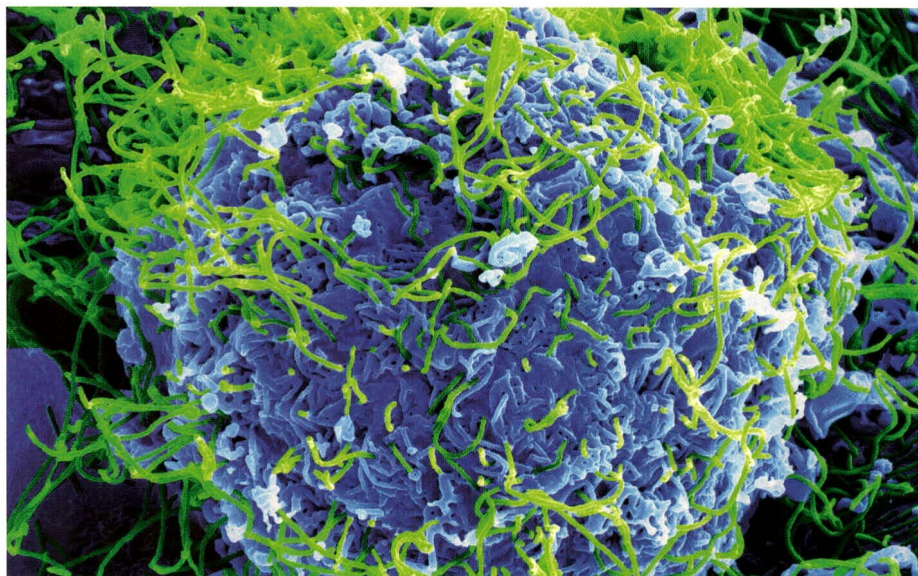


Gemuteerde **virussen te lijf** met nieuwe rekenmethode

CWI-onderzoekers ontwikkelden een nieuwe methode voor de genoom-reconstructie van gemuteerde virussen. Daarmee kunnen behandelingen van virusinfecties efficiënter worden.



Ebola virus (groen) op een niercel.

Virussen zoals HIV, zika en ebola muteren voortdurend. Zelfs gedurende een infectie ontwikkelen nieuwe haplotypen ofwel stammen van het virus in de patiënt. Op die manier past het virus zich aan zijn omgeving aan en is moeilijk te bestrijden. De gehele collectie van haplotypen in een infectie vormt een zogeheten virale quasi-soort. Door het genoom van de gemuteerde virussen en dus van de haplotypen te reconstrueren wordt de infectie in kaart gebracht en is een efficiënte behandeling een stap dichterbij.

GEEN REFERENTIE NODIG

Next generation sequencing is de aangewezen methode voor de haplotype-reconstructie van virale quasi-soorten. Daarvoor is doorgaans een referentiegenoom nodig, dat onderscheid maakt tussen meetfouten en de werkelijke genetische variatie, maar een referentiegenoom kan ook fouten veroorzaken door 'bevooroordeeld' te zijn.

Een referentiegenoom-vrije methode zou dus een uitkomst zijn. Dat is wat Jasmijn

Baaijens van het Centrum Wiskunde en Informatica in Utrecht tijdens haar promotieonderzoek heeft ontwikkeld. Zij schreef nieuwe algoritmen voor het 'de novo' (zonder referentie) reconstrueren van genomen zoals virale quasi-soorten door de zogeheten *overlap graphs* te gebruiken. De keuze voor deze techniek was bepalend voor het succes, aldus het persbericht, omdat het de enige manier blijkt om meetfouten van echte haplotype-specifieke mutaties te onderscheiden. De onderzoekers zeggen dat de nieuwe methoden de kwaliteit van de gereconstrueerde genomen door bestaande methoden verregaand overtreffen.