

Zuordnung von *Mycobacterium avium* subsp. *paratuberculosis* (MAP) Isolaten aus Deutschland zu globalen phylogenetischen Gruppen und epidemiologische Untersuchungen mittels WGS-SNP-based-Assay

Möbius, Petra (Jena)

Bisher wurden insgesamt 90 MAP-C-Genotypen (Rindertyp-Gruppe) mit Hilfe der kombinierten komplementären Genotypisierung (IS900-RFLP, MIRU-VNTR und MLSSR) für Isolate von Rindern und 8 weiteren Wirtsspezies aus Deutschland detektiert. Diese aufwändige Technik besitzt eine sehr hohe Diskriminierungskraft und ist sehr gut für epidemiologische Fragestellungen geeignet. In der vorliegenden Studie wurde mit Hilfe einer neuen auf WGS-SNPs basierenden Methode untersucht, welchen globalen phylogenetischen Gruppen die verschiedenen Genotypen bzw. Isolate aus Deutschland zugeordnet werden können und ob sich diese Methode auch für epidemiologische Untersuchungen eignet.

150 MAP-C-Typ Isolate, die 90 verschiedene Genotypen umfassten und von 9 Wirtsspezies aus 12 Bundesländern in Deutschland stammten, wurden mit Hilfe des „SNP-based assay“ (Leão et al., 2016) charakterisiert. Dabei wurden mit 14 verschiedenen PCR-Reaktionen und einem anschließendem Verdau oder der Sequenzierung des Amplifikationsproduktes die spezifischen SNPs ermittelt, welche eine Zuordnung von MAP-C-Typ Isolaten zu 14 möglichen phylogenetischen Gruppen ermöglicht.

Die untersuchten MAP-C Genotypen bzw. Isolate aus Deutschland gehörten zu 9 von 10 Untergruppen innerhalb der Subgruppe A und zur Subgruppe B, welche durch Leão et al. (2016) basierend auf einem Stammpanel aus verschiedenen Ländern weltweit definiert wurden. Die zahlenmäßige Aufteilung der Isolate innerhalb dieser phylogenetischen Gruppen unterschied sich von den Ergebnissen in der Arbeit von Leão et al. Es wurden zusätzlich viele Genotypen mit unbekanntem SNP-Profil gefunden, die phylogenetisch zur Subgruppe A gehören. Kein Isolat fand sich in der Bisongruppe wieder. Unabhängig von der geographischen Herkunft oder der Wirtstierspezies gehörten identische Genotypen in den meisten Fällen zur gleichen phylogenetischen Gruppe. Epidemiologische Verknüpfungen von MAP-Stämmen aus Rind und Rotwild, welche mit Hilfe der kombinierten Genotypisierung für das Gebiet des Eifel-Nationalparks in einer früheren Studie aufgedeckt wurden, konnten mit Hilfe des „SNP-based assays“ im Wesentlichen bestätigt werden.

Die Studie zeigt die phylogenetisch hohe Diversität von deutschen MAP-C-Typ Stämmen in einer globalen Dimension. Die Ergebnisse werden dazu beitragen, neue SNPs zu identifizieren, welche eine zuverlässige Eingruppierung weiterer bisher nicht zuordenbarer Stämme ermöglicht. Die Diskriminierungskraft des „SNP-based assay“ ist niedriger als die der kombinierten Genotypisierung-Methode. Für die Einschätzung der Nützlichkeit dieses Assays für epidemiologische Studien sind weitere Untersuchungen nötig.

Literatur: Leão et al. (2016) JCM 54:556-564.

Verfasser:

Dr. Petra Möbius, Friedrich-Loeffler-Institut, 07743 Jena, Naumburger Str. 96a; E-Mail: Petra.Moebius@fli.de

11. Stendaler Symposium des Landesamtes für Verbraucherschutz und der Tierärztekammer Sachsen-Anhalt: Tierseuchen und Tierschutz beim Rind vom 03. - 05. April 2019 in Stendal