

Genotypisierung von menschlichen und porzinen *Yersinia enterocolitica* Stämmen aus der Schweiz mit Amplified Fragment Length Polymorphism

Kathrin Kühni¹, Stephen L.W. On², Branko Kokotovic², Joachim Frey¹, Andreas Baumgartner³, Trudy Wassenaar⁴, Matthias Wittwer¹, Beatrice Bissig-Choisat⁵

¹Institute of Veterinary Bacteriology, ZOBA, University of Bern, CH-3000 Bern, ²Danish Institute for Food and Veterinary Research, Dept. of Microbiological Food Safety, Copenhagen, Denmark, ³Section of Microbiology and Biotechnology, Swiss Federal Office of Public Health, CH-3003 Bern, ⁴Molecular and Genomics Consultants, Zotzenheim, Germany, ⁵Laboratories, Federal Veterinary Office CH-3003 Bern, Switzerland

Schlüsselwörter

Yersinia enterocolitica, *Y. bercovieri*, *Y. intermedia*, Zoonose, Schweiz, Serotyp, Biotyp, Schweine, Schweinefleisch, AFLP, Genotypisierung

Problemstellung und Zielsetzung

Y. enterocolitica ist ein bekannter Zoonoseerreger und Schweinefleisch ist eine wichtige Quelle für Infektionen beim Menschen. In einer schweizerischen Studie wurde 2003 in Schweinefleisch aus dem Detailhandel bei 15.4% *Y. enterocolitica* nachgewiesen, jedoch nur 0,7% gehörten den potentiell pathogenen Biogruppen 2, 3 und 4 an. Am häufigsten wurde, das als apathogen eingestufte, jedoch immer wieder bei Menschen mit Durchfall gefundene Biovar 1A isoliert. Unser Ziel war es mittels Amplified Fragment Length Polymorphism (AFLP) bei *Y. enterocolitica* neue molekular-epidemiologische Erkenntnisse über das Biovar 1A zu erwerben.

Material und Methoden

Wir untersuchten mittels AFLP, 266 *Y. enterocolitica* Stämme, unterschiedlicher Biogruppen, isoliert von Menschen mit Durchfall und aus Kot und Fleisch von Schweinen. AFLP ist eine, auf dem ganzen Genom beruhende Fingerprinting-Methode.

Ergebnisse und Bedeutung

Die Clusteranalysen der Bandenmuster zeigten, dass sich die Biogruppen 1A, 1B, 2, 3 und 4 mit AFLP unterscheiden lassen. Die Biogruppen 2, 3 und 4 waren im Vergleich zu den anderen Biogruppen näher miteinander verwandt und zeigten ein beinahe klonales Muster. Die Biogruppe 1A zeigte ein sehr heterogenes Bandenmuster. Die 3 Gruppen von *Y. enterocolitica* Biovar 1A bestanden sowohl aus Isolat von Schweinen als auch von Menschen. Im grössten Cluster gab es 6 Stämme des Biovars 1A aus humanen Isolaten, die eine Ähnlichkeit von über 90% mit Schweineisolaten zeigten. Durch das hohe diskriminative Potential, eine Reproduzierbarkeit von 92% und die Möglichkeit viele Proben in kurzer Zeit zu analysieren, zeigte sich AFLP als wertvolles Instrument *Y. enterocolitica* zu genotypisieren. Es war mit AFLP jedoch nicht möglich pathogene von apathogenen Stämmen von *Y. enterocolitica* Biogruppe 1A eindeutig zu unterscheiden. Die grosse Verwandtschaft von humanen und porzinen Stämmen der Biogruppe 1A bestätigen Schweine als mögliche Infektionsquellen. Da die humanen Stämme der Biogruppe 1A aus Patienten mit Durchfall, die Schweine-Stämme jedoch aus gesunden Tieren stammten, im allgemeinen aber ausschliesslich das Enterotoxin *ystB* enthielten, nehmen wir an, dass Biogruppe 1A Stämme eine reduzierte Virulenz aufweisen und nur in besonders empfänglichen Individuen zur Erkrankung führen.

Publikationen, Poster und Präsentationen

Kühni, K. (2004) Genotyping of Human and Porcine *Yersinia enterocolitica* Strains from Switzerland by Amplified Fragment Length Polymorphism. Dissertation, Veterinär-Medizinische Fakultät, Universität Bern.

Kuehni-Boghenbor, K. et al. (2006) Genotyping of Human and Porcine *Yersinia enterocolitica*, *Yersinia intermedia*, and *Yersinia bercovieri* Strains from Switzerland by Amplified Fragment Length. Applied and Environmental Microbiology, 72: 6, 4061-4066.

Projekt 1.03.09

Projektdauer März 2003 - Oktober 2004