEAN RNA CleanUp Kit (BioEcho Life Sciences GmbH) nach Herstellerangaben durchgeführt (Protokoll⁸ online verfügbar). Das Prinzip der RNA-Aufreinigungsmethode von BioEcho basiert dabei auf einer Matrix, welche durchlässig für Nukleinsäuren ist, jedoch andere Verunreinigungen bindet (BioEcho 2022).

1.2.7 Ribogreen Assay zur quantifizierung von RNA

Zur präzisen RNA-Konzentrationsbestimmung wurde das Quant-iT RiboGreen RNA-Kit (Thermo Fisher Scientific) verwendet. Das Prinzip des Kits basiert dabei auf der Bindung eines gleichnamigen Fluoreszenzfarbstoffes an die RNA. Durch die Bindung erhöht sich die Fluoreszenz des Farbstoffes um das 1000-Fache wodurch eine sensitive Detektion von bis zu 1 ng/ml RNA möglich wird (Jones et al. 1998). Vor der RNA-Konzentrationsbestimmung wurde/wird eine Kalibriergerade im “High-Range” Bereich erstellt. Dazu wurden mit dem im Kit enthaltenen RNA-Standard 5 Kalibrierlösungen im Bereich zwischen 2000 ng/ml und 50 ng/ml mit 1X TE-Puffer (Thermo Fisher Scientific) hergestellt. Die zu messende RNA-Probe wurde vor der Messung mit 1X TE-Puffer auf eine in der Kalibriergerade liegende Konzentration verdünnt. Jede Messlösung der Kalibriergerade sowie zu bestimmende RNA-Lösung wurde 1:1 mit einer Farblösung (RiboGreen 1:200 mit 1X TE-Puffer verdünnt) gemischt. Diese wurde homogenisiert, für 2 min auf Eis im Dunklen gelagert und anschließend abermals gemischt. Die anschließende Fluoreszenzmessung erfolgte im Nanodrop 3300 Fluoreszenzspektrometer bei 525 nm.

1.2.8 Isolation von viraler RNA aus Nasopharyngeal-Swabs

Für die Erstellung einer klinischen Kontrollprobe wurden von gesunden Mitarbeitern der Arbeitsgruppe Nasopharyngeal-Abstriche entnommen und die RNA mithilfe des QiAamp Viral RNA Mini Kits (Qiagen) nach Herstellerangaben isoliert. In die erhaltenen Extrakte wurde in einem 1:10 Verhältnis entsprechende Virus Standard RNA zugegeben.

1.3 Nukleinsäure Amplifikation

1.3.1 Real Time Polymerase Kettenreaktion

Die Amplifikation von viralen Nukleinsäuren mittels PCR wurde mit dem Luna[®] Universal Probe One-Step RT-qPCR Kit durchgeführt. Pro Reaktion wurden 19 µl Reaktionsmix (siehe Tabelle 3) mit 1 µl Virus-RNA versetzt. Für den in Tabelle 3 angegebenen Primer-Sonden-Mix (PSM) wurden je nach Detektionssystem die für Influenza A (siehe Tabelle 4) bzw. Influenza B (siehe Tabelle 5) beschriebenen Primer und Sonden verwendet (Immunization and (U.S.) 2021). Die finalen 20 µl Reaktionsmix wurden nach dem in Tabelle 6 angegebenen Temperaturprotokoll im LightCycler[®] 480 (Roche Holding) gemessen. Für das Hexachlorofluorescein (HEX) Fluorophor wurde im Wellenlängenbereich von gemessen. Die Erfassung des Cyanine 5 (Cy5) Fluorophors erfolgte im Wellenlängenbereich von Die Auswertung der Daten ist in Kapitel 1.1.3 beschrieben.

⁸https://bioecho-prod-media-hp.s3.sbg.perf.cloud.ovh.net/media/e8/6b/93/1650492291/Protocol_EchoCLEANRNACleanupcolumn_001_EN.pdf

Tabelle 3: Zusammensetzung des Influenza PCR-Reaktionsmixes

Bestandteil	Konzentration
2X Luna [®] Universal Probe One-Step Reaction Mix	1X
20X Luna [®] WarmStart [®] RT Enzyme Mix	1X
40X PSM	1X
Virus RNA*	1 µl
PCR-reines Wasser	x µl \sum 20 µl

* Bei Negativkontrollen die Virus RNA mit PCR-reinem Wasser substituiert

Tabelle 4: Zusammensetzung des Influenza A Primer-Sonden-Mixes

Name	Sequenz (5'->3')	Konzentration	3'-Position	Modifikation
InfA For1	CAAGACCAATCYTGTCACCTCTGAC*	16 µM	156 bp	/
InfA For2	CAAGACCAATYCTGTCACCTYTGAC*	16 µM	156 bp	/
InfA Rev1	GCATTYTGGAACAAVCGTCTACG*	16 µM	261 bp	/
InfA Rev2	GCATTTTGGATAAAGCGTCTACG	16 µM	261 bp	/
InfA-P	TGCAGTCCTCGCTCACTGGGCACG	8 µM	214 bp	Fluorophor: HEX; Quencher: BMN-Q535**

* Y=C oder T; V=A, C oder T ** Modifiziert wie in Kapitel 1.1.2 beschrieben.

Tabelle 5: Zusammensetzung des Influenza B Primer-Sonden-Mixes

Name	Sequenz (5'->3')	Konzentration	3'-Position	Modifikation
InfB For	TCCTCAAATCACTCTTCGAGCG*	16 µM	716 bp	/
InfB Rev	CGGTGCTCTTGACCAAATTGG	16 µM	818 bp	/
InfB-P	CCAATTCGAGCAGCTGAACTGCGGTG	8 µM	761 bp	Fluorophor: Cy5, Quencher: BMN-Q620**

* Y=C oder T; V=A, C oder T ** Modifiziert wie in Kapitel 1.1.2 beschrieben.

Tabelle 6: Temperaturprotokoll für die Influenza PCR

Temperatur	Zeit	Zyklen
Reverse Transkription		
55 °C	10 min	1x
95 °C	60 s	
Amplifikation		
95 °C	10 s	45x*
60 °C	30 s	
Kühlen		
40 °C	30 s	1x

* Messung der Fluoreszenz

1.3.2 Rekombinase Polymerase Amplifikation

1.3.2.1 normal

Für die Amplifikation von Nukleinsäuren mittels RPA wurde das TwistAmp[®] exo Kit (TwistDX[™]) verwen-

det. Die für die RPA verwendeten Oligonukleotide sind in Tabelle 7 angegeben. Pro Reaktion wurde 46,5 µl Rehydrationsmix (Zusammensetzung siehe Tab. 8) hergestellt und auf das lyophilisiert RPA-Enzympellet übertragen, um es zu resuspendieren. Die Lösung wurde für ca. 2 min bei Raumtemperatur inkubiert und anschließend gut gemischt. Die resuspendierte RPA-Reaktion (46,5 µl) wurden in eine Kavität eines 8-ter Messsstreifens (Carl Roth) übertragen und dieser kurz zentrifugiert. Nachfolgend wurde 1 µl zu amplifizierende Virus RNA bzw. 1 µl PCR reines H₂O (Negativkontrolle) zum Reaktionsmix gegeben, sowie 2,5 µl Magnesium Acetat (280 mM) in den Deckel der Kavität pipettiert. Zum Start der Reaktion wurde der Messstreifen kurz zentrifugiert und homogenisiert, um das Magnesium Acetat in den Reaktionsmix einzubringen. Die Messung erfolgte nach einer ein minütigen Equilibrationszeit im ESEQuant TS2.4 (Qiagen) bei 38-42 °C. Je nach Versuch wurde die Messung für ein zusätzliches Mischen unterbrochen.

Tabelle 7: Entwickelte Primer und Sonden für die Recombinase Polymerase Amplifikation

Name	Sequenz (5'->3')	3'-Position	Modifikation
Influenza B			
InfB Forward 1	TTGAATGCATATGACCAGAGTGGAAGGCTT	625 bp	/
InfB Reverse 1.1	CCTTCATTAAGACGCTCGAAGAGTGAATTG	749 bp	/
InfB Sonde 1.1	GCTAAACTTGTTGCTACTGATGATCTTACAGTGGAGGATGAAGAAGATGG	658 bp	Fluorophor: FAM Quencher: BMQ-535**
InfB Sonde 1.1 rev-Strang	CCATCTTCTTCATCTCCACTGTAAGATCA 12 A 3 GTAGCAACAAGTTAGC	707 bp	Fluorophor: FAM Quencher: BMQ-535**
Influenza A			
InfA Forward 1	AACACAGATCTTGAGGCTCTCATGGAATGGY*	119 bp	/
InfA Reverse 1	CGTCTACGCTGCAGTCCTCGCTCACTGGGCA	246 bp	/
InfA Sonde 1	TCATGGAATGGCTAAAGACAAGACCAA 12 Y 3 TGTCACCTCTGACTAAGGG*	138 bp	Fluorophor: FAM/Atto-565 Quencher: BMQ-535**

* Y=C oder T; 1: Repoterfluorophor; 2: a-basische Seite; 3: Quencher ** Modifiziert wie in Kapitel 1.1.2 beschrieben.

Tabelle 8: Zusammenstzung des Rehydrationsmixes

Bestandteil	Konzentration	Modifikation
Forward Primer	0,45 µM	biomers.net GmbH
Reverse Primer	0,45 µM	biomers.net GmbH
Sonde	0,13 µM	biomers.net GmbH
RevertAid Reverse Transkriptase	10,75 U/µl	Thermo Fisher Scientific
RNase Inhibitor, Murine	1,08 U/µl	New England Biolabs
Rehydrations Puffer	29,5 µl	TwistDX
PCR reines Wasser	x µl \sum 46,5 µl	/

* Bei Negativkontrollen die Virus RNA mit PCR-reinem Wasser substituiert

1.3.2.2 8tel Ansatz

kurze Einleitung, dass die RPA auch im 8tel Ansatz geht.

Für 8 Reaktionen wurde insgesamt 40,8 µl Rehydrationsmix (Zusammensetzung siehe Tab. 9) hergestellt und auf das lyophilisiert RPA-Enzym pellet übertragen, um es zu resuspendieren. Die Zusammensetzung des in Tabelle 9 aufgeführten 50X PSM's ist in Tabelle 10 gezeigt. Die Lösung wurde für ca. 2 min bei Raumtemperatur inkubiert und anschließend gut gemischt. Die resuspendierte RPA-Reaktion wurden auf einen 8-ter Messstreifen aufgeteilt (4,8 µl pro Kavität) und dieser kurz zentrifugiert. Nachfolgend wurden jeweils pro Kavität 1 µl zu amplifizierende Virus RNA bzw. 1µl PCR reines H₂O (Negativkontrolle) zum Reaktionsmix gegeben. Darauffolgend wurden 15 µl Mineralöl Hersteller, welches die Evaporation des Reaktionsmixes während der Messung verhindert, in den Deckel jeder Kavität pipettiert. Als Letztes wurden 0,64 µl Magnesium Acetat (140mM) an die Innenseite der Kavität pipettiert. Zum Start der Messung wurde der Messstreifen kurz zentrifugiert und homogenisiert um das Magnesium und das Mineralöl in den Reaktionsmix einzubringen. Es folgte eine erneute Zentrifugation um die Öl-Phase von der wässrigen Phase zu trennen. Die Messung erfolgte nach einer ein minütigen Equilibationszeit im ESEQuant TS2.4 (Qiagen) bei 38-42 °C. Je nach Versuch wurde die Messung für ein zusätzliches Mischen unterbrochen.

Tabelle 9: Zusammenstzung des Rehydrationsmixes für den 8-tel Ansatz

Bestandteil	Konzentration	Hersteller
50X PSM	1,35x	/
RNase Inhibitor, Murine	1,37 U/µl	Thermo Fisher Scientific
RevertAid Reverse Transkriptase	13,73 U/µl	New England Biolabs
Rehydrations Puffer	29,5 µl	TwistDX
PCR reines Wasser	x µl \$sum\$ 40,8 µl	/

Tabelle 10: Zusammenstzung des Primer-Sonden-Mixes für den 8-tel Ansatz

Bestandteil	Konzentration	Hersteller
Vorwärtsprimer	21 µM	Biomers
Rückwärtsprimer	21 µM	Biomers
Sonde	6 µM	Biomers

- Aranha, Clara, Vainav Patel, Vikrant Bhor, and Dimpu Gogoi. 2021. "Cycle Threshold Values in RT-PCR to Determine Dynamics of SARS-CoV-2 Viral Load: An Approach to Reduce the Isolation Period for COVID-19 Patients." *Journal of Medical Virology* 93 (12): 6794–97. <https://doi.org/10.1002/jmv.27206>.
- Behrmann, Ole, Iris Bachmann, Martin Spiegel, Marina Schramm, Ahmed Abd El Wahed, Gerhard Dobler, Gregory Dame, and Frank T Hufert. 2020. "Rapid Detection of SARS-CoV-2 by Low Volume Real-Time Single Tube Reverse Transcription Recombinase Polymerase Amplification Using an Exo Probe with an Internally Linked Quencher (Exo-IQ)." *Clinical Chemistry* 66 (8): 1047–54. <https://doi.org/10.1093/clinchem/hvaa116>.
- Bergkessel, Megan, and Christine Guthrie. 2013. "Colony PCR." In *Methods in Enzymology*, 299–309. Elsevier. <https://doi.org/10.1016/b978-0-12-418687-3.00025-2>.
- Bingham, N. H., and John M. Fry. 2010. *Regression*. Springer London. <https://doi.org/10.1007/978-1-84882-969-5>.
- BioEcho. 2022. "EchoCLEAN DNA & RNA Cleanup Kits Produkt Brochüre." *Online Verfügbar Unter*. https://doi.org/https://bioecho-prod-media-hp.s3.sbg.perf.cloud.ovh.net/media/d0/9e/c1/1655465490/Cleanup-Brochure_ENG.pdf.
- Bliss, C. I. 1934. "The Method of Probits." *Science* 79 (2037): 38–39. <https://doi.org/10.1126/science.79.2037.38>.
- Bustin, SA. 2000. "Absolute Quantification of mRNA Using Real-Time Reverse Transcription Polymerase Chain Reaction Assays." *Journal of Molecular Endocrinology* 25 (2): 169–93. <https://doi.org/10.1677/jme.0.0250169>.
- Bustin, Stephen A, Vladimir Benes, Jeremy A Garson, Jan Helleman, Jim Huggett, Mikael Kubista, Reinhold Mueller, et al. 2009. "The MIQE Guidelines: Minimum Information for Publication of Quantitative Real-Time PCR Experiments." *Clinical Chemistry* 55 (4): 611–22. <https://doi.org/10.1373/clinchem.2008.112797>.
- Diagne, Cheikh Tidiane, Martin Faye, Benjamin Lopez-Jimena, Ahmed Abd El Wahed, Cheikh Loucoubar, Cheikh Fall, Giulia Mencatelli, et al. 2020. "Comparative Analysis of Zika Virus Detection by RT-qPCR, RT-LAMP, and RT-RPA." In *Methods in Molecular Biology*, 165–79. Springer US. https://doi.org/10.1007/978-1-0716-0581-3_14.
- Frey, Andreas, James Di Canzio, and David Zurakowski. 1998. "A Statistically Defined Endpoint Titer Determination Method for Immunoassays." *Journal of Immunological Methods* 221 (1-2): 35–41. [https://doi.org/10.1016/s0022-1759\(98\)00170-7](https://doi.org/10.1016/s0022-1759(98)00170-7).
- Gautam, Akash. 2022. *DNA and RNA Isolation Techniques for Non-Experts*. Springer International Publishing. <https://doi.org/10.1007/978-3-030-94230-4>.
- Higgins, Matthew, Matt Ravenhall, Daniel Ward, Jody Phelan, Amy Ibrahim, Matthew S Forrest, Taane G Clark, and Susana Campino. 2018. "PrimedRPA: Primer Design for Recombinase Polymerase Amplification Assays." Edited by John Hancock. *Bioinformatics* 35 (4): 682–84. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/bty701>.
- Immunization, National Center for, and Respiratory Diseases (U.S.). 2021. "Research Use Only CDC Flu Sc2 Multiplex Assay Primers and Probes." July 2021. <https://stacks.cdc.gov/view/cdc/107944>.
- Johnston, Andrew D., Jennifer Lu, Ke-lin Ru, Darren Korbie, and Matt Trau. 2019. "PrimerROC: Accurate Condition-Independent Dimer Prediction Using ROC Analysis." *Scientific Reports* 9 (1). <https://doi.org/10.1038/s41598-018-36612-9>.
- Jones, Laurie J., Stephen T. Yue, Ching-Ying Cheung, and Victoria L. Singer. 1998. "RNA Quantitation by

- Fluorescence-Based Solution Assay: RiboGreen Reagent Characterization.” *Analytical Biochemistry* 265 (2): 368–74. <https://doi.org/10.1006/abio.1998.2914>.
- Mann, H. B., and D. R. Whitney. 1947. “On a Test of Whether One of Two Random Variables Is Stochastically Larger Than the Other.” *The Annals of Mathematical Statistics* 18 (1): 50–60. <https://doi.org/10.1214/aoms/1177730491>.
- Mülhardt, Cornel. 2009. *Der Experimentator: Molekularbiologie/ Genomics*. Spektrum Akademischer Verlag. <https://doi.org/10.1007/978-3-8274-2158-6>.
- Pabinger, Stephan, Stefan Rödiger, Albert Kriegner, Klemens Vierlinger, and Andreas Weinhäusel. 2014. “A Survey of Tools for the Analysis of Quantitative PCR (qPCR) Data.” *Biomolecular Detection and Quantification* 1 (1): 23–33. <https://doi.org/10.1016/j.bdq.2014.08.002>.
- Prazeres, Duarte Miguel F, Thomas Schluep, and Charles Cooney. 1998. “Preparative Purification of Supercoiled Plasmid DNA Using Anion-Exchange Chromatography.” *Journal of Chromatography A* 806 (1): 31–45. [https://doi.org/10.1016/S0021-9673\(97\)01254-5](https://doi.org/10.1016/S0021-9673(97)01254-5).
- QIAGEN. 2021. “QIAGEN® PlasmidPurification Handbook.” *QIAGEN Plasmid Mini, Midi, Maxi, Mega, and Giga Kits. For Purification of Ultrapure, Transfection-Grade Plasmid DNA Online Verfügbar Unter: <https://www.qiagen.com/Us/Resources/Download.aspx?id=0bd0c5fb-C271-43e7-Af43-32d539374fa9&lang=en>*.
- Ritz, C., and A.-N. Spiess. 2008. “qpcR: An r Package for Sigmoidal Model Selection in Quantitative Real-Time Polymerase Chain Reaction Analysis.” *Bioinformatics* 24 (13): 1549–51. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btn227>.
- Rödiger, Stefan, Michał Burdukiewicz, and Peter Schierack. 2015. “chipPCR: An r Package to Pre-Process Raw Data of Amplification Curves: Fig. 1.” *Bioinformatics* 31 (17): 2900–2902. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btv205>.
- Rödiger, Stefan, Michał Burdukiewicz, Andrej-Nikolai Spiess, and Konstantin Blagodatskikh. 2022. “PC-Redux204 Package - an Overview [Vignette].” *Comprehensive R Archive Network*, 1–104. <https://cran.r-project.org/web/packages/PCRedux/vignettes/PCRedux.pdf>.
- Sanger, F., S. Nicklen, and A. R. Coulson. 1977. “DNA Sequencing with Chain-Terminating Inhibitors.” *Proceedings of the National Academy of Sciences* 74 (12): 5463–67. <https://doi.org/10.1073/pnas.74.12.5463>.
- Schmidt, Torsten, Karl Friehs, Martin Schleef, Carsten Voss, and Erwin Flaschel. 1999. “Quantitative Analysis of Plasmid Forms by Agarose and Capillary Gel Electrophoresis.” *Analytical Biochemistry* 274 (2): 235–40. <https://doi.org/10.1006/abio.1999.4291>.
- SHAPIRO, S. S., and M. B. WILK. 1965. “An Analysis of Variance Test for Normality (Complete Samples).” *Biometrika* 52 (3–4): 591–611. <https://doi.org/10.1093/biomet/52.3-4.591>.
- Sievers, Fabian, and Desmond G. Higgins. 2017. “Clustal Omega for Making Accurate Alignments of Many Protein Sequences.” *Protein Science* 27 (1): 135–45. <https://doi.org/10.1002/pro.3290>.
- Smith, Duncan R. n.d. “Restriction Endonuclease Digestion of DNA.” In *Transgenesis Techniques*, 427–32. Humana Press. <https://doi.org/10.1385/0-89603-245-0:427>.