

Schwerpunktaufgaben 2019

I. Untersuchungsprogramme

4. Untersuchung von aus Lebensmittelproben isolierten Staphylokokken auf Enterotoxinbildungsvermögen durch NGS

Mit diesem Programmpunkt wurde ein Verfahren zur Genotypisierung von *Staphylococcus aureus*-Isolaten durch Next Generation Sequencing (NGS) eingearbeitet. Ein Ziel bestand darin, in den Bakterienisolaten genetische Elemente zu erkennen, die eine Enterotoxinbildung codieren.

Aus Kapazitätsgründen, bedingt durch die Notwendigkeit, im Jahr 2019 weitere Verfahren mit der gleichen Methodik einzuarbeiten, konnten lediglich 33 der angestrebten 100 Bakterienstämme untersucht werden. Sie stammen aus Lebensmitteln sowie aus human- und veterinärmedizinischen Proben aus den Jahren 2017, 2018 und 2019. Gesucht wurde nach Genen, die für Enterotoxine (engl.: *staphylococcal enterotoxin*, SE) oder Enterotoxin-ähnliche Toxine (engl.: *staphylococcal enterotoxin-like toxin*, SEI) codieren (EcG's).

In 18 Staphylokokkenisolaten wurden lediglich Gene gefunden, die für die Enterotoxin-ähnlichen Toxine SEIX und SEIW codieren. Die meisten dieser Proben sind im Zusammenhang zur Abklärung Methicillin resistenter *Staphylococcus aureus* (MRSA) entnommen wurden.

In jeweils einer Probe wurde eines der EcG für klassische Enterotoxine A, B, C und D gefunden. Sie treten immer gemeinsam mit mindestens einem EcG für nicht-klassische Toxine (nEcG) auf. So tritt z.B. SED unter anderem gemeinsam mit SEP und SER auf.

In *Staphylococcus aureus*-Stämmen aus sieben Proben wurden *enterotoxin gene cluster* (bestehen aus SEG, SEN, SEU, SEI, SEM und SEU bzw. Varianten davon) gefunden. In fünf dieser Isolate traten keine klassischen EcG auf. Ein retrospektiv analysierter Bakterienstamm entstammte aus einer Verdachtsprobe (Verdacht auf Gesundheitsschädigung) einer Teilprobe Salatmischung. Fünf Jugendliche klagten nach Verzehr des Gerichtes über Erbrechen und Bauchschmerzen, dies sind typische Symptome einer Staphylokokken-Intoxikation. Das Ergebnis der Genotypisierung des Bakterienstammes spricht dafür, dass eine ursächliche Beteiligung von Staphylokokken an diesem Geschehen nicht unwahrscheinlich war. Die klassischen Staphylokokken-Enterotoxine hingegen konnten mittels der herkömmlichen immunologischen Tests nicht nachgewiesen werden.

Zusammengefasst lässt sich sagen, dass der Nachweis von EcG mittels NGS als datengenerierende Plattform und darauf aufbauenden Programmen sehr gut funktioniert. Das Ziel dieses Schwerpunktes, die Etablierung der Genotypisierung von *Staphylococcus*

aureus mittels NGS, wurde erreicht. Das Verfahren kann als Screening-Methode eingesetzt werden, um bei entsprechendem Verdacht auch solche Bakterienstämme als Ursache identifizieren zu können, bei denen mit bisherigen Methoden keine nachgewiesen werden konnte.