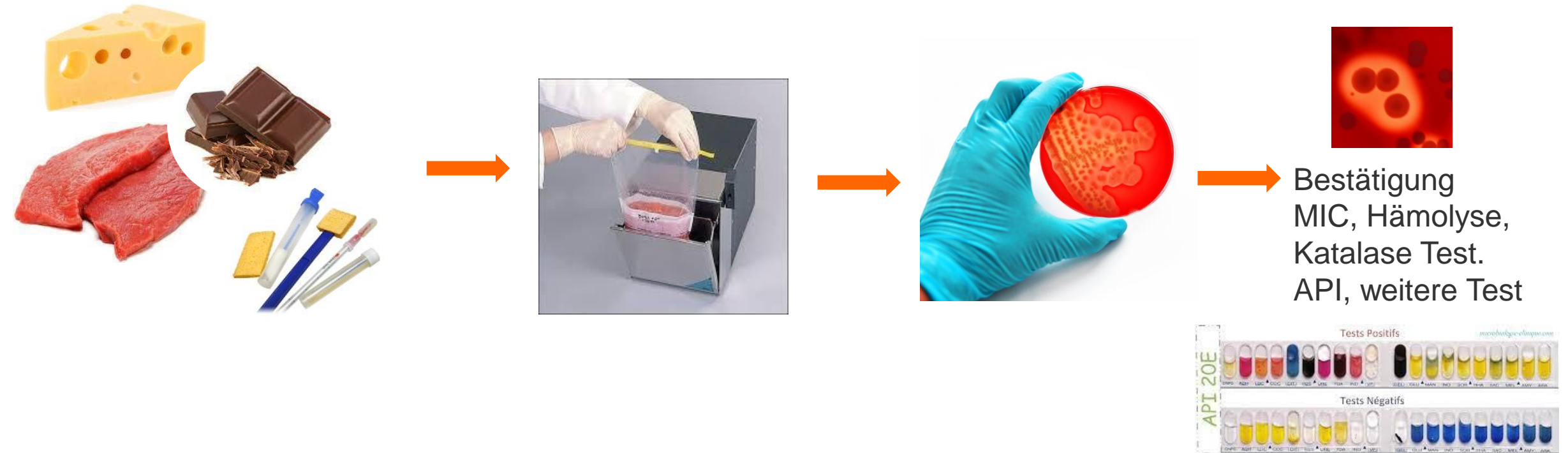




## **Schnellmethoden und WGS: Überblick und Analytik**

**Livia Schwendimann, 03.11.2023**

# Nachweis von Mikroorganismen im Lebensmittel



# Nachweis von *Listeria* qualitativ im Lebensmittel

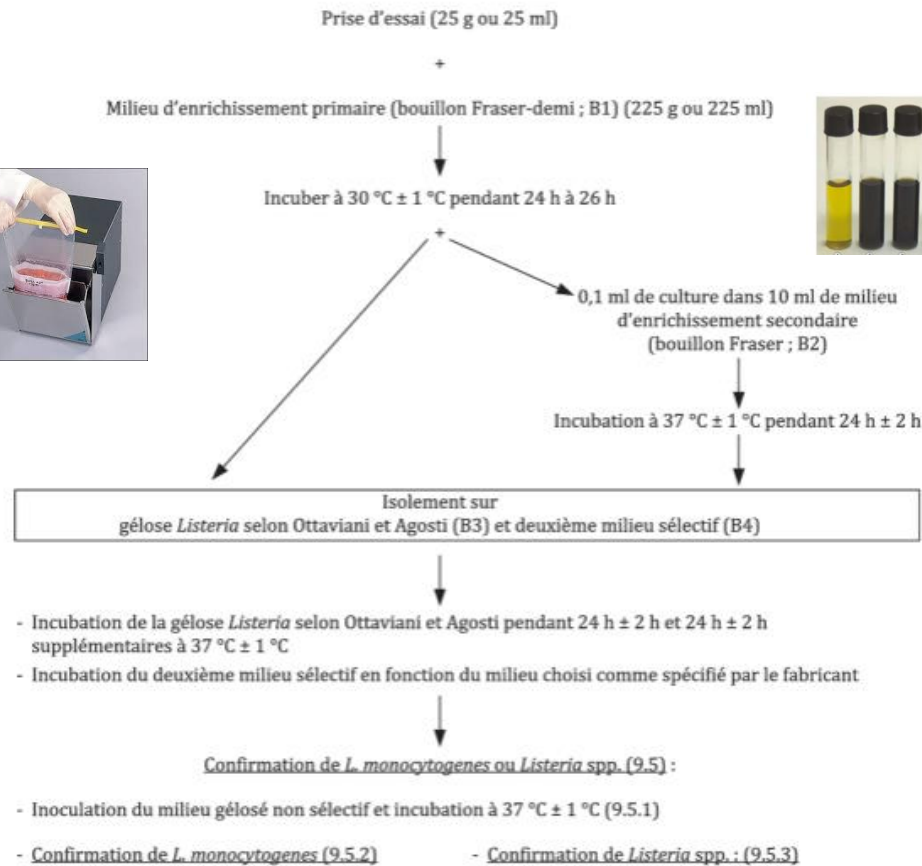
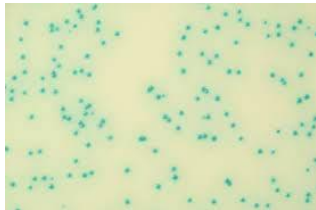
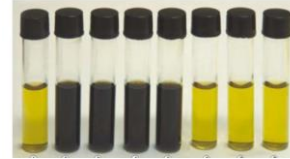
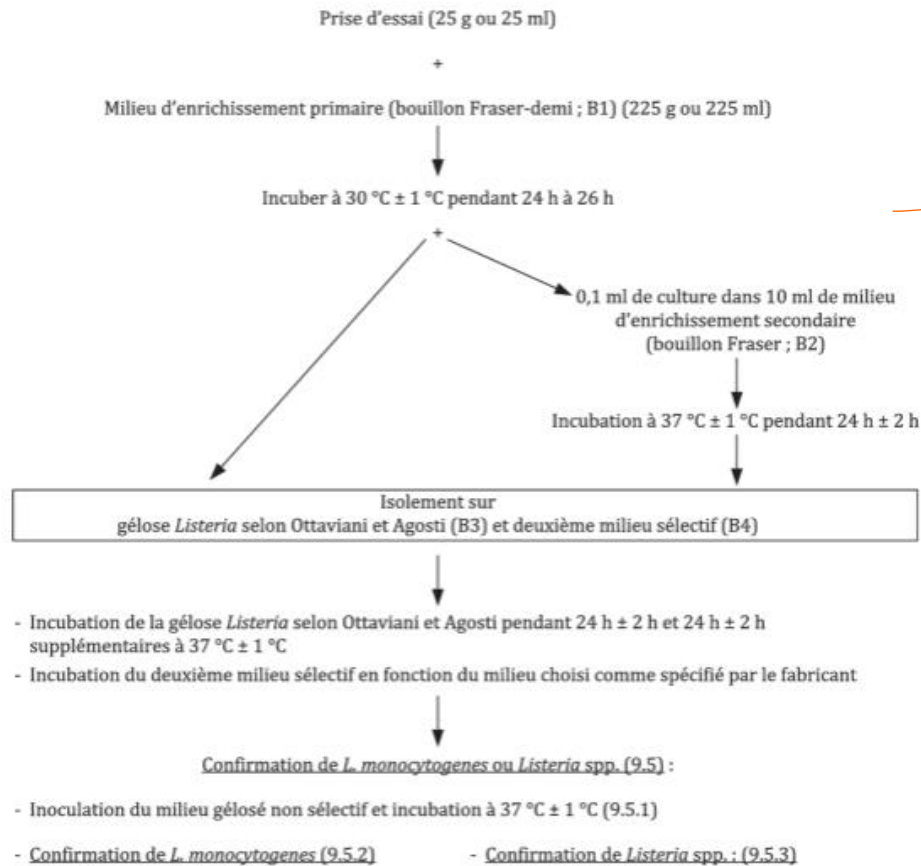


Figure A.1 — Logigramme du mode opératoire

*Listeria* qual Analyse nach ISO Norm 3-4 Tage

# Nachweis von *Listeria* qualitativ im Lebensmittel mittels «Schnellmethode»



Schnellmethode 1: Real-time PCR nach Anreicherung, negatives Resultat nach ca. 28 h  
 Schnellmethode 2: Vidas (ELISA) nach Anreicherung , negatives Resultat nach ca. 28 h

Falls positiv, Vorgang nach ISO Methode

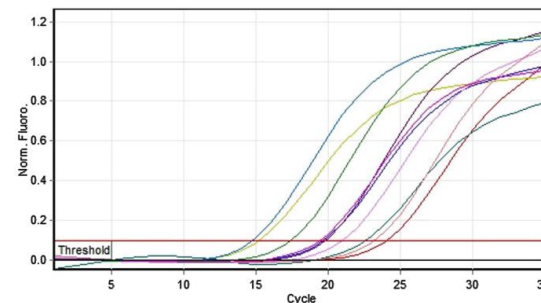


Figure A.1 — Logigramme du mode opératoire

# Vor- und Nachteile Schnellmethoden

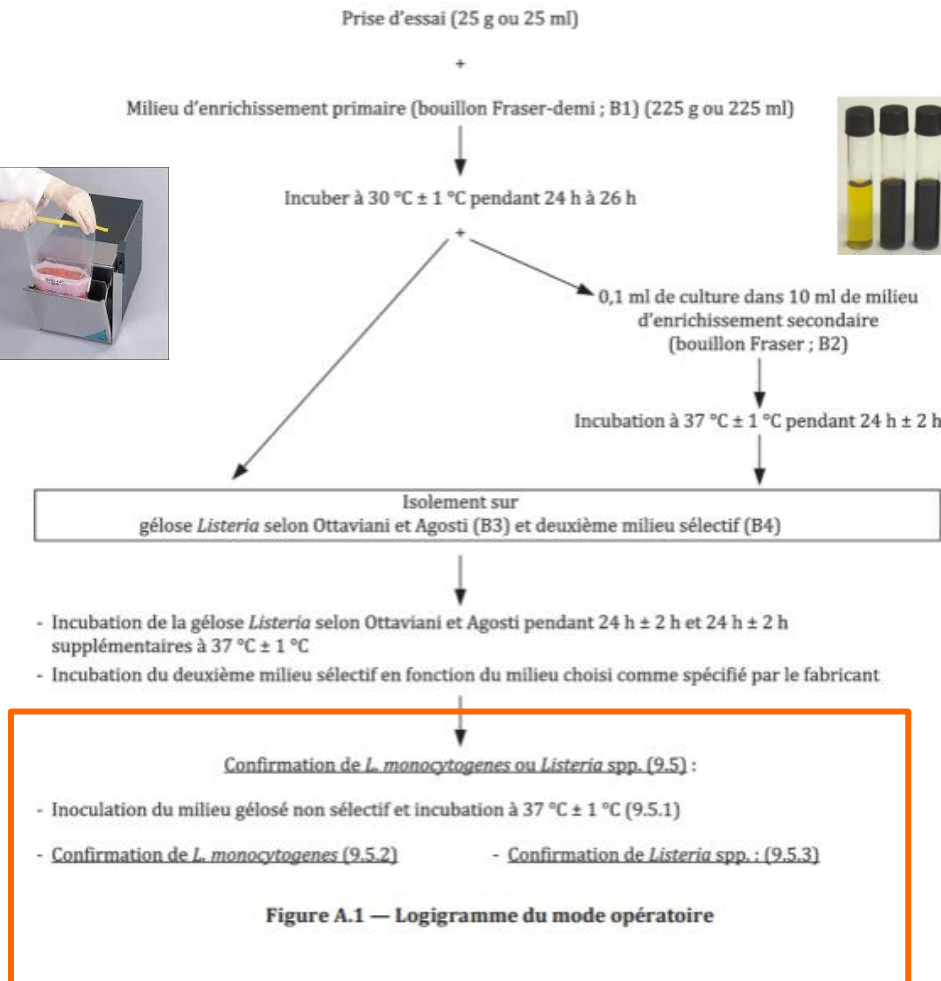
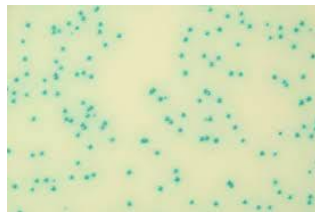
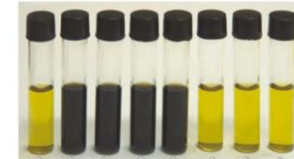
## Vorteile

- Falls negativ: Resultate innerhalb von 28 Stunden → Produktefreigabe, Produktionsfreigabe
- Hohe Automatisierung möglich → Roboter für die DNA Extraktion für die PCR

## Nachteile

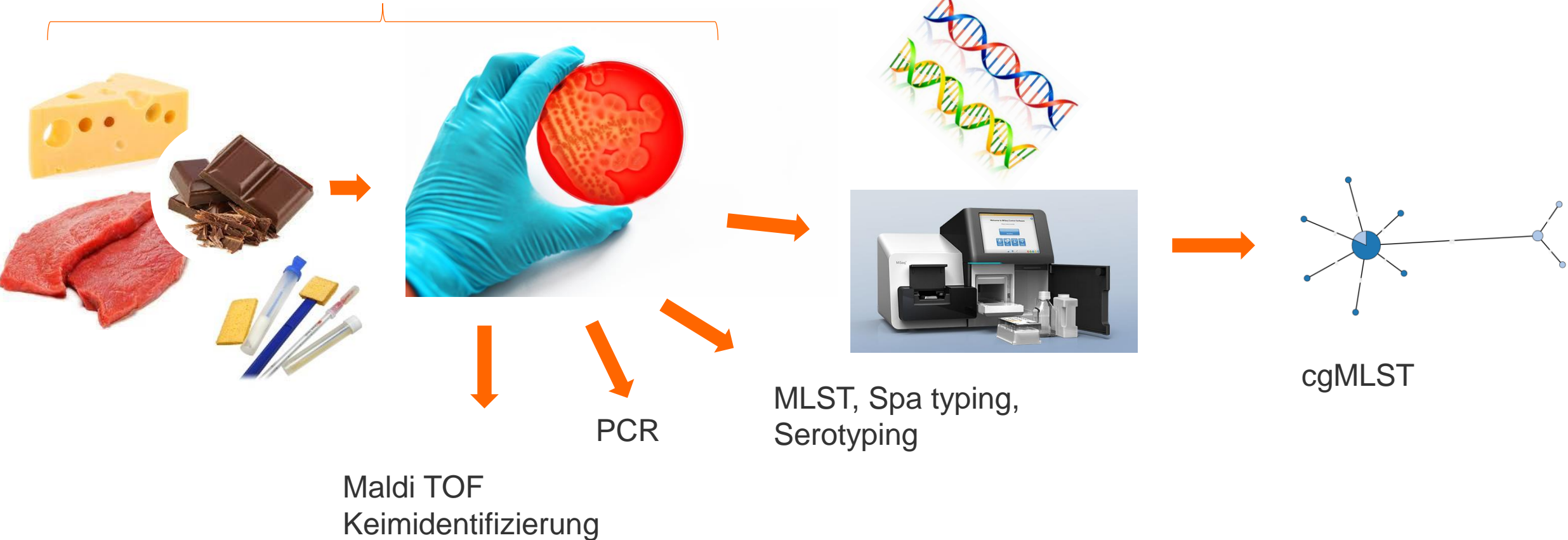
- Positive Vidas/PCR Resultate müssen mit der ISO Methode bestätigt werden → ca. 3 Tage
- Falsch positive Resultate: Resultate aus der PCR können nicht immer bestätigt werden, da mit PCR auch «tote» Zelle nachgewiesen werden → hoher Aufwand bei der Erklärung der Resultate

# Weiteres Vorgehen bei positivem Resultat



# Methoden zur Typisierung von Mikroorganismen im Lebensmittel:

Klassische Mikrobiologie



Maldi TOF  
Keimidentifizierung

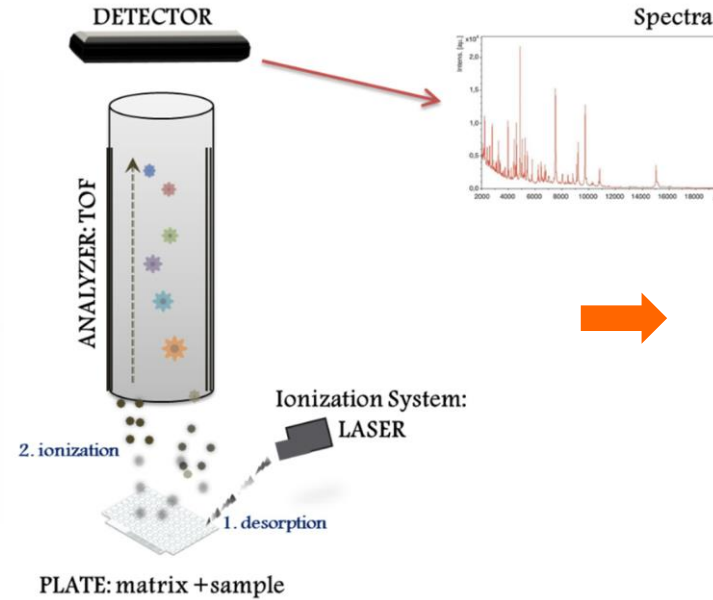
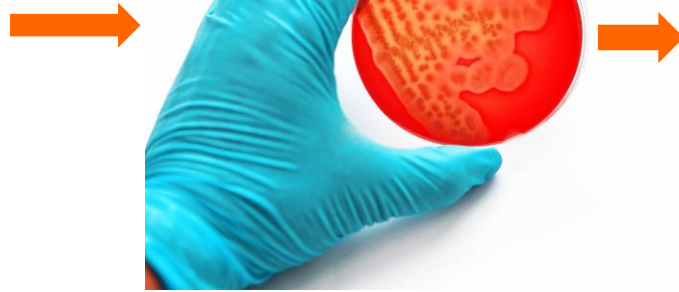
PCR

MLST, Spa typing,  
Serotyping

cgMLST

Typisierung

# MALDI TOF



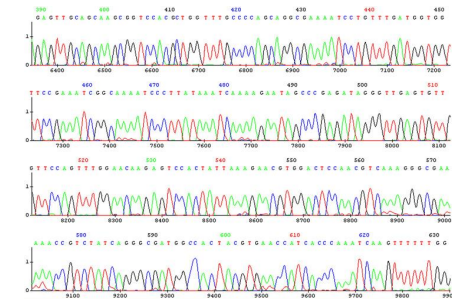
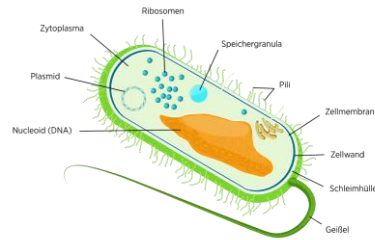
Vergleich vom Spektrum mit der Datenbank

## Output:

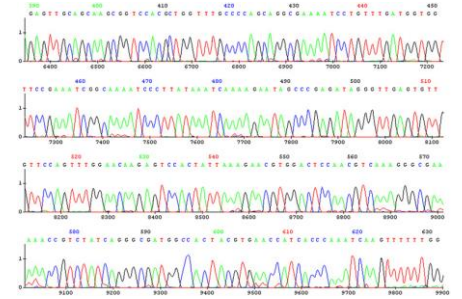
- Spezies Identifizierung, z.b. *Listeria monocytogenes*
- Ev. Subtypisierung von Mikroorganismen
- Kann als Bestätigungstest bei ISO Methode angewendet werden



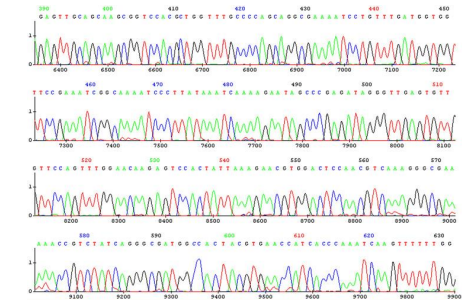
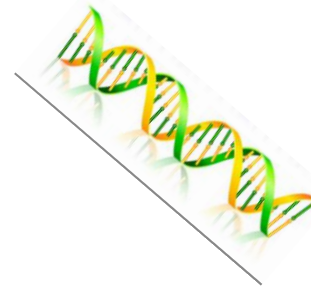
# Von der DNA zur Erbinformation (Sequenzierung, WGS)



# Output Sequenzierung I

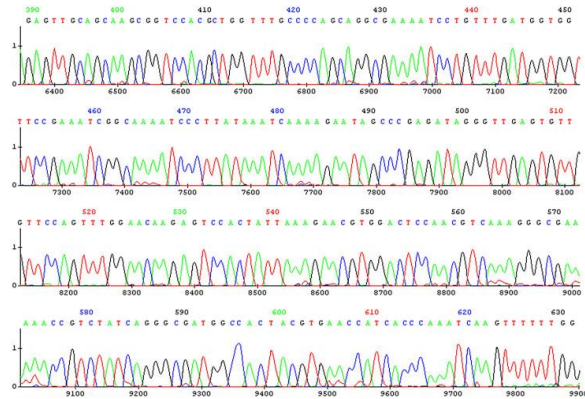


Profil A

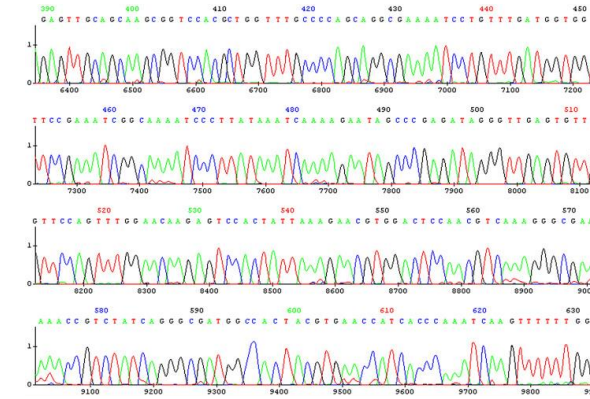


Profil B

# Output Sequenzierung II

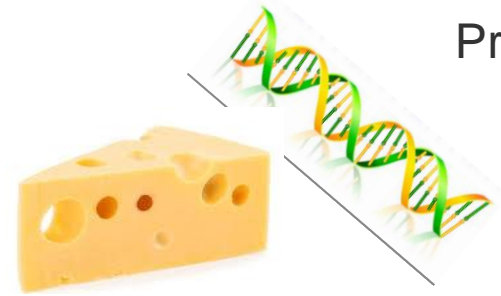


=  
≠  
?



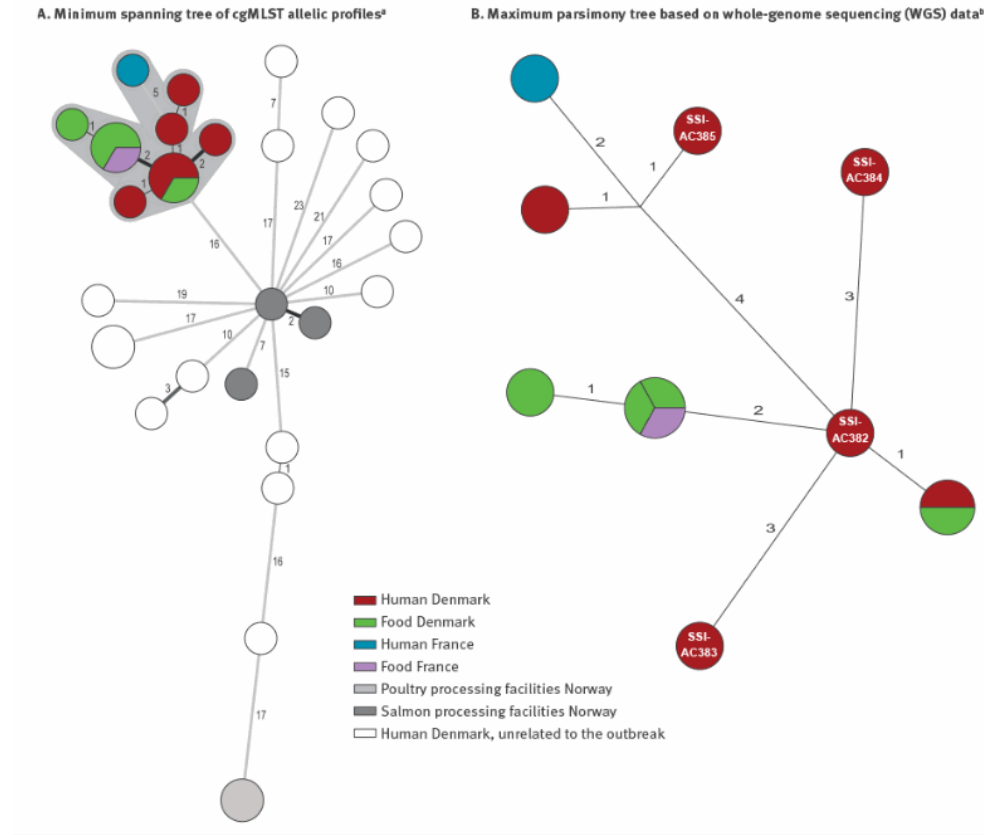
Profil A

Profil B



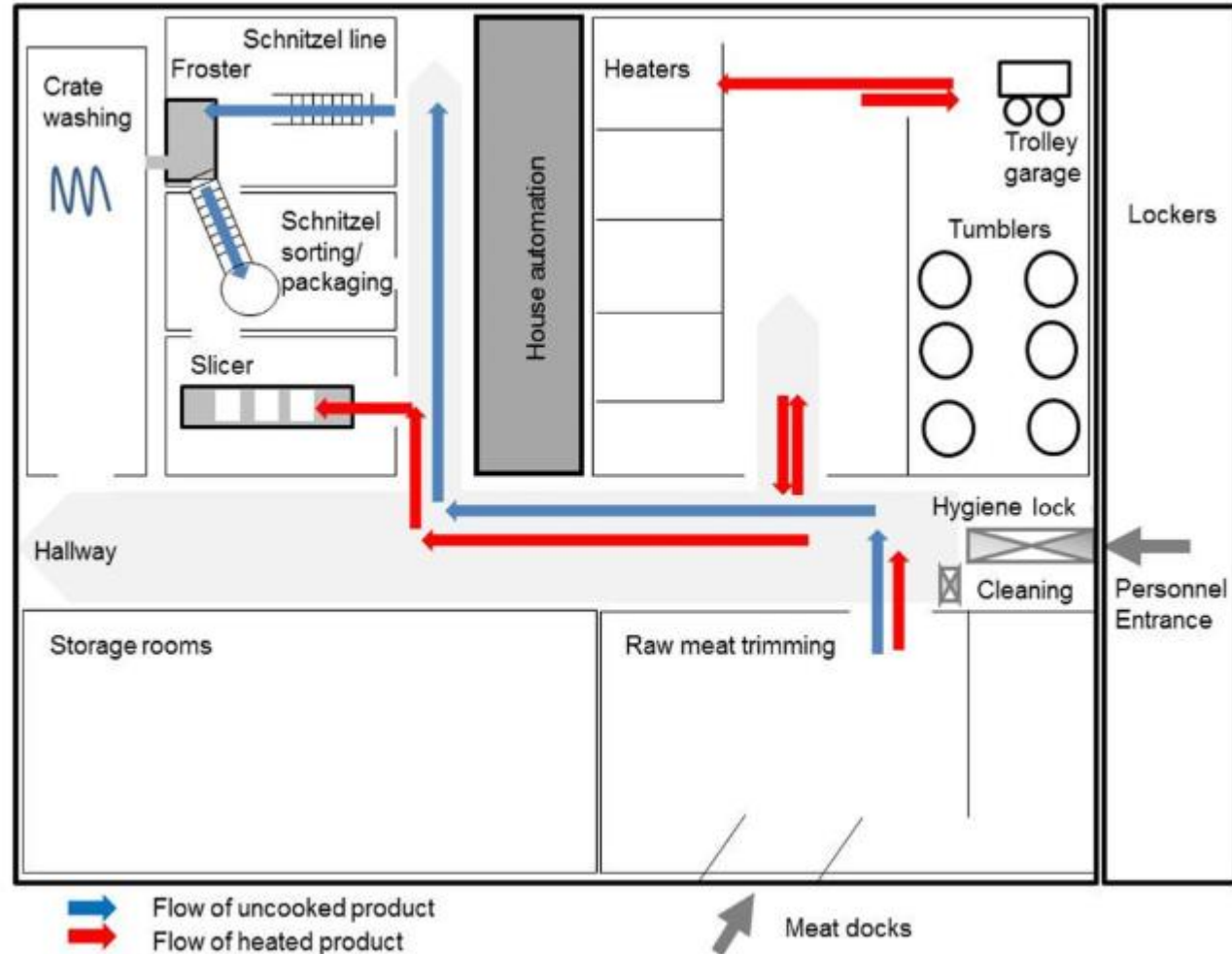
→ Es braucht Methoden um die Sequenzen vergleichen zu können

# WGS Anwendung: Ausbruchsabklärung



Quelle: Eurosurveillance | Cross-border outbreak of listeriosis caused by cold-smoked salmon, revealed by integrated surveillance and whole genome sequencing (WGS), Denmark and France, 2015 to 2017

# WGS Anwendung: Umgebungsmonitoring



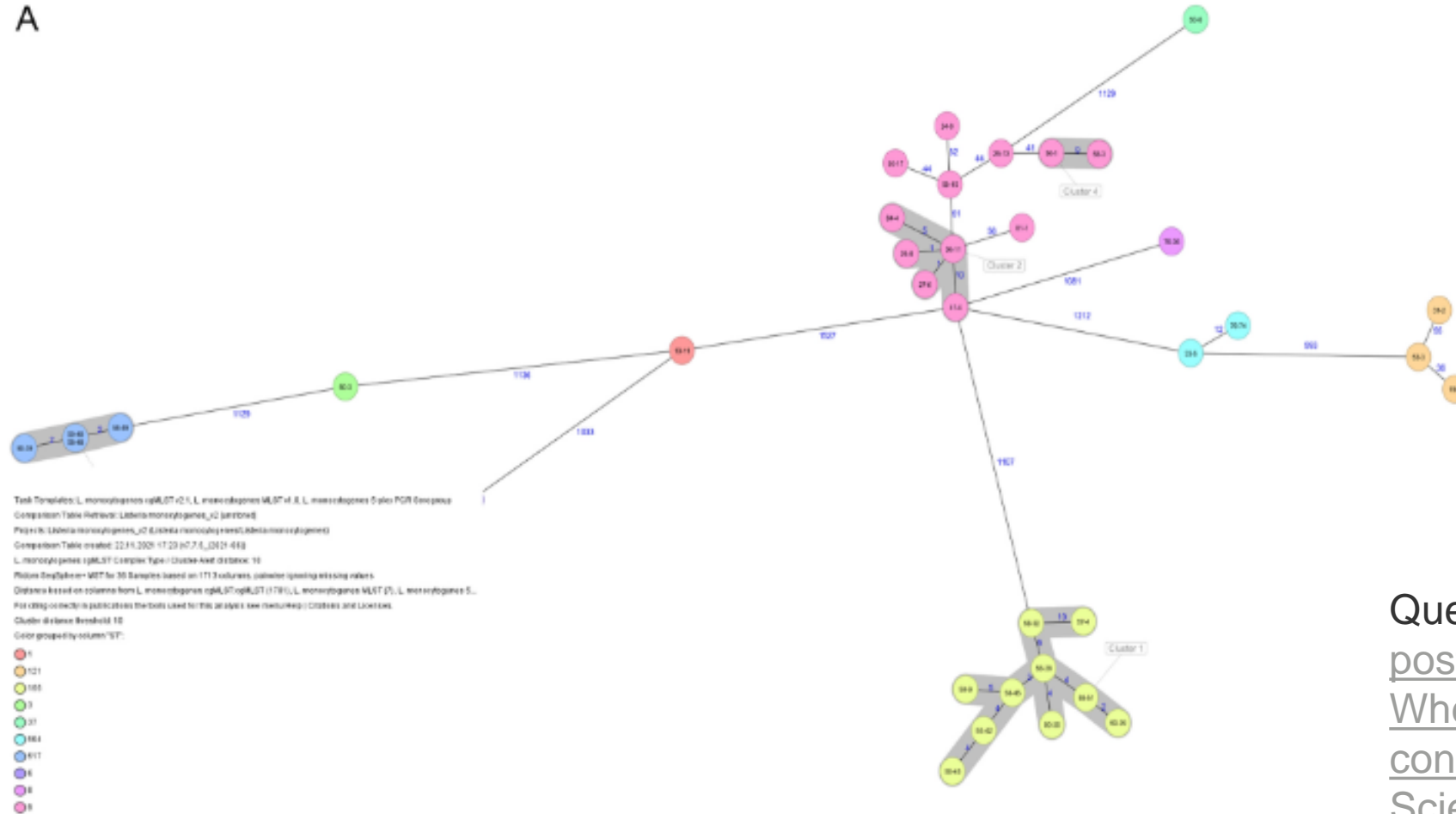
Quelle: [Listeria monocytogenes post-outbreak management - When could a food production be considered under control again? - ScienceDirect](#)

# WGS Anwendung: Umgebungsmonitoring

B. Stessl et al.

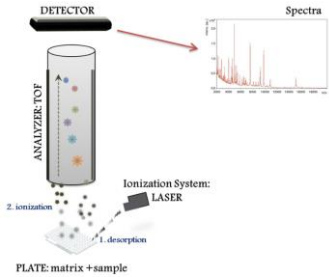
International Journal of Food Microbiology 379 (2022) 109844

A



Quelle: Listeria monocytogenes post-outbreak management - When could a food production be considered under control again? - ScienceDirect

# Zusammenfassung Analytik und Typisierung



**MALDI TOF**

- Spezies Identifikation, Bestätigungstest für ISO Norm
- L. monocytogenes*, *L. innocua*, *L. ivanovii*
- Identifikation Stämme auf Platte, *L. sakei*, *S. mascerens*, etc.

**PCR Methode**

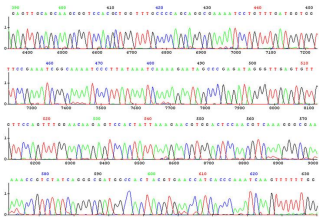
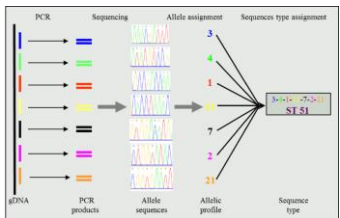
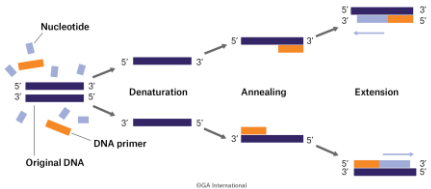
- Nachweis von einem spezifischen Gen (z.B. bei Listeria)
- Stx 1-2, eae bei EHEC, Serotyping von Salmonellen

**Sequenzierung von einzelnen Genen**

- MLST, Spa-Typing
- Identifikation der Cluster («Familien» mit ähnlichen Eigenschaften)

**WGS (Whole genome sequencing)**

- Sequenzierung vom ganzen Genom
- cgMLST: Bestimmung, ob 2 Stämme gleich oder unterschiedlich sind
- Verhältnisse zwischen den Stämmen können erstellt werden

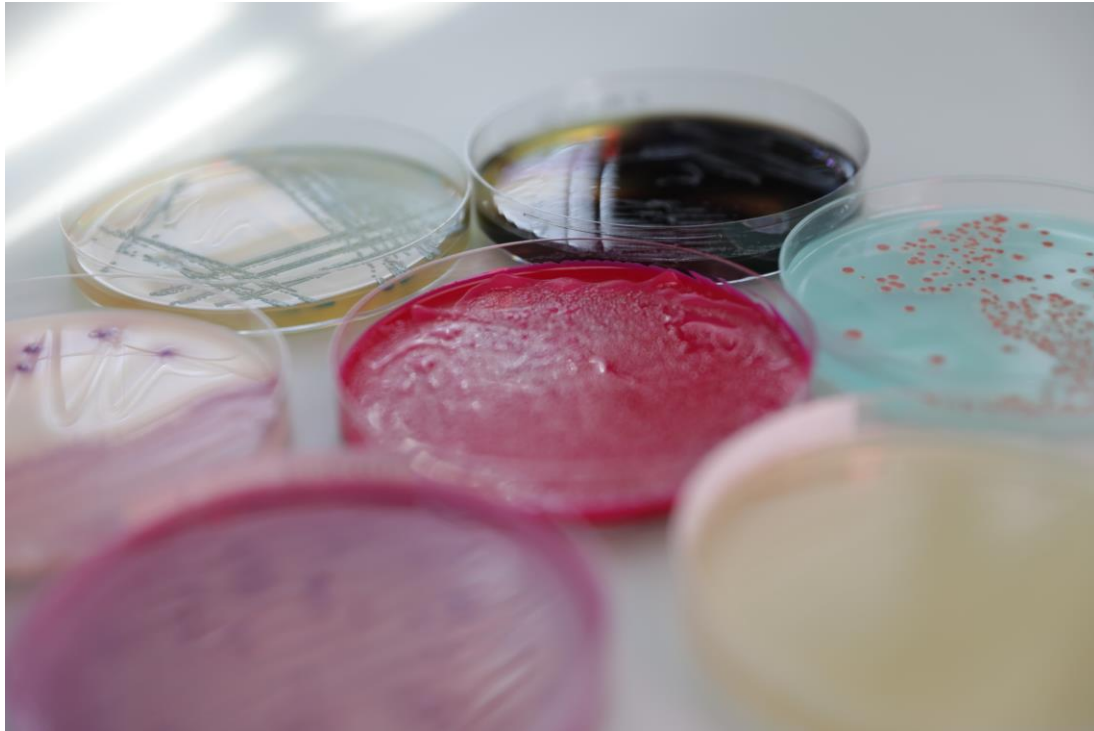


+

+

++

++++++



Vielen Dank für ihre  
Aufmerksamkeit

[www.sqts.ch](http://www.sqts.ch)

[Livia.schwendimann@sqts.ch](mailto:Livia.schwendimann@sqts.ch)



Diskussion und  
Fragen