

Räumliche Gruppierung sequenzierter Tollwutproben mithilfe molekular-epidemiologischer Methoden

Susanne Fischer¹, Florian Pfaff², Conrad Freuling³, Thomas Müller³, Franz J. Conraths¹,
Timo Homeier¹

¹ Friedrich-Loeffler-Institut, Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit, Institut für Epidemiologie, Greifswald-Insel Riems, ² Friedrich-Loeffler-Institut, Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit, Institut für Virusdiagnostik, Greifswald-Insel Riems, ³ Friedrich-Loeffler-Institut, Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit, Institut für molekulare Virologie und Zellbiologie, Greifswald-Insel Riems

Kontakt: susanne.fischer@fli.de

Die klassische Tollwut gilt als eine der ältesten Zoonosen der Welt und fordert bis heute jährlich etwa 55.000 Todesopfer, diese vor allem in den Entwicklungsländern Asiens und Afrikas. Auch wenn die Erkrankung in Deutschland entsprechend der Statuten der OIE seit 2008 ausgerottet ist, erfordert die globale Situation weiterhin Achtsamkeit.

Um ein besseres Verständnis des vorangegangenen Ausbreitungsgeschehens der klassischen Tollwut zu erlangen, erfolgen epidemiologische Untersuchungen mittels Sequenzanalysen von Virusproben und den daraus abgeleiteten phylogenetischen Zusammenhängen. Die Basis dafür sind Datenbanken oder Datensammlungen sequenzierter Virusisolate, in denen die notwendigen Daten für die jeweiligen Auswertungen erfasst sein müssen. Dazu gehören u. a. die räumliche Herkunft des Isolates (so genau wie möglich), der Zeitpunkt der Isolation, die Wirtsspezies, aus der die Isolation erfolgte, und auch Angaben über Qualität und Methodik der Sequenzierung. Für die klassische Tollwut stehen demnach ca. 560 global verteilte Vollgenomisolate zur Verfügung. Eine globale Einteilung auf Basis dieser Isolate ist wichtig, da es keine offizielle Taxonomie gibt und verschiedene Studien daher bislang nicht vergleichbare Einteilungen getroffen haben. Für die Vereinheitlichung der Clustereinteilung wurde das affinity propagation clustering eingesetzt. Diese Methode ermöglicht es, eine eindeutige Anzahl an Verwandtschaftsgruppen, sogenannte Cluster, zu definieren. Der besondere Vorteil ist ihre Objektivität bei der Clustereinteilung. Für die verwendeten Vollgenome kann gezeigt werden, dass auf globaler Ebene die räumliche Herkunft der Isolate den größten Einfluss auf die Clustereinteilung aufweist. Dies kann die Grundlage für ein globales Klassifizierungssystem der Tollwutviren auf Vollgenomebene bilden und als Vergleichsbasis für Arbeiten mit Partialgenomen eingesetzt werden.