

Prävalenz und Charakterisierung von *Yersinia enterocolitica* in Wildtieren im südöstlichen Brandenburg

Carolin Riedel¹, Felix Henning¹, Stefan Hertwig², Andrea Barac², Thomas Alter¹
¹Institut für Lebensmittelsicherheit und -hygiene, Freie Universität Berlin ²Bundesinstitut für Risikobewertung

Einleitung

Die Yersiniose, welche hauptsächlich durch *Yersinia (Y.) enterocolitica* ausgelöst wird, tritt nach Infektionen mit *Campylobacter* und *Salmonella* als dritthäufigste bakterielle Magen-Darm-Erkrankung beim Menschen in Deutschland auf. Während umfangreiche Daten zu Prävalenzen in Nutztieren vorliegen, wurde das Vorkommen von *Y. enterocolitica* bei Wildtieren in Deutschland bisher nur wenig untersucht. Ziel dieser Studie war, die Prävalenz von *Y. enterocolitica* bei unterschiedlichen Wildtierarten zu bestimmen und die Isolate zu charakterisieren.

Material und Methoden

Probenmaterial

In vier Landkreisen in Brandenburg (Oder-Spree, Dahme-Spree, Spree-Neiße und Oberspreewald-Lausitz) wurden insgesamt 419 Tonsillen-Proben von Rehwild (n=142), Schwarzwild (n=199) und Rotwild (n=55) sowie Proben von Damwild (n=2), Waschbären (n=2) und Füchsen (n=19) auf *Y. enterocolitica* untersucht.

Nachweis und Charakterisierung von *Y. enterocolitica*

Die Tonsillen wurden steril entnommen (Abb. 1), zerkleinert, mit Pepton-Sorbit-Galle-Bouillon (PSB, Merck) verdünnt (1:10) und 2 min in FilterBags (Transia) gestomachert. Nach einer 14-tägigen Inkubation bei 4 °C wurde Material aus der Anreicherung auf Cefsulodin-Irgasan-Novobiocin Agar (CIN-Agar, Oxoid) übertragen und bei 28 °C 24 h inkubiert. Verdächtige Kolonien wurden zur Anzucht von Reinkulturen auf CIN-Agar ausgestrichen und 24 h bei 28 °C bebrütet.

Von oxidase-negativen und urease-positiven Kulturen wurde DNA mithilfe der Chelex Methode isoliert. Die Identifizierung und Serotypisierung der *Y. enterocolitica*-Isolate erfolgte mittels mPCR nach Garzetti et al. (2014). Die Isolate wurden mittels MALDI TOF MS nach Murugaiyan et al. (2014) und die Serotypen mittels Objektträger-agglutination mit *Y. enterocolitica*-Antiseren (Sifin) bestätigt. Die Biotypen wurden biochemisch bestimmt (Wauters et al., 1987).



Abbildung 1: Entnahme der Tonsillen beim Rehwild. Links: Ventrale Ansicht auf den bis zum Kieferwinkel eröffneten Kopf. Rechts: Kehlkopf durchtrennt und Luftröhre entfernt. Aufsicht auf den weichen Gaumen von ventral. Skalpellklinge zeigt auf die rechte Tonsille in der Mandelgrube.

Ergebnisse

Prävalenz von *Y. enterocolitica* in Wildtierproben

Die höchste ermittelte Prävalenz von *Y. enterocolitica* zeigte sich mit 21,1% (30/142) beim Schwarzwild. Die Nachweishäufigkeiten des Erregers sind mit 5,0% (10/199) beim Rehwild und 3,6% (2/55) beim Rotwild deutlich geringer als beim Schwarzwild. Darüber hinaus wurde auch in Füchsen (3/15) und Damwild (1/2) *Y. enterocolitica* nachgewiesen (Tab. 1, Abb. 2). Bei der Auswertung dieser Ergebnisse ist der teilweise relativ geringe Probenumfang zu berücksichtigen.

Tabelle 1: Prävalenz von *Y. enterocolitica* in Wildtierproben

Wildart	n	<i>Y. enterocolitica</i> positiv	Bio-/Serotypen
Rehwild	199	10 (5,0%)	1A
Schwarzwild	142	30 (21,1%)	1A; 1B/O:8
Rotwild	55	2 (3,6%)	1A
Fuchs	19	2 (10,5%)	1A
Damwild	2	1 (50%)	1A
Waschbär	2	0 (0%)	1A

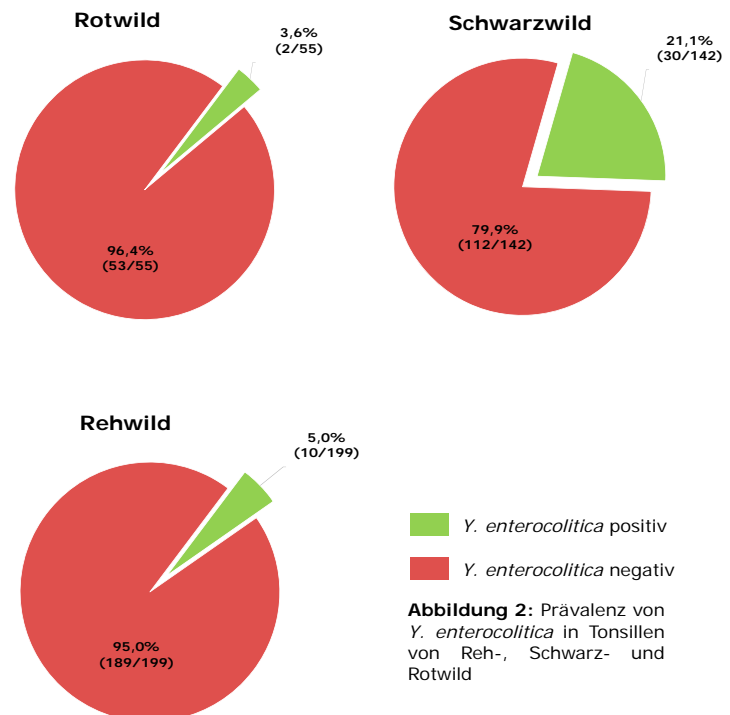


Abbildung 2: Prävalenz von *Y. enterocolitica* in Tonsillen von Reh-, Schwarz- und Rotwild

Charakterisierung der *Y. enterocolitica*-Isolate

Bisher wurden die Bio-/Serotypen bei 27 Isolaten untersucht. Dabei zeigte sich, dass der überwiegende Anteil der *Y. enterocolitica*-Isolate dem häufig apathogenen Biotyp 1A zugeordnet werden kann. Bei einem Isolat aus dem Schwarzwild handelt es sich um einen pathogenen 1B/O:8 Stamm.

Zusammenfassung

- Die Prävalenzen von *Y. enterocolitica* zeigen mit 21,1% beim Schwarzwild, 5,0% beim Rehwild und 3,6% beim Rotwild deutliche Unterschiede.
- Der Nachweis eines pathogenen *Y. enterocolitica*-Isolates (1B/O:8) und die hohe Prävalenz im Schwarzwild verdeutlichen, dass diese Wildtiergruppe eine potentielle Quelle für die Infektion des Menschen oder einen Vektor für die Übertragung des Erregers auf Nutztiere darstellt.
- Um gesicherte Aussagen für die anderen Tiergruppen zu stellen, soll die Probenzahl erhöht und weitere Untersuchungen (z. B. MLST) durchgeführt werden.

Literatur:

- Garzetti, D., Susen, R., Fruth, A., Tietze, E., Heesemann, J. and Rakin, A. (2014): A molecular scheme for *Yersinia enterocolitica* patho-serotyping derived from genome-wide analysis. International journal of medical microbiology : IJMM 304, 275-283.
- Murugaiyan, J., Walther, B., Stamm, I., Abou-Elnaga, Y., Brueggemann-Schwarze, S., Vincze, S., Wieler, L.H., Lubke-Becker, A., Semmler, T. and Roesler, U. (2014): Species differentiation within the *Staphylococcus intermedius* group using a refined MALDI-TOF MS database. Clin Microbiol Infect 20, 1007-1015.
- Wauters, G., Kandolo, K. and Janssens, M. (1987) Revised biogrouping scheme of *Yersinia enterocolitica*. Contrib Microbiol Immunol 9, 14-21.

