



PILOTPROJEKT ZUR  
STANDORTÜBERGREIFENDEN WGS-BASIERTEN  
TYPISIERUNG VON LISTERIA MONOCYTOGENES  
IN BADEN-WÜRTTEMBERG



Baden-Württemberg

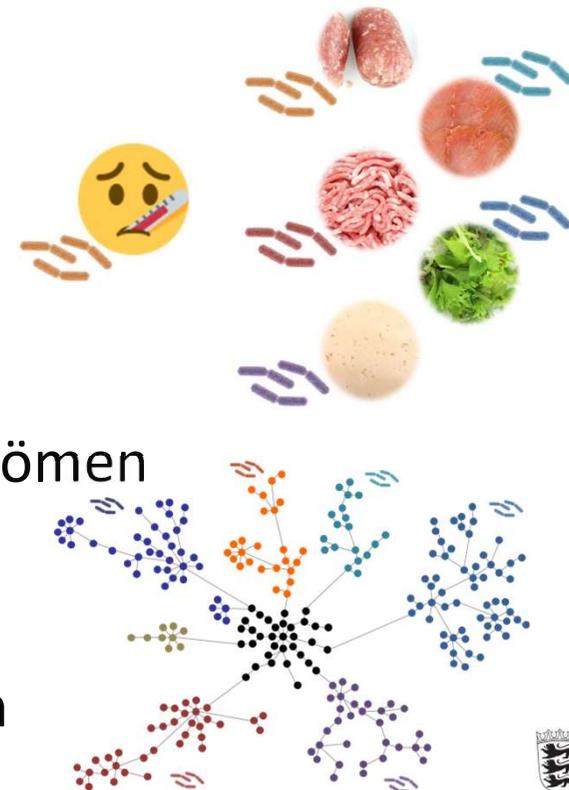
16.11.2020

Dr. Jannika Fuchs, CVUA Karlsruhe

# Warum NGS?



- Whole Genome Sequencing (WGS)
  - Entschlüsselung des gesamten Genoms eines Bakteriums
  - sehr genaue Typisierung
  - Vergleichbarkeit der Ergebnisse durch internationale Datenbanken
- schnelle Aufklärung von lebensmittelbedingten Erkrankungen
- Aufklärung entlang von überregionalen, nationalen und internationalen Warenströmen
- Erkenntnisse zur Verbreitung von Clustern durch „Landkarte“ der Bakterien



# Warum NGS?

- weiterer Nutzen bei Listerien im Lebensmittelbetrieb
  - schnelle und effiziente Identifizierung der Kontaminationsquelle
  - Ursache betriebseigene Keime (Hauskeime) oder Neueintrag
  - zielgerichtete Bekämpfungsmaßnahmen
- Herausforderungen bei der Etablierung im Untersuchungsamt:
  - IT-Infrastruktur (z.B. Datenspeicherung, Linux-Betriebssysteme)
  - bioinformatisches Fachwissen



# Struktur der Untersuchungsämter in Baden-Württemberg

- 5 Untersuchungsämter

- CVUA Freiburg
- CVUA Karlsruhe
- CVUA Stuttgart
- CVUA Sigmaringen
- STUA Aulendorf



- ein NGS-Team für alle Anwendungsgebiete:

- Lebensmittelmikrobiologie
- Speziesidentifizierung
- Diagnostik von Tierkrankheiten



# Struktur der Untersuchungsämter in Baden-Württemberg



- Inhouse-Sequenzierung am CVUA Karlsruhe
- Sequenzierung bei externer Firma über CVUA Stuttgart

- gemeinsame IT-Infrastruktur:
  - gemeinsame Datenspeicherung
  - gemeinsame Datenauswertung, z.B.
    - Ridom SeqSphere+
    - BfR-Pipeline



- Input, Ideen für Projekte und Auswertung von Datenbergen im Team

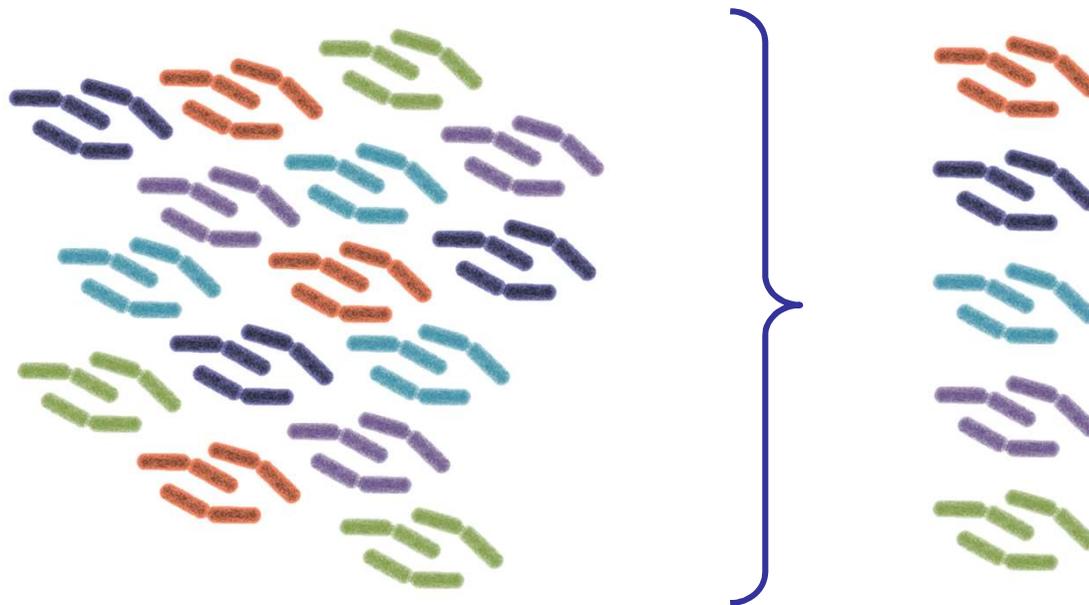
# Standortübergreifendes Pilotprojekt



- Typisierung von *Listeria monocytogenes*-Isolaten aus Baden-Württemberg mittels WGS, MALDI-Subtyping und FT-IR
- Isolate aus Lebensmitteln, Umgebungsproben und diagnostischen Proben von allen 5 Untersuchungsämtern
- Ziele der Datenauswertung vielfältig und erweiterbar – Verwendung der Daten für weitere Fragestellungen in der Zukunft (z.B. Resistenzgene o.ä.)
  
- Grundzüge des Projekts
  - Sequenzierung von Isolaten in BW
  - Analyse der Daten in BW
  - Austausch der Daten mit dem BfR

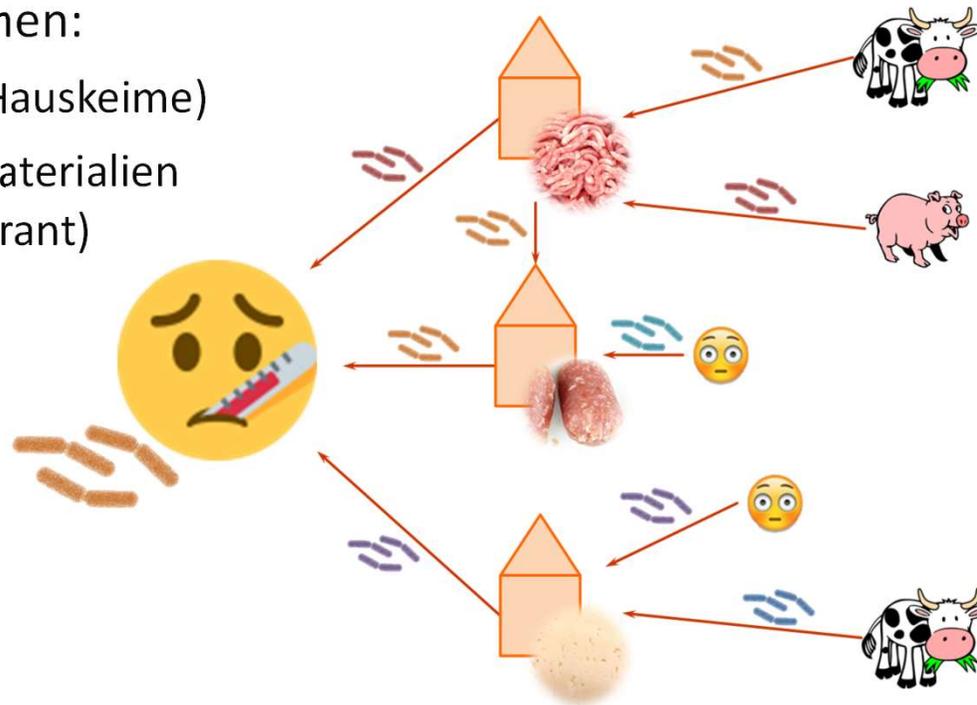
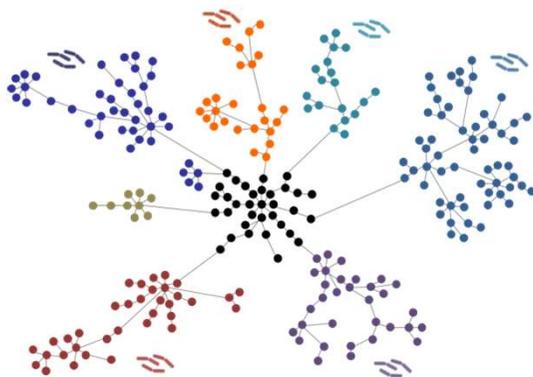
# Ziele des Projekts

- Vergleich der WGS-Daten mit Ergebnissen von MALDI-Subtyping und FT-IR
  - „Vor-Screening“ zur Selektion der Isolate für WGS
  - ggf. Möglichkeit zur Kostenersparnis durch Selektion der Isolate vor WGS-Typisierung in der Zukunft



# Ziele des Projekts

- epidemiologische Landkarte der *Listeria monocytogenes*-Isolate in BW
  - zeitnahe Zuordnung von nahverwandten Isolaten (from stable to table), Erkennung von Clustern
  - Betriebsmonitoring ermöglicht schnelle und zielgerichtete Bekämpfungsmaßnahmen:
    - betriebseigene Keime (Hauskeime)
    - Neueintrag durch Rohmaterialien (ggf. Zuordnung zu Lieferant)



# Erweiterung des Projekts



## ○ bisher:

- gebündelter Versand von Isolaten an das BfR
  - dort Sequenzierung ausgewählter Isolate
  - Abgleich mit Daten von Humanisolaten des RKI
  - Information bei Matches über BVL an BW
  - Abfrage der Herkunftsdaten des Isolats innerhalb von BW
  - Rückmeldung an BVL
- langwierige Informationsschleife

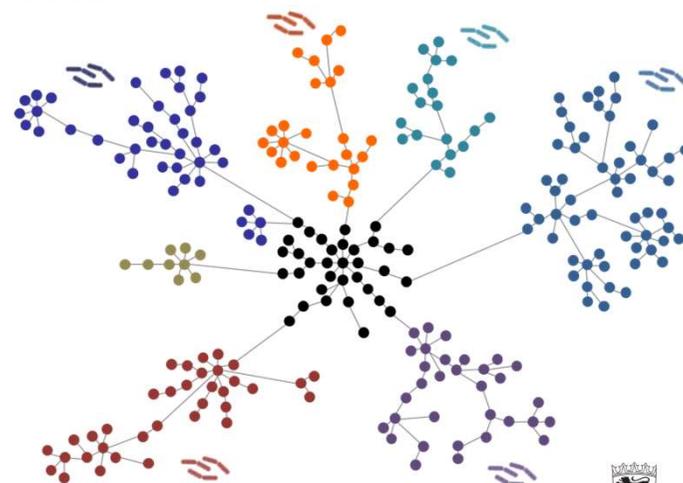
## ○ neu:

- Sequenzierung aller Isolate vor Ort
  - Austausch von Daten statt von Isolaten
- proaktive Nutzung der Information innerhalb von BW
- ermöglicht zeitnahe Aufdeckung von Zusammenhängen

# Retrospektiver Part

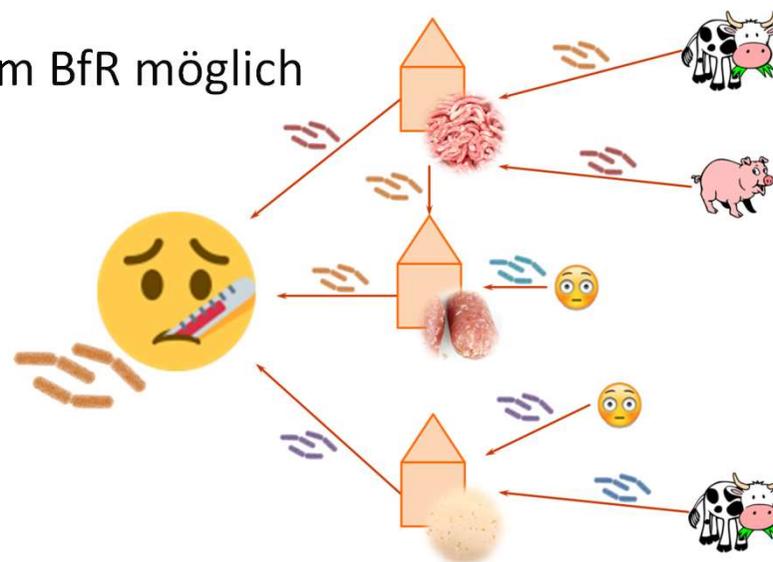


- Sammlung von Isolaten, welche am BfR sequenziert wurden
- Priorisierung und anschließender Austausch von interessanten Daten zwischen BfR und BW
- Sequenzierung von weiteren Isolaten innerhalb von BW
- Ziele:
  - Aufbau einer WGS-Datenbank zu Isolaten aus BW
  - Sammlung von Daten und Monitoring von Clustern  
→ „Landkarte“ der Clusterverteilung in BW



# Prospektiver Part

- kontinuierlicher Austausch von Daten erforderlich
  - überregionale, nationale und internationale Warenströme
- Vorschlag des BfR für ein WGS-Datenmanagementkonzept soll in der Praxis getestet werden
  - rasche Sequenzierung von Isolaten in BW
  - zeitnahe Veröffentlichung der vollständig **anonymisierten** Daten auf NCBI
  - Abgleich der Daten in BW und beim BfR möglich
  - gemeinsame Auswertung





Vielen Dank für Ihre Aufmerksamkeit!