

Epidemiologische Typisierung mittels Multi Locus Sequenz Typisierung

Allgemeine Hinweise

Bei der Multi Locus Sequenz Typisierung (MLST) werden mehrere verschiedene Loci (meist sieben) aus dem bakteriellen Genom amplifiziert und deren Sequenzen ermittelt. Bei den untersuchten Loci handelt es sich um relativ hochkonservierte Regionen von sog. „house-keeping“ Genen, die also am zentralen Stoffwechsel beteiligt sind, die aber dennoch eine gewisse Variabilität aufweisen. Anhand dieser Sequenzvariation können verschiedene Isolate der gleichen Spezies unterschieden und Sequenztypen bzw. sogenannten klonalen Komplexen zugeordnet werden.

Anforderung an das Untersuchungsmaterial

Als untersuchungsmaterial kommen ausschließlich Reinkulturen der betreffenden Erreger in Frage. Mischkulturen können zu nicht verwertbaren oder verfälschten Ergebnissen führen.

Mindestens benötigt wird eine Einzelkolonie.

Termine

Das Material wird während der regulären Öffnungszeiten entgegengenommen.

Die Bearbeitung erfolgt werktags.

Durchschnittliche Bearbeitungsdauer

5 bis 10 Arbeitstage (je nach Menge der zu untersuchenden Isolate)

Telefonische Befundmitteilung

Immer bei positivem Befund

Bemerkungen

Die Sequenzen werden mit einer im Internet verfügbaren Datenbank, je nach Spezies entweder unter <http://www.mlst.net> oder <http://pubmlst.org> abgeglichen. Die Datenbank enthält alle bislang bekannten Sequenzvarianten (Allele) für die einzelnen untersuchten Loci. Diese sind mit Nummern bezeichnet, die bei Sequenzübereinstimmung den ermittelten Sequenzen zugeordnet werden. Es ergibt sich für jedes Gen (Allel) eine Nummer und somit ein Zahlencode aus meist 7 Positionen (Allelprofil), je nachdem wie viele Loci für den jeweiligen Organismus zu untersuchen sind.

Bereits bekannten Kombinationen der 7 Allelnummern ist jeweils ein Sequenztyp (ST) zugeordnet. Durch Abgleich der erhaltenen meist siebenstelligen Allelkombination wird der MLST Sequenztyp des zu untersuchenden Organismus erhalten.

Die Fragestellungen für die MLST-Typisierung sind in erster Linie epidemiologischer Natur, daneben ist auch das Nachvollziehen von Übertragungswegen zumindest teilweise möglich.

Da für jeden der untersuchten Loci eine größere Anzahl Allelvarianten existiert, die in einer sehr hohen Anzahl an Allelprofilen resultiert, wäre das zufällige Auftreten eines identischen MLST Profils bei zwei Isolaten sehr unwahrscheinlich und zwei Isolate mit identischem Allelprofil können somit dem gleichen Klon zugeordnet werden.

Bei Vorliegen unterschiedlicher MLST-Typen kann eine Übertragung von einem Patienten zu weiteren untersuchten Patienten ausgeschlossen werden, wohingegen ein identischer MLST-Typ bei zwei oder mehreren Patienten keinen Beweis für eine Übertragung darstellt, jedoch auf einen Ausbruch hindeuten kann.