

Berl. Münch. Tierärztl. Wschr. 116, 447–453 (2003)
© 2003 Schlütersche Verlagsgesellschaft mbH & Co. KG
ISSN 0005-9366

Eingegangen am 24. 3. 2003
Angenommen am 27. 7. 2003

Molecular Microbiology and Genomics Consultants, Zotzenheim, Germany

Molecular typing of pathogens

Molekulare Typisierung von pathogenen Bakterien

Trudy M. Wassenaar

Summary: Molecular typing and fingerprinting of bacterial pathogens has become a major part of epidemiology, disease monitoring, intervention and food safety research. This treatise will briefly address the aims of molecular typing and the criteria that are important to choose the optimal method of typing. However, since the method of choice will depend on a number of factors, including available facilities and research goals, no particular methods are recommended; instead, theoretical considerations are presented as a guide line for the best decision. Since molecular typing is examining the nature of the population genetics of a particular organism, it is important to understand how the degree of clonality of that particular organism will influence outcome and interpretation of results. The mechanisms that lead to non-clonality are briefly outlined. The problems with typing of clonal, non-clonal, and weakly clonal populations are briefly treated. The merits and myths of multilocus sequence typing (MLST) are discussed.

Zusammenfassung: Die Molekular Typisierung bakterieller Pathogene ist heutzutage ein wichtiger Bestandteil der Epidemiologie, Krankheitsüberwachung, Intervention und der Forschung in der Lebensmittelsicherheit.

In der Literatur werden große Versprechungen hinsichtlich der Genotypisierung klinischer Isolate (oder sogar klinischer Proben) gemacht, aber über die praktische Anwendbarkeit wird seltener berichtet. Genotypisierung soll Isolate gruppieren die phänotypisch identisch sind, und gleichzeitig unterschiedliche Eigenschaften erkennen und differenzieren. Eine Vielfalt von Publikationen befasst sich mit dem Vergleich verschiedener Methoden für eine Spezies, allerdings sind solche Befunde nicht relevant für andere Spezies. Die Ziele der Molekular Typisierung sind einerseits, verwandte Isolate zu gruppieren (Ähnlichkeiten nachzuweisen), andererseits, Isolate mit unterschiedlichen Eigenschaften zu erkennen, welche beispielsweise für die Virulenz von Bedeutung sind. Die Kriterien bei der Auswahl optimaler Verfahren sind nicht nur diskriminatorisches Potential und Reproduzierbarkeit, sondern auch Effizienz, Preis, Aufwand usw. Da Molekular Typisierung die Eigenschaften der Populationsgenetik bestimmter Erreger untersucht, ist es von Bedeutung zu verstehen, wie der Grad der Klonalität einer Spezies die Ergebnisse und deren Interpretation beeinflussen kann. Die Mechanismen, die zur nicht-Klonalität einer Spezies führen können, sind aufgelistet. Neu entstandene Klone werden nicht immer als solche identifiziert, aber auch wenn ein neuer Klon identifiziert wird, ist nicht immer klar, wie sich dieser zu dem Ursprungsklon verhält. Dies führt unter Umständen zu Problemen bei der Typisierung nicht-klonaler und partiell klonaler Spezies. Multilocus Sequenz Typisierung (MLST) kann den Grad der Klonalität bestimmen. MLST misst DNA-Rekombinationen, die sich in der bestehenden Population angehäuft haben, die aber in „real time“ nur selten vorkommen. Die oftmals häufigere Übergabe von Virulenzgenen wird durch MLST nicht erfasst. Damit ist MLST eher für langfristige Populationsforschung geeignet als für die Untersuchung von kurzfristigen Änderungen von epidemiologischer Bedeutung.

Keywords: genotyping, MLST, clonality, population genetics, molecular epidemiology

Schlüsselwörter: Genotypisierung, MLST, Klonalität, Populationsgenetik, molekulare Epidemiologie