

## **baseclick GmbH bringt ein neues und hocheffizientes Analyseverfahren für SARS-CoV-2 Mutationen auf den Markt**

Wie die schnelle Ausbreitung die neu auftretende SARS-CoV-2 Virusvariante B.1.1.7 in Großbritannien und anderen Ländern zeigt, können Veränderungen im Genom des SARS-CoV-2 Virus zu neuen biologischen Eigenschaften führen.

Die meisten der bisher aufgetretenen ca. 12.000 Mutationen im Gesamtgenom des SARS-CoV-2 Virus spielen kaum eine Rolle in der biologischen Veränderung des Virus. Bei den ca. 4.000 Mutationen, die im sogenannten Spike Protein (S) identifiziert wurden spielen einige dieser Mutationen eine entscheidende Rolle in Bezug auf Infektiosität, Krankheitsverlauf und Immunogenität. Dies führte im Frühjahr 2020 über die Mutation D614G zu einer erhöhten Infektiosität. Die Mutation A222V, auch genannt Spanischer Stamm (20A.EU1) führte im Sommer 2020 zu einer erneuten Steigerung der Infektiosität und auch verstärkten Krankheitsverlauf. Die im November 2020 erstmals nachgewiesene Mutation N501Y-del69-70 im B.1.1.7 in Großbritannien hat erneut zu ein Steigerung der Infektiosität geführt. Auch wurde mit dem Auftreten dieser neuen Virusstämme vermehrt Reinfektionen beobachtet. Mit dem Auftreten dieser neuen Virusstämme wurde auch die Wirksamkeit der Impfstoffe bei den gerade begonnenen Impfung neu diskutiert und wird nun untersucht.

Deshalb ist es zunehmend wichtig zur Eindämmung und zum Management des Infektionsgeschehens nicht nur den allgemeinen Nachweis einer SARS-CoV-2 Infektion z.B. durch PCR Diagnostik durchzuführen, sondern auch eine genetische Analyse des infizierenden Stammes vorzunehmen.

Die Analyse beruht bisher auf Sequenzierverfahren, deren Grundlage das Amplicon-Verfahren ist. Der für die Infektiosität, Krankheitsverlauf und Immunität verantwortliche Genomabschnitt wird zunächst in sehr viele kleine Abschnitte zerlegt. Diese Abschnitte werden dann sequenziert und über mathematische Verfahren die Nukleotidsequenz und eventuelle Mutationen bestimmt. Damit lassen sich mögliche neue Virusvarianten bestimmen. Die baseclick hat dazu ein neues und effizienteres Verfahren entwickelt.

**baseclick CEO Dr. Thomas Frischmuth: "Es ist eine gute Nachricht, dass baseclick zum jetzigen Zeitpunkt, in dem durch das vermehrte Auftreten von neuen SARS-CoV-2 Virusstämmen sich der wissenschaftliche Fokus auf SARS -CoV-2 Mutationen richtet, eine hocheffiziente Analysemethode fertig entwickelt hat. Mit unseren Sequenzierkit wird der für die Infektiosität, Krankheitsverlauf und Immunität verantwortliche Genomabschnitt in wenige Abschnitte zerlegt, womit eine direkte Zuordnung der Mutationen ohne mathematische Zwischenschritte möglich."**

Der von der baseclick GmbH entwickelte "Click Tech Single Strain Mutation Mapping Kit for Sars-CoV-2" liefert zusammen mit „Long Read“-Sequenzverfahren z.B. von Pacific Biosciences eine genaue genomische Zuordnung auftretender neuer Mutationen sowie eine Einschätzung der Häufigkeit neu auftretender Virusvarianten in der Bevölkerung. Mit dem Analyseverfahren ist es ferner möglich alle SARS-CoV-2 Mutationen, auch die in sehr geringer Frequenz auftretenden Mutationen, innerhalb eines COVID-19 Patienten zu identifizieren und dieses auch die über den Zeitverlauf der Krankheit.

**baseclick CEO Dr. Thomas Frischmuth: "Die Erforschung der SARS-CoV-2 Mutationen und neu auftretenden Stämme steht erst am Anfang. Mehr Wissen darüber wird in die Impfstoffentwicklung, Therapien und das Management dieser Pandemie einfließen, wir liefern hierzu einen neuen und entscheidenden Beitrag."**

### Über die baseclick GmbH:

Die baseclick GmbH mit Sitz in **Neuried bei München** ist ein führendes biotechnologisches Unternehmen und wurde 2008 aus der **Ludwig-Maximilian Universität** München von **Prof. Dr. Thomas Carell** ausgründet. Mit der sogenannte "Click Chemie", entdeckt von dem Chemie **Nobelpreisträger Prof. Dr. Barry Sharpless**, hat die baseclick GmbH unterschiedlichste Modifikation von Nukleinsäuren zur Anwendung gebracht. Die baseclick GmbH hat diese Technologie an zahlreiche weltweit führende Unternehmen auslizenziert. Die Technologie wird in vielen Produkten, wie EdU-Zellproliferations Kits, Modifikationen von Oligonukleotiden, Markierung von Nukleotiden für die „Next Generation Sequencing“ (NGS) Methode, mRNA Präparations-Kit für NGS Diagnostik-Applikationen und die Entwicklung von RNA basierten Medikamenten verwendet, unter anderem seit April 2020 zur Entwicklung eines COVID-19 Impfstoffes basierend auf einer Click Chemie zuckermodifizierten mRNA.

### Kontakt:

#### baseclick GmbH

Floriansbogen 2-4

82061 Neuried

Germany

Phone: +49 89 9699 3404

Email: [admin@baseclick.eu](mailto:admin@baseclick.eu)

Weitere Information unter [www.baseclick.eu](http://www.baseclick.eu)