

# Vorkommen von *Chlamydophila (Cp.) psittaci* in der Wildvogelpopulation – Gefährdung von Hausgeflügel, Ziervögeln und Mensch in der Schweiz?

Daniela Zweifel<sup>1</sup>, Richard Hoop<sup>2</sup>, Konrad Sachse<sup>3</sup>, Andreas Pospischil<sup>1</sup>, Nicole Borel<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Institut für Veterinärpathologie, Universität Zürich, Vetsuisse Fakultät Zürich, Schweiz

<sup>2</sup>Nationales Referenzzentrum für Geflügel- und Kaninchenerkrankungen, Universität Zürich, Vetsuisse Fakultät Zürich, Schweiz

<sup>3</sup>Nationales Referenzlabor für Psittakose, Friedrich-Loeffler-Institut (FLI), Jena, Deutschland

## Schlüsselwörter

Genotypisierung, Zoonose, ArrayTube Microarray, real-time PCR

## Problemstellung und Zielsetzung

Über die Verbreitung der Ornithose in der Schweizer Wild- und Zugvogelpopulation war bis anhin wenig bekannt. Das Ziel dieser Arbeit war es, die Verbreitung von *Chlamydophila (Cp.) psittaci* zu erforschen, herauszufinden welche Genotypen vorherrschend sind und abzuschätzen, ob ein Übertragungsrisiko auf Mensch und Hausgeflügel besteht.

## Material und Methoden

Für diese Arbeit standen Kloakentupfer von 527 Singvögeln und 442 Wasservögeln (diese stammen aus der aviären Influenza-Überwachung 2005/06), 84 Tauben (60 aus Luzern und 24 aus Zürich) und 38 Kormorane (Jagdsaison 2007/08, Dachsen ZH) zur Verfügung. Von 60 Tauben und den 38 Kormoranen wurden zusätzlich noch innere Organe (Leber, Lunge, Niere, Milz und Herz) entnommen. Alle Proben wurden zuerst mit der *Chlamydiaceae*-spezifischen real-time PCR untersucht. Die Proben mit positiven Ct-Werten wurden weiter mit dem ArrayTube Microarray für die Chlamydienidentifikation untersucht. Falls *Cp. psittaci* gefunden wurde, kam ein zweiter ArrayTube Microarray zur Anwendung, mit dem der Genotyp bestimmt werden konnte. *Chlamydiaceae*-positive, aber im ArrayTube negative Fälle wurden weiter mit der 16S rRNA PCR untersucht.

## Ergebnisse und Bedeutung

Zwei Kloakentupfer (96.7%) von den Tauben aus Luzern waren in der real-time PCR positiv und im ArrayTube konnte *Cp. psittaci* gefunden werden; einmal Genotyp B und einmal konnte der Genotyp nicht bestimmt werden. Bei den Tauben aus Zürich waren 10 von 24 positiv in der real-time PCR und eine Probe war fraglich positiv. Im ArrayTube konnte in sieben Fällen *Cp. psittaci* gefunden werden (Genotyp E in fünf Fällen, Genotyp B in einem Fall und ein Genotyp konnte nicht bestimmt werden); die anderen waren negativ im ArrayTube, zeigten in der 16S rRNA PCR allerdings eine 95-100% Homologie zu *Cp. psittaci*. Bei den Singvögeln waren 525 (99.6%) *Chlamydiaceae*-negativ. Bei den zwei positiven Fällen konnte einmal eine 92% Homologie zu *Chlamydia (C.) suis* und im anderen Fall keine Homologie zur Familie *Chlamydiaceae* gefunden werden. Bei den Wasservögeln ergaben 19 (4%) Proben (Reiherarten und Tafelenten) ein positives Resultat in der real-time PCR und in der 16S rRNA PCR wurde eine 90-92% Homologie zu *C. suis* gefunden. Die Kloakentupfer und inneren Organe der untersuchten Kormorane und Tauben waren negativ. Unsere Ergebnisse können folgendermassen zusammengefasst werden: Wasser-, Singvögel und Kormorane sind keine Ausscheider von *Cp. psittaci*. Ein Übertragungsrisiko von *Cp. psittaci* auf den Menschen geht von den Tauben aus, insbesondere dort, wo enger Kontakt besteht wie in Städten.

## Publikationen, Poster und Präsentationen

Zweifel D, Hoop R, Sachse K, Pospischil A, Borel N (2007) Prevalence of *Chlamydophila psittaci* in wild birds-potential risk for domestic poultry, pet birds and public health? International Meeting for Young Pathologists, Asti, Italy, 26th-28th of June, 2008 (presentation).

## Projekt 1.07.03

Projektdauer Februar 2007 – Februar 2009