



## JETZT NEU BEI VAXXINOVA DIAGNOSTICS

### :: Erweiterte Pathotypisierung *Streptococcus suis* mittels Multiplex-PCR

*Streptococcus suis* ist ein ubiquitär vorkommendes Bakterium, das von Schleimhäuten gesunder Schweine isoliert werden kann. Als Krankheitserreger ist es mit Meningitis, Arthritis, Sepsis und Serositis sowie möglicherweise auch mit dem *porcine respiratory disease complex* assoziiert. Kann *S. suis* aus primär sterilen Organen (z. B. Gelenke, Hirnhäute, Serosen) klinisch erkrankter Tiere isoliert werden, ist die Frage nach der Beteiligung häufig klar – schwieriger wird die Beurteilung z.B. im Respirationstrakt, da der Erreger hier auch als Kommensale vorkommt. Die weite Verbreitung und die große Heterogenität (29 anerkannte Serotypen, > 1.500 *Multi Locus Sequence Typing*-Typen) haben bislang verhindert, dass kommerzielle Vakzinen verfügbar sind und bestandsbetreuende Tierärzte oft vor der Herausforderung stehen, die klinische Bedeutung isolierter *S. suis*-Stämme zu beurteilen.

Hierfür haben Wileman *et al.* einen neuen Ansatz gewählt. Zur Beurteilung „pathogen/apathogen“ fand eine Auswahl unter 497 Genen in Abhängigkeit vom Phänotyp der Tiere (erkrankt vs. tonsillärer Träger) an einer Sammlung von *S. suis*-Feldisolaten statt. Die zu erfüllenden Kriterien für jedes der 497 Gene, um als potentieller Marker verwendet zu werden, waren dabei das gehäufte Vorkommen (>50%) in Isolaten eines Phänotyps, eine Mindestlänge des Gen(abschnitt)s sowie die Bedingung, nicht auf einem mobilen genetischen Element lokalisiert zu sein. So konnten schließlich zwei Gene mit Erkrankung und ein Gen mit Kommensalismus (tonsillärer Träger) assoziiert werden (siehe Abbildung 1).

Abb. 1

#### Definition pathogener & apathogener *S. suis*-Isolate mittels PCR

Quelle: Thomas M. Wileman *et al.* *J. Clin. Microbiol.* 2019

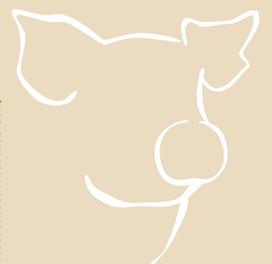
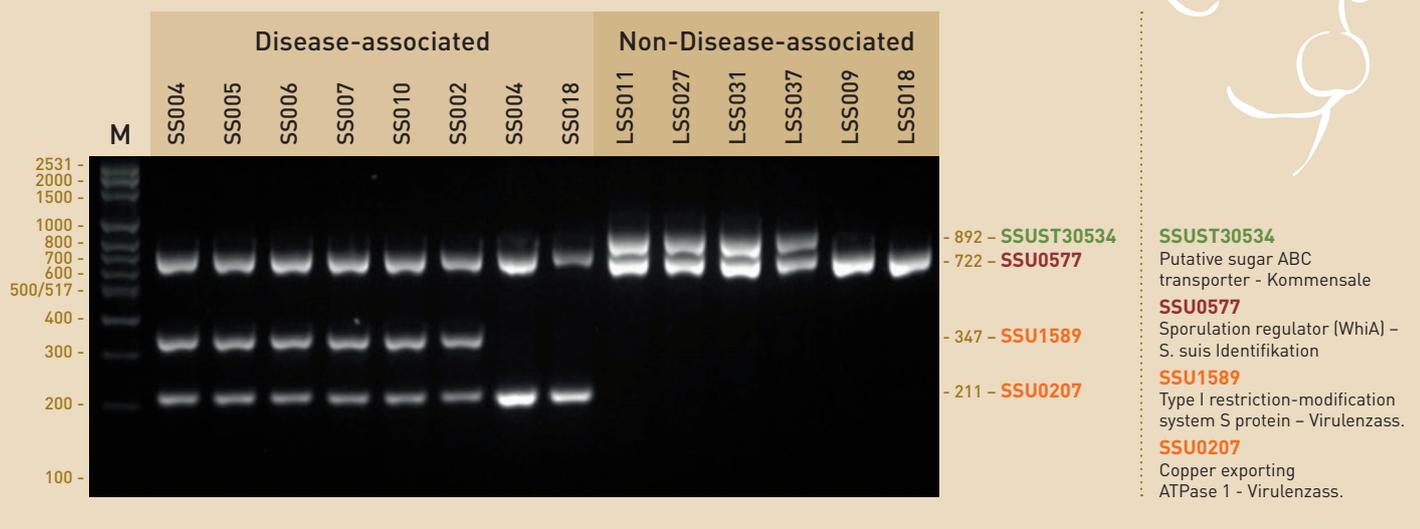




Abb. 2

### Performance *sly*, *mrp*, *epf*

Quelle: Thomas M. Wileman et al. J. Clin. Microbiol. 2019

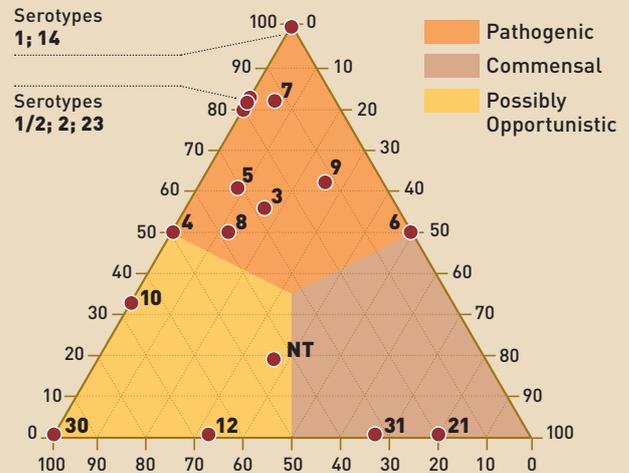
		Klinischer Phänotyp			
		50 Total population	23 <b>KRANK</b>		
Virulence-associated markers: <i>epf</i> , <i>mrp</i> & <i>sly</i>	48 <i>epf</i> , <i>mrp</i> , <i>sly</i> positiv	22 richtig positiv	26 falsch positiv	0.46 Positive predictive rate	0.54 False discovery rate
	2 <i>epf</i> , <i>mrp</i> , <i>sly</i> negativ	1 False negative	1 True negative	0.50 False omission rate	0.50 Negative predictive rate
		0.96 False positive rate	0.96 False positive rate	0.62 F1 score	
	0.04 False negative rate	0.04 True negative rate			

Die neuartigen „Pathogenmarker“ wurden vergleichend mit traditionell genutzten Genen wie *mrp*, *epf* und *sly* untersucht, ebenso wie mit technisch aufwändigeren Methoden, z.B. dem *minimum core genome clustering*. Interessanterweise zeigte die Studie für die etablierten Gene *sly*, *mrp* und *epf* einen positiv prädiktiven Wert von nur 0.46, d.h. mehr als die Hälfte der mit diesen Markern als virulent beurteilten Isolate waren nicht mit dem Phänotyp „krank“ assoziiert (siehe Abbildung 2).

Abb. 3

### Verteilung Serotypen pathogen/kommensal

Quelle: April A. Estrada et al. J. Clin. Microbiol. 2019

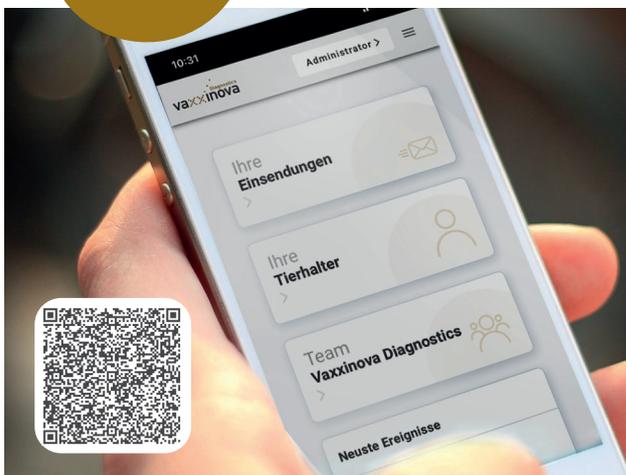


Wileman *et al.* konnten mithilfe der von ihnen gewählten Gene (SSU1589 und SSU0207, Abb. 1) hingegen einen positiv prädiktiven Wert von 1.00 erzielen. Damit bietet das Verfahren eine ebenso hohe Leistung wie die aufwändigeren Vergleichsmethoden. Besonders Serotypen, die eine variable/isolat-spezifische Pathogenität zeigen und sich nicht so homogen darstellen wie die Serotypen 1 und 14, lassen sich mithilfe dieser neuen Pathotypisierung besser auf ihre Tauglichkeit im Hinblick auf autogene Impfstoffe beurteilen (siehe Abb. 3 – „Spitze“ der Pyramide mit 100% pathogenen Isolaten und 0% Kommensalen im Gegensatz zu z.B. den Serotypen 2, 3, 4, 5, 7, 8, 9 mit einem Anteil pathogener Isolate von 50-80%).

**Sind Ihre Isolate wirklich pathogen?  
Lassen Sie es jetzt bei Vaxxino Diagnostics überprüfen!**

**NEU**

Direkt & schnell informiert



## Die neue VaxxRadar-App Labor-Ergebnisse in Echtzeit!



### :: IMPRESSUM

Herausgeber: Vaxxino Diagnostics GmbH · Deutscher Platz 5e · 04103 Leipzig · T +49 (0)341/46 379 850 · Email: Leipzig@vaxxino.com · www.vaxxino-diagnostics.de  
 Autor: Dr. Daniel Piehler · Bei Rückfragen und Anmerkungen zum Newsletter wenden Sie sich bitte an Herrn Dr. Daniel Piehler (daniel.piehler@vaxxino.com oder T +49 (0)341/46 379 850). Für weitere Informationen besuchen Sie bitte unsere Website www.vaxxino-diagnostics.de.