[00:00:00] Ich würde Sie am Anfang bitten, dass Sie mir einen kurzen Überblick hinsichtlich der Laufzeit geben. Die Forschungszulage geht seit 2020, das heißt, man kann auch retrospektive Entwicklungsinhalte anbringen. Wichtig ist [00:00:15] Wichtig ist aber immer, dass die gesamte Projektlaufzeit abgesteckt wird. Das heißt, wenn es zum Beispiel 2021 begonnen hat, aber noch in die Zukunft reicht, dass man eben auch die komplette Projektlaufzeit bis zum produktiven Stadium abdeckt. Wie wäre das denn bei XSL Katze [00:00:30] einzuordnen. Da würde ich auf jeden Fall den Startpunkt 1. Januar 2023 nehmen. Annalena, ja, das ist in deinem Sinne und Alex auch weil wir vorher ein Projekt hatten [00:00:45] hatten das mit Fördermitteln gefördert wurde und da hat die Annalena sehr viel gemacht und die sind quasi es hat ja quasi eins zu eins jetzt nach diesem Projekt ab Januar dann übergegangen in XXL Katze. Das würde ich dann so machen. [00:01:00] machen jetzt von der laufzeit keine ahnung gibt es da was was gut ist soll man es zeit lassen soll man schnell machen soll man also ein typischer projektlaufzeit sind vier jahre über vier jahre würde ich nicht empfehlen zwischen drei bis vier jahre wäre sehr gut also ein jahr nicht kurz wir würden den kunde auf jeden fall auch mit rein nehmen dann würde ich gleich [00:01:15] Also ein Jahr reicht nicht kurz. Wir würden den Hund ja auf jeden Fall auch mit reinnehmen. Dann würde ich gleich... Zwei Jahre. Sag mal so Ziel, dann würde ich das wirklich so machen. Weil die Katze wollen wir schneller hinkriegen als jetzt vier Jahre. Da bringt uns unsere Chefin um. Aber wir wollen, wir hatten uns das ja so... Annalena, du musst mich unterbrechen, wenn [00:01:30] Aber wir hatten ja überlegt, dass wir quasi den Hund geschachtet hinterher packen, weil die Arbeit ist ja ähnlich [00:01:45] ähnlich nicht gleich aber deswegen würde ich das dann vielleicht auch xxl katze und schrägstrich und und schrägstrich pferd nennen dann kommen auch wahrscheinlich auf drei bis vier jahre würde ich dann auch bedeutet vier jahre [00:02:00] Jahre für meinen Seelenfrieden. Das soll quasi so geschachtelt bearbeitet werden, was wir bei der Katze gelernt haben, quasi dann auf den Hund übertragen. Da [00:02:15] Da hat man ja auch einen Lerneffekt, dass es quasi so ineinander wie beim Kuchenbacken immer ineinander übergeht. Und der Kuchen ist nach vier Jahren, aber länger als vier Jahre machen wir nicht. Alles klar, das heißt bis Ende 26 [00:02:30] oder sollen wir es bis Mitte 26 legen? 23, 24, 25, Annalena, ich meine es ist mir egal. Er macht halt Ende 26. Dann haben wir ein großes Projekt mit vier Jahren, wo man dann Stunden schreibt [00:02:45] Ja, denke ich auch. Was zum Nachjustieren oder so wird es ja immer noch mal geben, auch wenn es läuft, dann kommen neue Tests oder noch was optimieren. Also da denke ich mal wird Bedarf sein am Anfang. Ja, ja. Alles klar. Wir müssen das gleich als, [00:03:00] Wir müssen das als möglichst methodisches Vorgehen darlegen können. Das heißt, dass praktisch eine Methodik ihrerseits entwickelt wird, am Beispiel Katze, und dass das dann eben auch auf Hund und Pferd übertragen werden kann. [00:03:15] Das heißt idealerweise auch methodisches Vorgehen beim Übertragen auf weitere Spezies, so dass man hier idealerweise darlegen kann, dass, also die Förderung gibt es zum Prototyp, dass praktisch einmal der Weg geebnet wird, eben am Beispiel Katze, [00:03:30] Katze Hund Pferd oder es danach prinzipiell auch auf andere Tierarten übertragen werden könnte. So wollen sie es schreiben also sie wollen jetzt nicht die Katze als Prototyp und dann die Übertragung auf Hund und Pferd sondern dass man [00:03:45] Das machen wir jetzt noch fürs Rind oder schlagen wir es tot? Ja, die Förderung geht halt bis zum Prototyp. Und wenn wir sagen, dass praktisch nur die Katze der Prototyp ist, dann wäre es danach nicht mehr förderfähig. Ich schreibe mir auch ein bisschen eine Förderung hin. [00:04:00] Der Hund ist definitiv nicht mit der Entwicklung bei der Katze ausgereizt. Das ist ein Teil davon, was wir bei der Katze bereits dann methodisch umsetzen können. Aber es ist definitiv so, dass da bestimmt noch mal ein Jahr, eineinhalb, kommt [00:04:15] kommt um den Hund komplett zu haben und beim Pferd sind wieder andere Sachen zu beachten. Also es stimmt dann auch. Also der Hund hat viel mehr Marker, sage ich jetzt mal, als die Katze, dass ihm viel mehr Abkrankheiten bekannt ist. Annalena, du korrigierst mich, ist technisch eine größere Herausforderung, [00:04:30] Da die Erbkrankheiten richtig zu benennen, zu definieren. Genau, dass man da korrekt Calling macht. Jetzt sind Sie schon ans Inhalt gegangen. Da würde ich Sie bitten, dass Sie auch allgemein mal das [00:04:45] Ziel des Vorhabens, also wirklich mit Katze, Hund und Pferd darlegen können, weil das ist das erste Kapitel letzten Endes. Also der Prüfer muss über eine Abgrenzung zum Stand der Technik letzten Endes erkennen können und auch wie es aktuell nach [00:05:00] Nachstand der Technik durchgeführt wird. Annalena magst du? Ja kann ich gern. Mit den Produkten die bei Hund, Katze und Pferd entwickelt werden sollen, wollen wir [00:05:15] Kunden, Züchter, Tierärzte, Privatleute die Möglichkeit geben, zum einen die genetische Gesundheit ihres eigenen Tieres zu bewerten in der Gesamtheit, teilweise auch über das hinaus, was für die einzelnen [00:05:30] Rassen bereits bekannt ist und zum anderen dann auch die Tiergesundheit in Zukunft damit fördern, weil das wirklich direkt in die Zuchtentscheidungen mit einfließen kann und sollte, um [00:05:45] vor allem innerhalb von so ein bisschen enger gezüchteten Rassen dann zu ermöglichen, dass die Tiere nicht komplett immer kränker und kränker werden in den nächsten 50 bis 100 Jahren. So würde ich es jetzt mal zusammenfassen. Ich habe Ihnen hier [00:06:00] begleitend zur Antragsaufnahme mal eine kurze Qualitätscheckliste beigelegt und wie der Antrag immer aufgebaut ist, damit Sie dann mal eine grobe Richtung haben. Wir müssen immer einen Satz zum Stand der Technik beschreiben, also nach aktuellen Stand der Technik wird so und so gemacht, dann [00:06:15] was das Projektziel ist, dann eben auch die Abgrenzung zum Stand der Technik, inwiefern der Stand der Technik erweitert wird und das Wissen bei Ihnen ausgebaut wird und dann letztendlich, was auch das Projektergebnis sein soll. Vielleicht könnten Sie das da einfach noch mal kurz [00:06:30] Fragen auf das Vorhaben, vor allem eben auch in Bezug zu diesem Next Generation Sequencing. Also einmal einordnen, inwiefern Sie das bisher schon eingesetzt haben, inwiefern es für Sie eine neue Technik ist, inwiefern es zur Erkennung der Erbkrankheiten bei Katze, Hund, Pferd [00:06:45] etwas neues ist. Also jetzt mündlich oder dann für den Antrag? Mündlich, mündlich. Wir formulieren auf Basis deswegen läuft die Aufnahme. Wir formulieren daraus den Antrag. Okay, also dann würde ich sagen, dass der aktuelle Stand der Technik ist, dass wir noch [00:07:00] keine Hochdurchsatztechnologie anwenden, um eben das gesamte genetische Markup von einem Tier zu untersuchen. Stattdessen haben wir vor allem Einzeltests und kleinere Produkte, die auf rassenspezifisch angewendet werden. [00:07:15] Next Generation Sequencing als Technologie setzen wir im Moment für DNA Profiling ein. Da geht es vor allem um Abstammungsanalysen und um den genetischen Fingerabdruck von Tieren. Das Projektziel wäre dann eben [00:07:30] Das, was ich vorhin formuliert hatte, dass es vor allem um die Tiergesundheit geht, das eigenen Tieres, aber auch der Spezies, die wir da mit abdecken wollen im Ganzen. Stand der Technik aktuell? [00:07:45] Wir erweitern vor allem auch in dem Bereich größere genetische Varianten hinein. Also einfachere Tests sind vor allem Snips wenn aber [00:08:00] Genetische Ursachen, komplizierter Sinn mit größeren Insertionen, Deletionen, Inversionen, was es da alles gibt. Da wollen wir unsere Next Generation Sequencing Technologie hin vor allem ausbauen. Das Projektergebnis wäre [00:08:15] wäre dann für unterschiedliche Tierspezies jeweils ein Produkt, was diesen Zusatz XXL enthält, der im besten Fall, ja im besten Fall alle, aber wahrscheinlich eben alle mit der Technologie abbildbaren [00:08:30] Erbkrankheiten in der Spezies und Merkmale beinhaltet. Idealerweise können wir den Antrag noch mit ein bis zwei Zielwerten untermauern. Also vielleicht können Sie ja alle Erbkrankheiten ein bisschen quantifizieren [00:08:45] als wie viel mindestens erreicht werden sollen oder in anderen Zahlen wert? Ui, schwierig. Also mindestens in Zahl würde ich nicht sagen, weil das sich [00:09:00] extrem unterscheidet bei Hund, Katze und Pferd. Und nachdem auch die Erbkrankheiten ja ständig weiterentwickelt werden, es kommen ja auch ständig neue dazu, würde ich eigentlich eher sagen, dass es vielleicht unser Ziel wäre, einen Großteil [00:09:15] Teil und da würde ich sagen vielleicht mehr als 60 Prozent der der bekannten Krankheiten in der jeweiligen Spezies kontinuierlich mit abzudecken und das liegt aber dann wirklich daran ob das überhaupt möglich ist mit der [00:09:30] Technologie. Da gibt es einfach teilweise Sachen, die uns daran hindern, das zu tun. Deswegen tue ich mir extrem schwer mit der Zahl. Aber das ist schon mal ein guter Zahlenwert. Also da wird sich auch niemand darauf festnageln, dass einfach nur für einen Prüfer, der einfach in [00:09:45] sehr wenig Text, also der Antrag hat eine Seite, sehr viel erkennen muss und deswegen ist einfach so ein Zahlenblatt immer sehr gut. Dann will ich tatsächlich weitergehen auf die Betreibung der Arbeiten, also sprich hier wird beantwortet, wie Sie das Ganze realisieren möchten, da muss ein [00:10:00] methodisches Vorgehen erkannt werden können. Also wenn sie einfach mal mit den Arbeitsschritten, die sie letzten Endes durchführen werden, hier einmal beginnen und dann eben auch auf die neuartige Methode ihrerseits eingehen, dass der [00:10:15] gewinnen für den prüfer erkannt werden kann und auch in die für bei ihnen wissenslücke dadurch geschlossen wird also der gute erste schritt ist dass man eine komplette wissenschaftliche analyse aller aktuell [00:10:30] Erbkrankheiten in den drei unterschiedlichen Spezies durchführen muss. Das ist eigentlich schon ziemlich aufwendiges Arbeitspaket, weil das bedeutet, dass man es auch immer in den wissenschaftlichen Veröffentlichungen selber dann halt verstehen und nachbauen muss. Dann [00:10:45] dann muss es umgesetzt werden in den sogenannten Panels mit denen die NGS-Technologie arbeitet. Jeweils für jede Spezies ein Panel. Dann der dritte Arbeitsschritt wäre die Evaluierung [00:11:00] der Tests, die wir abbilden. Wir müssen natürlich auch sicherstellen, dass das nicht nur technisch das korrekte Ergebnis liefern sollte, sondern das auch tut. Das heißt, wir müssen die bekannte Tiere [00:11:15] mit den Ergebnissen vergleichen, die wir mit der neuen Technologie, mit der NGS-Technologie erreichen erhalten und das Ganze vielleicht dann als fitten für das Arbeitspaket in der Art und Weise bringen, die dann auch bei dem Kunden wieder verständlich [00:11:30] ankommt. Wir können die ja nicht mit 200 Seiten Text am Schluss schulen. Das muss ja eben für die unterschiedlichen Menschentypen dann auch angepasst sein, dass sie damit auch was anfangen können. Wunderbar, vielen Dank. [00:11:45] Könnten Sie den Prototyp letzten Endes noch etwas besser umschreiben, also sprich die Art und Weise, mit der es für den Kunden verständlich ist. Haben Sie da etwas bessere Vorstellungen, wie das Endergebnis aussehen soll? [00:12:00] Ist das eine Testkit oder führen Sie die Tests durch? Der Output ist dann die Analyse? Der Kunde schickt uns im Endeffekt nur [00:12:15] DNA seines Tieres, entweder mit Blut oder mit Abstrichen oder mit Haaren beim Pferd oft. Wir sind dann für alles zuständig, was von der DNA-Extraktion über die Durchführung sämtlicher genetischer Tests geht [00:12:30] Tests geht dann die Auswertung und dann die Aufarbeitung, dass es wieder den Kunden zurückgehen soll und ich würde sagen, dass das wahrscheinlich in einer entweder einer Applikation, einer App oder einer [00:12:45] webbasierte Darstellung geht, wo sich dann ein Kunde sein einzelnes Tier oder seine mehreren Tiere, die er dann analysiert, auch auf Dauer anschauen kann. Eventuell sogar vergleichen mit anderen. Und [00:13:00] Das ist ja auch was, wenn ich kurz rein darf, was ganz neues ist. Im Moment machen wir Befunde, die ursprünglich mal auf Papier waren, die jetzt halt als E-Mail verschickt werden, aber natürlich nicht so wie das dann in dem Fall mit einer App aussehen könnte. Also das ist ja auch ein [00:13:15] ganz neues Produkt, eine ganz neue Form von Befundung. Ja, alles klar. Vor allem der Vergleich der Prennness zu anderen Tieren ist hier sicher ein wichtiger Punkt, der aktuell nicht durchgeführt werden kann. Ne, [00:13:30] nicht durchgeführt werden kann. Was meinen Sie jetzt mit Vergleich zu anderen? Letzten Endes, wenn Sie das komplette Genom analysieren, dann muss das große Ganze letzten Endes berücksichtigt werden und man testet [00:13:45] nicht nur auf eine spezifische Krankheit. Aber deswegen greife ich ja nicht unbedingt mit anderen Tieren in dem Fall. Ne, das meinte ich nicht mit anderen Tieren. Das habe ich nicht ausgedrückt. [00:14:00] Okay, klasse. Dann würde ich gerne noch auf den nächsten Punkt eingehen, nämlich inwiefern das Produkt in Ihrem betreffenden Wirtschaftszweig einzuordnen ist. Da hatten Sie vorhin schon ein paar Punkte angesprochen. [00:14:15] Jetzt müssen wir uns aber noch ein bisschen näher abgrenzen, wie der Stand der Technik aktuell aussieht und inwiefern der auch in Bezug zur Next Generation Sequencing übertroffen wird. Vielleicht ein paar Punkte zu dem, was wir im Moment [00:14:30] Moment machen wir selber. Wir bieten eben die Einzeltests an, wo der Kunde sagen muss, ich will, dass mein Tier halt auf PHA getestet wird, auf DM, was auch immer oder eben diese einzelnen Pakete, die so ein bisschen schon abhängig sind von der Rasse. Und in [00:14:45] Und in dem Fall wäre es so, dass wirklich alles was möglich ist getestet wird. Das ist der eine Unterschied. Und dadurch sind es auch unterschiedliche Methoden, weil natürlich die Einzeltests nicht über NGS laufen, sondern über andere Methodik. [00:15:00] und so ins große ganze in den wirtschaft zweig einordnen ja das meinen sie damit in wirtschaft zweig einordnen andere firmen die auch test durchführen von hinsichtlich krankheiten oder sonstiges einfach mit [00:15:15] Werbern. Also es gibt natürlich andere Firmen, die auch die Packets anbieten, wie wir das auch machen. [00:15:30] auch machen und es gibt auch welche die sehr viele Tests zusammen anbieten ob die alle anbieten oder diese 60 Prozent die wir anstreben kann ich jetzt nicht sagen. Ja also die Prüfer die sind kennen sich von den Fachbereichen aus [00:15:45] Wir sind natürlich nicht so Experten wie Sie und benötigen deswegen einfach eine Einordnung, ob MGS schon angeboten wird von anderen Mitbewerbern für die Charakterisierung von Erdkrankheiten bei Katzer, Hund, Pferd oder ob das dahingehend was Neues ist. [00:16:00] Ich glaube, das ist dahingehend schon was Neues, weil die verwenden, das wäre nämlich auch ein Marktvorteil, also wir wollen das ja mit NGS probieren, mit Next Generation Sequencing. Andere große [00:16:15] Anbieter wie Mars, also die Firma von Mars Regal, die bieten das was ähnliches an, aber mit Microarrays. Und man hat Vorteile und Nachteile, also die NGS ist es schwieriger [00:16:30] das Ziel zu erreichen, aber man hat den Vorteil, dass man quasi mit NGS immer schnell up to date ist. Ein Array, da müssen die was weiß ich 100.000 oder 10000 Arrays bestellen, der ist in Stein gemeißelt. [00:16:45] wenn die einen neuen Marker hinzufügen wollen, dauert das. Bei NGS können wir relativ schnell reagieren, wo wir einen Marktvorteil gegenüber unseren Mitbewerbern auch sehen. Also ich weiß, Mars macht keine NGS-Geschichte [00:17:00] für diese vielen Erbgangkeiten, sondern die machen Micro-Arrays. Das wäre ein klassischer Mitbewerber, aber trotzdem. Die uns auch Konkurrenz machen, das muss ich sagen. Aber wie gesagt, wir gehen die Geschichte anders an, was Vorteile und [00:17:15] auch Nachteile hat. Kann man dann dahingehend auch beziehen, dass es, also da kennen Sie sich jetzt wahrscheinlich besser aus, aber Sie hatten vorhin angesprochen dass zunehmend mehr Mager oder sonstiges [00:17:30] hinzukommt, das heißt es ist ein sehr schnelllebiges Produkt. Das ist sehr schnelllebig, meiner Meinung nach kommt bald alle paar Wochen ein neuer Marker dazu, das geht sogar schneller. Ob die jetzt wichtig sind für den Kunden oder auch nicht, das sei dahingestellt [00:17:45] gestellt, aber da kommen ständig neue Marker dazu. Liegt das an der Überzüchtung oder liegt es daran, dass es viel stärker erforscht wird? Das wird stärker erforscht. Die Technologien gehen wesentlich schneller. Wie sagte unser [00:18:00] Forscher Kollege in der Schweiz sagt immer quick and dirty und es ist wirklich quick also der macht, haut einen Test nach dem anderen raus sage ich mal so. Da muss man dann schnell reagieren dem Kunden gegenüber sind wir da auch in der Plattform [00:18:15] Der Hunde hört es, der Tosso lebt in der Schweiz, hat neuen Tests, Laboclean muss den anbieten. Das machen wir, aber wie gesagt, mit so einer Hochdurchsatztechnologie kann man da nicht so schnell reagieren. Aber man kann mit NGS wesentlich schneller reagieren [00:18:30] als mit den micro Arrays. Dann können wir hier auf jeden Fall die Motivation hinter dem Vorhaben gut erklären und auch den Marktvorteil. Kann man das auch quantifizieren wie schnell sie darauf reagieren können also innerhalb [00:18:45] weniger Tage, Wochen, Monate? Oh Annalena, das wird schon ein paar Wochen dauern. Ich hätte jetzt mal geschätzt, innerhalb von ein bis zwei Monaten könnte man reagieren, [00:19:00] wenn es nötig wäre. Und im Vergleich zu den Microarrays, wie lange dauert es da typischerweise, wenn man wirklich reagieren wollen würde? Also wenn man alles wegschmeißt, was man dann jetzt hat, wenn man [00:19:15] das möchte, dann kann man da glaube ich innerhalb von drei bis sechs Monate könnte man so eine Reaktion dann machen, aber das ist einfach nichts was man tut. Man geht [00:19:30] in Vorleistung eigentlich bis auf zwei Jahre, weil erst dann die Entwicklungskosten sich rechnen und man muss die dann entsprechend erst abarbeiten, bevor man wieder ein neues Badge bestellt. Die Frage hat auf das [00:19:45] konkrete Zahlenwerte abgezielt. Also das ist ein ganz klarer Marktvorteil, also die Zeit, die Zeitschiene. Der Kunde wird es dann auch schnell haben, wenn er es sich überlegt hat. Klasse. Gut, dann würde ich gerne auf den nächsten Punkt eingehen. Der nächste Punkt bezieht sich [00:20:00] auch die Abgrenzung zu bestehenden Technologien bei Ihnen im Unternehmen. Da wäre es für den Prüfer wichtig einzuordnen, ob Sie sich schon mal mit Next Generation Sequencing im Unternehmen beschäftigt haben. Wenn ja, was hier der Unterschied ist und wenn nein, wäre auch die [00:20:15] Das ist vollkommen ausreichend. Ja, wir haben das, also Next Generation Sequencing, seit 2020 bei uns im Unternehmen. Und wir setzen es aktuell ein für den genetischen Fingerabdruck beim Hund. [00:20:30] und zur Untersuchung von genetischer Variabilität ebenfalls beim Hund. Wir haben noch kein Produkt bei der Katze, noch keins beim Pferd und [00:20:45] auch noch nichts was mit Erbkrankheiten angeboten wird. Könnten Sie einmal nur für den Prüfer, wir wissen teilweise nicht wie nah der Prüfer wirklich vom Know-How her involviert ist, könnten Sie [00:21:00] könnten Sie näher darauf eingehen, was der Unterschied ist, wenn man jetzt einen reinen Fingerabdruck erkennen will und auch wirklich auf Erbkrankheiten in Bezug nehmen will, dass der Prüfer hier einfach die Methodik dahinter nochmal differenzieren kann. Ja klar, also [00:21:15] Beim genetischen Fingerabdruck untersucht man Positionen im Genom, die keinerlei Auswirkungen auf Gesundheit, Alter, Lebensweise sonstiges des Tieres haben. Das sind sogenannte SNPs, also [00:21:30] Nukleotidpolymorphismen, die ausgewählt wurden von einem wissenschaftlichen Gremium, um in der Summe von 100 bis 300 davon ein Tier wirklich eindeutig zu identifizieren. [00:21:45] Es wird keinen anderen Hund geben, der exakt identisch ist, wenn man sich diese bei uns angebotenen 230 Snips in der Summe anschaut. Bei den Erbkrankheiten ist es eine ganz andere Herangehensweise. Da muss man als erstes wissen, was [00:22:00] Genau löst genetisch gesehen die Erbkrankheit aus und dann wird exakt diese Position untersucht. Also pro Erbkrankheit im Schnitt ein bis drei Positionen, die man dann zusammen integrieren muss, um das Ergebnis zu erhalten. [00:22:15] Beim genetischen Fingerabdruck mehrere hundert, aber nur für die Identifizierung des Tieres und zur Abstammungsanalyse sowie ein Stück weit auch die genetische Variabilität eines Tieres in Bezug zur Rasse. Entschuldigung [00:22:30] Beim DNA-Profil werden quasi diese Snips untersucht, während bei den Erbkrankheiten ja im großen Teil auch Snips sind. Aber es können natürlich auch andere Mutationen sein, wie eben Insertion, Deletion, große Duplikation, was auch immer. [00:22:45] Das ist auch nochmal ein großer Unterschied, oder Anna-Lena? Ja, das DNA-Profil ist rein auf SNP-Basis und Erbkrankheiten haben halt viel komplexe Biologie, die sie auch dann mit abbilden müssen oder die wir mit abbilden müssen in unserem Projekt. Und letzten Endes, die Analyse wird wahrscheinlich viel komplexer sein, also ob es wirklich eine Erbkrankheit vorlegt. Definitiv. Bei dem anderen ist es auch ein bisschen komplexer. Ja, das ist auch ein bisschen komplexer. Ja, das ist auch ein bisschen komplexer. Ja, das ist auch ein bisschen komplexer. Ja, das ist auch ein bisschen komplexer. Ja, das ist auch ein bisschen komplexer. Ja, das ist auch ein bisschen komplexer [00:23:00] Und letztendlich wird die Analyse wahrscheinlich viel komplexer sein, also ob es eine Erbkrankheit vorliegt, weil im anderen ist ja nur die Identifizierung. Ja, es muss auch ein höheres Level an Sicherheit erhalten, weil wenn wir 230 Snips [00:23:15] angucken, um ein Tier zu identifizieren, hat man ein gewisses Level an Unsicherheit, was erlaubt ist. Also so zwei bis drei Snips dürfen davon auch falsch sein. Bei der Erbkrankheit hast du im Endeffekt überhaupt gar keinen Spielraum. Das muss richtig sein. Das [00:23:30] hat ja wirklich große Auswirkungen auf das Tier selbst. Das ist sehr gut, vielen Dank. Dann der letzte Abschnitt, das letzte Kapitel ist das meist immer das Schwierigste. [00:23:45] Ein Prüfkriterium ist das Kriterium der Unwägbarkeiten, der sogenannten technischen Risiken. Wir müssen konkret bezogen auf die Entwicklungsinhalte, die sie durchführen, zur Realisierung eben dieses Prototyps müssen wir auch Risiken [00:24:00] anbringen, insofern das Projekt auch hätte schneidern können. Dementsprechend fügen wir typischerweise zwei bis drei wirklich einschlägige Risiken an oder auch wirklich Punkte, wo sie noch gar nicht wissen, ob dieser Lösungsansatz überhaupt zielführend ist. [00:24:15] Hätten Sie da ein paar Schlagworte für mich, wo wir die Risiken festmachen könnten? Ja, Alex mach. Es werden zum einen diese Mutationen, die keine Snips [00:24:30] Snips sind. Mit den Snips haben wir ja schon einigermaßen Erfahrung. Ich meine selbst da kann es sein, dass man die nicht richtig detektiert. Vielleicht auch wegen breiteren Fingern. Oder falsch detektiert. Oder Fehler passieren. Genau, dass da Fehler passieren, die wir dann auch nicht durch Doppel- oder [00:24:45] dreifach Testung rausbekommen, aber ich glaube ein großes Risiko sind diese Insertionen der Lektionen, dass man die eben nicht hinbekommt und dadurch einfach sein Ziel auch nicht erreicht genügend Erbkrankheiten in dieses XXL-Paket mit reinzunehmen und sich dann eigentlich auch das mal lohnt. [00:25:00] Das wäre das Erste, was mir einfällt. Nur um das mit den Insertionen und Detektionen noch kurz abzuschließen, können Sie das noch kurz erläutern, warum das so schwierig ist? [00:25:15] Bei Detektion kann ich mir das relativ gut selbst erklären, warum das schwierig ist, etwas zu erkennen, was nicht mehr da ist. Aber bei Insertion, wie gehen Sie da vor und warum könnte das eben scheitern? [00:25:30] Annalena magst du? Ja, ich überlege gerade, was vielleicht das größte der Risiken ist. Also bei Einzelnukleotidpolymorphismen sind die ziemlich stabil. Die sind entweder so oder so. [00:25:45] Bei Insertionen und Deletionen hat man oft so ein bisschen auch so Wobbelbereiche. Wenn ein größerer Bereich fehlt, dann ist das für die Krankheit teilweise genauso definierend, wie wenn es ein Bereich ist, der vielleicht drei, vier, fünf [00:26:00] Basenpaare kleiner oder größer ist. Also es ist nicht so eindeutig, was dann die Krankheit auslöst oder nicht. Und sowas aber in die NGS-Technologie zu integrieren, das ist extremst schwierig. [00:26:15] Dann sind auch oftmals Insertionen und Deletionen in Bereichen im Genom zu finden, die eine niedrige Aussagekraft haben, wo viele Wiederholungen drin sind, wo teilweise [00:26:30] Reste von viraler DNA vielleicht noch mit drin sind, das macht generell dann die Sequenzierung selbst auch teilweise einfach unmöglich. Das schaut so aus, als könnte man es. In der Praxis gibt es aber zu viel Interferenz [00:26:45] Und das ist halt oft bei den größeren Deletionen, Insertionen und sämtlichen komplexeren Sachen der Fall. Nicht bei den einfachen Snips. Kann man pauschal sagen... Entschuldigung? Was ich noch einbringen wollte, du bist ja auch limitiert [00:27:00] von der Größe von den Sequenzierprodukten her. Wenn es ganz große Indells sind, dann hat man das Problem, dass man diese Stelle gar nicht sequenzieren kann, weil die zu groß ist für die Technik. Das ist korrekt. Allerdings ist da auch etwas [00:27:15] was was jetzt in dem Projekt wieder neu bearbeitet werden kann bei uns, weil Thermo Fischer das erst neu entwickelt hat für seine Maschine, da werden dann bestimmte Primer miteinander integriert. Also wenn jetzt eine wirklich so eine total riesengroße [00:27:30] Sequenz fehlt, dann wird ein Primer links neben der Sequenz und einer ganz rechts gesetzt und dann wird geguckt, habe ich überhaupt ein Produkt? Dann weiß ich, die Riesensequenz ist weg oder ich habe kein Produkt, dann muss ich halt sicherstellen, dass es nicht einfach nur nicht [00:27:45] geklappt hat, sondern dass dann wirklich die lange Sequenz da ist. Da werden teilweise drei, vier, sechs Primerpaare miteinander dann informatisch ausgewertet, um dann am Schluss wirklich rauszufinden, ob eine lange Insertion oder Deletion vorliegt oder nicht. [00:28:00] Da haben wir noch absolut keine Erfahrung damit. Das war vorher nicht möglich und soll jetzt in Zukunft aber möglich sein. Was ist ein sehr guter Punkt für den Antrag, was die Vorgehensweise betrifft? Also mir geht es jetzt nicht um [00:28:15] den produktspezifischen Namen von Thermo Fisher, sondern allgemein diese Vorgehensweise, dass man mehrere Primer miteinander kombiniert oder kann man da Multi-Primer-Ansatz sagen? Also bei denen heißt es einfach Analyse von strukturellen Varianten. Das ist dann vielleicht das Schlagwort. [00:28:30] Vorher sind es kleinere Mutationsbereiche bis zu 50 Basenpaaren vielleicht. Alles was darüber rausgeht, heißt dann bei Thermo Fisher strukturelle Variantenanalyse und das ist halt relativ neu. Könnten Sie bei den, oder [00:28:45] Kann man pauschal sagen, dass es allgemein mit Next Generation Sequencing schwierig ist, gerade DNA-Insertionen auszuwerten, zu charakterisieren? Oder sonstiges? Wird das noch als Risiko [00:29:00] aus anbringen? Ne, das würde ich eigentlich eher weniger als großes Risiko sehen, sondern eher als Einzelfall. Vielleicht ist ein Risiko halt auch, dass bestimmte Erbkrankheiten natürlich wichtiger [00:29:15] sind als andere. Also auch wenn wir uns das Ziel vielleicht gesteckt haben und erreichen können, 60 Prozent der Erbkrankheiten dann abzudecken, wenn diejenigen Krankheiten, die in der Spezies aber wirklich die relevanten sind, weil sie häufig vorkommen, weil sie gravierende [00:29:30] Auswirkungen auf das Tierhaben, auf das Zuchtgeschehen, wenn wir die nicht können, dann können wir auch 99 Prozent der Tests abdecken und wir hätten trotzdem kein sinnvolles Produkt geschaffen. Also es gibt so ein paar kritische Erbkrankheiten, die auf jeden Fall enthalten [00:29:45] sein sollten. Das würde ich als ein größeres Risiko noch sehen. Aber da müssen wir begründen, warum die Unwägbarkeit eben besteht, dass sie diese Erbkrankheiten [00:30:00] nicht bestimmen können und deswegen also der Grund wäre zum Beispiel gerade DNA und nicht nur die Konsequenz. Deswegen wenn es ein anderer Grund neben gerade DNA gibt irgendwas das sehr schwer zu erkennen ist. Man könnte sagen low complexity, [00:30:15] also Regionen mit niedriger Komplexität, das sind vor allem, das nennt man dann Polynucleotid-Stretches, also längere, was weiß ich, 15 mal die Base A hintereinander zu 16 mal die Base A. [00:30:30] Das kriegen wir nicht auseinander gedröselt. Solche Sachen sind extrem risikoreich und wenn das der Grund ist für eine Erbkrankheit, dann werden wir die mit NTS nicht abbilden können. Wunderbar, dann habe ich tatsächlich alles im Kasten für den [00:30:45] Antrag. Das war wirklich sehr hilfreich. Dementsprechend, also was jetzt sonst noch wichtig wäre, neben dem reinen Text, wären noch die Aufwendungen. Also wir müssen im Antrag angeben, welche Personen sind daran beteiligt [00:31:00] und wenn noch externe Kosten anfallen, dann kann man zum Beispiel noch eine andere Firma dafür beauftragen, irgendeinen Teil hier für sie zu übernehmen, ob es eine Probenaufbereitung oder was auch immer ist. Typischerweise machen sie das alles selbst, aber ich sage es nur [00:31:15] nur an der Stelle, dass wenn sie planen ein anderes Unternehmen noch im Zuge der Entwicklung zu beauftragen für irgendwas, dass wir das auch noch mit anbringen. Wer wäre denn dafür mein Ansprechpartner für den Kostenteil und den Aufwendungsteil? Na gut, [00:31:30] Es läuft ja alles bei uns über die Personalabteilung. Ich werde das mit unserer Abteilungsleitung, mit der Frau Kühnlein, absprechen. Dann gebe ich diese Info an unsere Personalabteilung und die pflegen das ja dann alles [00:31:45] Ja, das passt dann. Für mich war es nur wichtig, Frau Kehl, ob Sie das wieder machen. Alles klar. Okay, gut. Dann wäre ich tatsächlich fertig mit XXL, Katze, Hund, Pferd. Vielen Dank für den sehr wertvollen Input und [00:32:00] Die nächsten Schritte sehen dann so aus, wir arbeiten den Antrag aus. Wir unterliegen einer strikten Zeichenbegrenzung, also nicht über die kürze Wundern. Das sind 800 Zeichen pro Kapitel, das wir jetzt gerade durchgesprochen haben, also fünf mal 800 Zeichen und dann [00:32:15] werde ich Ihnen das per E-Mail zuspielen. Wir haben noch ein begleitendes Portal, das sogenannte IMS-Portal, in dem der Antrag auch abrufbar ist. Ich kann Ihnen da gerne einen Account machen, wie Sie das möchten. Ich schicke Ihnen auch per E-Mail zu. Dafür [00:32:30] möchte ich nur noch die E-Mail Adressen, weil Frau Kehe, sie hatten die E-Mails, sie hatten die Einladung ja weitergeleitet. Ja oder ist es einfacher, wenn es über mich läuft, ich verteile es dann an euch und hol mir die Info wieder und gebe es zurück, was meint ihr zwei? Find ich gut, sonst vergisst man mal irgendwann jemand im [00:32:45] Wenn jemand im ÖCC wundert sich, warum er nicht mehr auf Stand ist. Perfekt, wunderbar. Dann Frau Kehl bekommt den Antrag. Wenn es kein weiteres Thema mehr gibt bei Ihnen Frau Kühnlein und Frau Van der Velja, dann wären [00:33:00] wir da auch schon durch. Jetzt habe ich eine Frage, ihr macht jetzt die Resistenzen noch Alex? Ja genau. Kommt da noch jemand mit rein? Nein. Okay alles klar. Du brauchst uns nicht? Nee. Also in dem System habe ich durchschaut [00:33:15] Ja und im Projekt Resistenzen bin ich praktisch nicht drin. Ja genau. Okay gut dann heißt es wir müssen jetzt auflegen einfach drücken oder? Richtig dann sind sie automatisch draußen. Okay danke schön und dann wünsche ich euch ein gutes Gelingen [00:33:30] Und dann wünsche ich Ihnen ein gutes Gelingen. Danke, tschüss [00:33:45] Ich hatte jetzt auch schon Gespräche zu den Fagenpräparaten zur Behandlung von Antibiotikaresistenzen, bakteriellen Infektionen. Geht es jetzt bei den Resistenzen auch darum? Nein, [00:34:00] Das ist was komplett anderes. Alles klar, nur zur Einordnung. Ja, ja, genau. Unter welchem Namen läuft das jetzt im Moment? Resistenzen? Vielleicht können wir es Leishmanienresistenzen nennen. Weil es eigentlich hauptsächlich um Leishmanien geht. [00:34:15] Könnten Sie mir das kurz in den Chat reinschreiben? Wo ist der denn hier? Oben links steht Chat. Also bei mir zumindest. Ich weiß nicht, ob es bei Ihnen etwas anders aussieht. Aber Sie haben da so eine Menüleiste in Teams. Ja. [00:34:30] Und da ist so eine Suchtfrage. Ach, Unterhaltung. Besprechungstit. Eine Nachricht eingeben. Gleich mal. Ah ja, ok, per [00:34:45] Ja, ok, perfekt. Also ich muss mal schauen, ob es von den Zeichen her vielleicht zu lang ist. Sonst nenne ich es vielleicht nur Leishmanien oder sowas. Oder Larchresistenz, sowas. Perfekt, ja. Dann [00:35:00] würde ich tatsächlich gerne einfach wieder mit der Bildschirmteilung fortfahren. Ich denke, das ist ein bisschen strukturierter immer. Klasse. Genau, dann gehen wir mal auf das, oder beziehungsweise das erste ist ja immer die [00:35:15] Laufzeit. Wann hat uns das Projekt begonnen? Also wir haben so Mitte letzten Jahres angefangen, Ende letzten Jahres, aber ich würde vielleicht trotzdem, ja, nee ich denke wir fangen trotzdem auch Januar 23 [00:35:30] an und lasst es dann für drei Jahre laufen. Alles klar, 23, 24, 25 bis Ende Juni. Perfekt, okay dann wenn wir wieder mit dem Ziel des Vorhabens beginnen. Also [00:35:45] Ich hole ein bisschen aus, Leishmanien sind Parasiten, die über verschiedene Mücken übertragen werden. Das heißt die Hunde werden gestochen von den Mücken, bekommen dann diese Leishmanien, die dann zu einer Leishmaniose führen. Und das Ganze kann auch [00:36:00] den Menschen treffen. Das ist im Moment ein hauptsächliches Problem noch in südlichen Ländern, also Südeuropa. Allerdings durch den Klimawandel kommen natürlich dann auch diese Mücken immer weiter Richtung Norden, die quasi diese Larchmanien [00:36:15] übertragen und dadurch wird es über kurz oder lang sehr wahrscheinlich auch ein Problem in Deutschland werden. Das heißt der Hund hat an dieser Leishmanien die Mücke sticht in, nimmt quasi wieder die Eier davon auf und gibt es immer so weiter [00:36:30] Es gibt nun verschiedene Medikamente, die für die Behandlung von den Hunden genommen werden. Allerdings bilden diese Leishmanien sehr schnell Resistenzen dagegen aus. Unser Ziel wäre nun eine Probe [00:36:45] von einem Hund zu bekommen, nachzuweisen, dass er Leishmanien hat und gleichzeitig diese Leishmanien zu untersuchen, ob die schon bestimmte Resistenzgene beinhalten, damit der Arzt dann gleich das andere Medikament nehmen kann, anstatt ein Medikament, so wie bei [00:37:00] den Bakterien letzten Endes auch, anstatt eben das falsche Medikament zu geben, was zum einen nicht wirkt, zum zweiten dazu führt, dass ja noch mehr resistente Leishmanien sich bilden, um das eben zu vermeiden. Das wäre so das Ziel, dass man quasi den Tierärzten [00:37:15] Ärztin ein Tool gibt und sagt schickt uns eine Probe. Wir untersuchen hat das Tier Leishmanien und haben diese Leishmanien die das Tier hat Resistenzgene um dann sagen zu können welches Medikament eben am besten ist. Wunderbar vielen Dank. [00:37:30] Auf welcher Basis soll die Untersuchung der Resistenzen oder allgemein der Probe erfolgen? Es gibt schon ein paar Veröffentlichungen, da gibt es viele Gruppen, die daran arbeiten, welche Gene für die Resistenzen verantwortlich sind [00:37:45] Es gibt schon ein paar Veröffentlichungen, da gibt es viele Gruppen, die daran arbeiten, welche Gene jetzt für die Resistenzen verantwortlich sind. Es gibt häufig auch keine Veränderung in den Genen, sondern eine Copy Number Variation [00:38:00] Also diese Gene sind dann entweder vermehrt oder sie sind gar nicht mehr da und dadurch kommt es eben zu dieser Resistenz und das soll eben auf Basis von diesen wissenschaftlichen Veröffentlichungen untersucht werden. Und [00:38:15] Was wir auch machen wollen ist wieder über Next Generation Sequencing quasi das ganze Genom von den Laschmannen untersuchen. Also der erste Ansatz wäre gezielt erst mal nach den Genen zu suchen, die in den Veröffentlichungen stehen. Und da auch zu gucken können wir das dann [00:38:30] auch noch mal nachweisen. Sprich wir würden dann auch noch mal die Tierärzte fragen, sind diese Hunde bereits therapiert, seht ihr da auch eine Resistenz gegen Aluporinol zum Beispiel und wir können schauen, ja wir sehen auch das was in der wissenschaftlichen [00:38:45] Publikation steht, dass das und das Gen eben häufiger da ist oder nicht. Und wir wollen aber dann auch die kompletten Genome von der Leishmane untersuchen, um zu schauen, vielleicht finden wir noch mehr Gene, die relevant sind. Und das würde das Produkt einfach [00:39:00] einfach auch attraktiver machen, wenn man nicht sagt, okay ich schaue nur nach einer Aluporinolresistenz oder nur nach einer Miltephoranresistenz, sondern ich schaue mir wieder alles an und ich kann dir dann sagen, ja die und die Resistenzen [00:39:15] sind vorhanden und das und das brauchst du gar nicht. Perfekt, vielen Dank. Könnten Sie einmal darauf eingehen, wie Sie letzten Endes charakterisieren wollen, ob [00:39:30] weitere Gene relevant sind, wenn die praktisch noch nicht veröffentlicht werden. Gibt es da bestimmte Muster, die sie dann praktisch rauslesen aus den Veröffentlichungen und das dann übertragen auf das weitere [00:39:45] Moment, irgendwas ist jetzt gerade bei mir passiert. Ich sehe sie nicht mehr richtig. Also wir würden über das Next Generation Sequencing halt das ganze genau anschauen. [00:40:00] Ja klar, dadurch dass es häufig eben so Copy Number Variations sind, würde man den Fokus erst mal darauf legen, ob man sowas eben bei anderen Genen auch sieht. Aber man würde auch Variationen wie jetzt eben diese Snips zum Beispiel mal gucken, ob man die in [00:40:15] bestimmten Genen gehäuft, in bestimmten resistenten Leishmanne eben sieht oder nicht. Und die Charakterisierung, welche Resistenz auf welches Medikament Unverträglichkeit oder beziehungsweise Unwirksamkeit sich bezieht, würden Sie das [00:40:30] Reihen durch vorhandenes Wissen, durch Rücksprache mit den Tierärzten identifizieren oder gibt es da auch irgendwie von der Wirkweise des Medikaments einen direkten Rückschluss auf die Änderung des Genoms? Also [00:40:45] Wir würden zum einen das über Fragebögen oder Rücksprache mit den Tierärzten versuchen zu evaluieren. Man kann diese Leishmanien auch in Zellkultur halten. Das heißt wir könnten von einigen Proben dann quasi auch uns Zellkulturen anlegen von den Leishmanien [00:41:00] Und dann gibt es In-Vitro-Tests, ob eben diese Leishmanien noch ansprechen auf bestimmte Medikamente oder nicht. Ähnlich wie bei den Bakterien, wo man dann eben auch Antibiotika drauf tut und schaut, wachsen die noch oder nicht. So etwas gibt es auch für die Leishmanien in Zellkulturen. Und man [00:41:15] Man kann dann auch natürlich biochemisch gucken, was das macht. Ist es realistisch, dass es irgendwie einen Zusammenhang hat oder nicht? Da gibt es dann einen bestimmten Begriff für diese biochemische Vorgehensweise. Falls es [00:41:30] vorgehensweise also ein fachwort dafür gibt dann hätten sie noch ein paar zahlenwerte für mich also was als zielvorstellung hier angebracht werden kann [00:41:45] Schwierig. Fällt mir ehrlich gesagt gar nichts ein in dem Fall. Gegenfalls auch Sensitivität und Spezifizität, so was ist immer ein Klassiker? Ja, das ist halt ein Problem [00:42:00] in dem Fall, weil ich ja nicht weiß, was mein Goldstandard wäre. Also ich muss ja immer gucken, was sagen die Tierärzte. Gut, ich könnte da halt sagen, ich will eine 80-prozentige Übereinstimmung. Wenn der Tierarzt sagt, ja ich sehe da eine Resistenz, dann will ich es auch zu 80 Prozent in meinem [00:42:15] Untersuchungsgut sehen, das könnte man vielleicht sagen. Dann vielleicht auch bezogen auf die Resistenzen, also wie ist die 80 Prozent, dieser 80 Prozent Wert bezieht [00:42:30] bezieht sich der auf ich erkenne überhaupt ob Leishmanien vorliegen ja oder nein oder ich erkenne Resistenzen. Ich erkenne Resistenzen, also die Leishmanien die muss ich auf jeden Fall erkennen da haben wir ja auch schon andere Tests, das ist ja schon etabliert, [00:42:45] Es geht jetzt wirklich darum zu schauen, ob die eben resistent sind oder nicht. Also 80 Prozent. Ich würde sagen, 80 Prozent der Proben, die von den Tierärzten als resistent bezeichnet werden, möchte ich dann quasi auch ein Resistenzgen finden. Vielleicht kann man das so sagen. Ich dachte, dass [00:43:00] Ich dachte, dass Sie das erstmal mit einer NLGS sozusagen detektieren, aber das machen Sie praktisch über klassische Methoden. Alles klar. Gut, dann würde ich gerne auf die Abgrenzung zum Wirtschaftszeug eingehen. [00:43:15] eingehen? Wie wird es klassischerweise betrachtet und was ist jetzt neu? Für diese Resistenzen gibt es noch gar keinen Test. Es wird wirklich so gemacht, dass die Tierärzte dann, wenn eine Leishmanieninfektion [00:43:30] gewiesen wurde, die geben halt Medikamente. Da gibt es quasi Vorgaben, wie man das am besten machen soll, so Standardprozedere quasi und dann beobachten die halt das Tier, die messen dann immer wieder, wie hoch ist die Leishmanienlast und stellen [00:43:45] entsprechend halt dann die Medikamente ein, machen höheres Konzentration oder nehmen eben andere Medikamente. Aber eine Untersuchung die ihnen sagt, nehmen das und das, da ist eine Resistenz da, sonst gibt es überhaupt gar nicht. Wunderbar, [00:44:00] Vielen Dank. Gibt es sonst noch, also das ist jetzt Bezug auf die Resistenzen, vielleicht noch kurz in Bezug auf NGS, wurde das schon mal eingesetzt, um Lechmanien allgemein zu untersuchen? Ne, [00:44:15] Das wurde schon eingesetzt, nicht bei uns, aber da gibt es Publikationen dazu, die das eben gemacht haben. Zum einen um die Leishmanien, da gibt es verschiedene Stämme, um die zu differenzieren, so epidemiologische Untersuchungen. Und auch in Richtung Resistenzen [00:44:30] wurde dann schon mal geschaut, aber das ist eine rein wissenschaftliche Publikation. Alles klar, dann können wir uns darauf beziehen, dass NGES bisher rein für Grundlagenforschung eingesetzt wurde, aber noch nicht kommerziell. Ja. [00:44:45] Wissen Sie auch, ob das dann auch, also hier haben wir nicht nur, dass die Leishmanien untersucht werden mit NGS und das auch praktisch auf Basis einer Tierprobe sozusagen charakterisiert werden soll, kann man das auch [00:45:00] noch als Abkämpfung zu bestehenden NGS-Untersuchungen anbringe? Also wie gesagt, bestehend in der Diagnostik gibt es ja gar nichts. Aber Sie meinen jetzt zur Grundlagenforschung. Ja, da wurden die Leishmanen auch immer angezüchtet. In der Zellkultur [00:45:15] wurden nur die untersucht. Das stimmt, das ist dann nochmal ein Schritt, den wir auch noch gehen müssen, weil wir direkt aus der Probe dann quasi diese Untersuchung machen wollen und dann eventuell ja wieder viel Hintergrund durch die genomsche DNA haben. Das wäre so ein Risiko dann auch. Ja perfekt. [00:45:30] Perfekt. Dann wäre das nächste Kapitel die Abgrenzung zu den Technologien bei Ihnen. Hier müssen wir uns dann allgemein einmal auf Leishmanien beziehen und dann eben einmal auf NGS. [00:45:45] Wir weisen die Leishmanien an sich nach in verschiedenen Probenmaterialien über klassische PCA oder Real-Time-PCA, aber halt noch keinerlei Resistenzgene. Das wäre ja quasi dann die Neuerung. Und über NGS machen wir im Moment noch keine Untersuchungen [00:46:00] von irgendwelchen Parasiten, sondern wir machen eben diese DNA-Profile, so wie vorhin besprochen, aus genomischer DNA. Aber Untersuchungen von Parasiten ist bisher noch nicht. Beziehungsweise dieses andere Projekt mit Infecto-Scan, das geht ja auch in diese Richtung [00:46:15] Auch in diese Richtung, das ist ja aber auch komplett in der Entwicklung, dass wir eine Probe untersuchen wollen und da welche Erreger drin sind. Alles klar Hier könnte man bei NGS dann eben auch noch mal [00:46:30] darauf eingeht, dass sie tierische Proben nicht nur untersuchen, sondern sie die Leishmanien daraus isolieren. Oder zumindest für die Probenaufbereitung. Das macht ja einen Unterschied. Man müsste die Probenvorbereitung [00:46:45] Dann so anpassen, dass hauptsächlich die Parasiten-DNA isoliert wird, damit man die gezielt sequenzieren kann. Dass man nicht so viel Hintergrund hat, dass es dann verloren geht. Das ist ja auch so ein Teilprojekt von diesem Infecto-Scan, aber da ist es ja mehr auf Viren und das sind [00:47:00] und das sind ja Parasiten. Ja alles klar gut kann man auch pauschal sagen dass erstmalig bei ihnen Parasiten aus tierischem Material charakterisiert werden sollen über NGS [00:47:15] Ja, definitiv. Alles klar, dann würde ich auf den letzten Punkt, nämlich auf die Risiken gerne eingehen. Ja, also ein Risiko ist, dass innerhalb von einem Tier mehrere Stämme vorkommen können. Also [00:47:30] Die werden ja öfters gestochen und können dann eben verschiedene Leishmanien Stämme in sich tragen, von denen dann vielleicht auch nur ein Teil resistent ist und der andere nicht. Da muss man eben dann schauen, dass man auch wirklich alles [00:47:45] abgebildet bekommen, dass man diese Variante eben dann auch sehen kann. Das wäre ein Risiko. Das zweite wäre, dass die Publikationen nicht korrekt sind, weil wir wollen ja am Anfang erstmal speziell [00:48:00] die Gene schauen, die in den Publikationen stehen. Könnte ja sein, dass da Fehler drin sind, dass wir zwar die Gene nachweisen, aber das nicht mit der Klinik korreliert, also da eigentlich gar keine Resistenz vorhanden ist. Das könnte sein. Und [00:48:15] Wenn wir dann NGS machen, kann es natürlich auch wieder sein, so wie bei dem Infektionsscan, dass wir halt zu viel genomische DNA drin haben. Wir müssen die ganzen Aufbereitungen vorher halt dann wieder anpassen an diese Parasiten. Oder dass wir da auch [00:48:30] auch von der Sensitivität nicht hinkommen, dass wir alle Resistenzgene abbilden können. Könnten Sie die Sensitivität auch noch quantifizieren? Dann hätten wir hier noch einen Zahlenwert. [00:48:45] die Sensibilität von den Resistenzen dann wieder. Ja genau. Ja ich meine 80 % Sensibilität ist schon immer sowas was man eigentlich anstrebt. Okay gut was ist denn ein Lösungsansatz damit sie diese genomische DNA also [00:49:00] damit sie die genomische DNA möglichst gut herausbringen? Es soll ja auch über Infectoscan ausprobiert werden, ob es da Methoden gibt, damit man das abtrennen kann. [00:49:15] Da bietet die Firma Nanopore verschiedene Rezepte dazu an. Aber das ist natürlich alles für den humanen Bereich. Da muss man erst mal schauen, ob das eben in dem tierischen [00:49:30] Bereich auch geht. Wenn es ganz schlimm läuft, kann man die Leishmanien auch in einer Zellkultur anziehen und dann quasi die speziell halt untersuchen. Das wäre aber sehr sehr aufwendig, sehr sehr teuer. Da muss man sich fragen, ob man das Projekt dann überhaupt noch [00:49:45] weiter machen will. Das heißt, man könnte als Risiko eigentlich auch anbringen, dass die ganze Technik zwar für Leishmanien in der Zellkultur funktioniert, aber letzten Endes [00:50:00] die Tierprobe letztendlich einfach nicht realisiert werden kann. Ja, richtig. Besser. Zu den Aufwendungen. Wissen Sie, wie viele Personen da circa drauf arbeiten sollen? Ja, also wir machen es dann wieder über die Personalabteilung. Prinzipiell werde [00:50:15] Ich werde da relativ viele Stunden haben. Dann hat noch ein Tierarzt aus der klinischen Chemie da Stunden und wir brauchen natürlich noch Labor und es wird denke ich mal noch ein zweiter Tierarzt aus entweder aus meiner Abteilung oder aus dem klinischen Chemie [00:50:30] damit der den Kontakt zu den Tierärzten draußen haben kann. Alles klar, dann nur einen groben Überblick, das heißt vier Personen zu keine Ahnung zehn bis 15 Prozent vielleicht. Ja so. [00:50:45] Okay, kommen irgendwelche Unteraufträge hier noch mit rein? Also da wird es bestimmt Kooperationen geben, aber eher mit Unis und da hat man ja dann eigentlich keine Rechnungen. Also wenn Sie die Uni nicht bezahlen, dann ist das auch nicht relevant. Ja, ja, genau. [00:51:00] Ja genau, ich überlege bloß gerade so laut vor mich hin. Deswegen glaube ich eigentlich nicht im Moment. Okay perfekt, dann bin ich mit meinen Fragen auch hier schon durch. Gibt es noch ein weiteres Vorhaben oder wäre es das dann erstmal? [00:51:15] Ich glaube das wäre es dann erstmal. Ganz neue Sachen werden dazu kommen. Das andere mit dem Infektionsscan, da hatten sie ja noch mal was geschickt. Bloß den einen Satz würde ich raus. [00:51:30] Genau, da wollte ich noch mit Ihnen sprechen, weil wir müssen natürlich mal schauen, dass wir den Text füllen, ob es dann vielleicht einen Ersatz gibt für die Streichung. Ich weiß jetzt nicht, auf was Sie da abzielen. Ich muss das wahrscheinlich nochmal aufmachen. Weil es ja nicht das machen lässt, eben das [00:51:45] heute hier mit der EDV. Genau, ich kann aber auch kurz Ihre E-Mail sonst teilen. Ja vielleicht geht es so am schnellsten. So, genau. Ja, wenige Screening mit der EDV [00:52:00] Ja, wenige Screening-Methoden, die sich auf Hund oder Katze ergeben. Ich weiß jetzt nicht, auf was sie da eigentlich abzuholen. Wir wollten ein bisschen die Abgrenzungen zum Stand der Technik [00:52:15] darstellen, also wie wird das nach Statistik gemacht, also wie viel der Statistik eben nicht ausreicht. Also was wir machen, das sind ja keine Screening Methoden, sondern das sind auch wieder wie [00:52:30] sondern das sind auch wieder wie Pakete. Aber das müsste man ein bisschen anders formulieren. Wenn quasi dem Hund die Nase läuft, dann machen wir halt Herpes Calypso, dann gibt es schon so vier, fünf typische Erreger, die man da macht. [00:52:45] Also das sind eher so Pakete, die dann spezifisch sind für bestimmte Symptome. Aber halt nie alles abdecken, was da sein könnte. Vielleicht kann man das ein bisschen umformulieren einfach nur. Ja, das heißt man muss eigentlich [00:53:00] schon mal eine Eingangs-Guess haben und spezifisch darauf untersucht man dann. Aber man untersucht nicht das gesamte Genom. Richtig, ja. Okay, formulieren wir um. Gut, haben wir es gemacht. Klasse. Ja, wunderbar. Ja, [00:53:15] Wir hatten noch das mit der Mutation, Antimutation oder so haben sie es genannt. Also damit habe ich so insgesamt noch ein bisschen Bauchschmerzen, weil es ist ja eigentlich schon so, dass wir schon ganz ganz viele Erbkrankheiten etabliert haben und ja [00:53:30] eigentlich dieser Prototyp, so wie es vorhin auch beschrieben haben, ja schon längst irgendwie da ist und wir das immer wieder halt nur erweitern um neu veröffentlichte Sachen. Klar erweitern wir auch mal unsere Methoden oder die die Möglichkeit halt jetzt diese strukturellen [00:53:45] Varianten abzubilden, aber ich weiß nicht, ob wir da so viele Stunden zusammenbekommen, wenn ich das wirklich darauf konzentriere. Da muss ich mich nochmal mit der Frau Kühler, mit meiner Abteilungsleitung kurz schließen, wie wir das machen können, ob wir da vielleicht einen anderen [00:54:00] Schwerpunkt noch irgendwie machen können, dass wir da ja dass man das irgendwie anders also das würde ich im Moment erst mal so ein bisschen hinten anstellen obwohl es eigentlich das Projekt ist das ja rückwirkend ist alle anderen sind jetzt eigentlich gar nicht rückwirkend von der Zeit her bis auf dieses Encore Wett [00:54:15] Aber da würde ich mich so die nächsten drei, vier Wochen mal mit der Frau Kühnlein zusammensetzen und dann würde ich Ihnen nochmal Rückmeldung geben. Alles klar, also wenn wir den Fokus abändern können, wie zum Beispiel [00:54:30] Was das? Mutationen, genau. Das können wir relativ leicht integrieren. Aber da geben Sie mir dann einfach eine Meldung dazu. Ja. Klasse. Wunderbar. Dann herzlichen Dank, Frau Kehl, dass Sie sich Zeit genommen haben. Und dann wünsche ich Ihnen noch eine schöne Woche. Ebenso. Tschüss. Danke. Tschüss.