



JETZT NEU BEI VAXXINOVA DIAGNOSTICS

:: Ein neuer Serotyp im Bestand? Erweiterung der Typisierung von *Actinobacillus pleuropneumoniae*

Actinobacillus pleuropneumoniae (APP) zählt als Auslöser der infektiösen Pleuropneumonie zu den wichtigsten Atemwegserregern beim Schwein (Abb. 1). Fast alle Mastbestände in Regionen mit hoher Schweinedichte sind in Deutschland endemisch mit APP infiziert.

Inzwischen lassen sich **18 verschiedene Serotypen** von APP differenzieren (Bosse et al., 2018). Die Unterscheidung erfolgt anhand der Gene für die Polysaccharidkapsel (cps). Die Virulenz von APP ist maßgeblich von der Bildung sogenannter RTX-Toxine (Apx I bis Apx IV) abhängig. Die Serotypen 1, 5 und 9/11 verfügen über die größte Virulenz.



Abb. 1: Hämorrhagisch-nekrotisierende Pleuropneumonie verursacht durch APP

Eine Auswertung der Typisierungsergebnisse asservierter APP-Isolate der letzten fünf Jahre hat gezeigt, dass **57 % dem Serotyp 2, 17 % dem Serotyp 9/11 und 6 % jeweils dem Serotyp 5 und dem Serotyp 8** zugeordnet werden konnten (Abb. 2). 5 % der asservierten Stämme wurden als „nicht typisierbar“ eingeteilt. Hier wurde auf die Kapselgene der Serotypen 1, 2, 3, 5-8, 9/11 und 12 untersucht.

In der Routinediagnostik können etwa **10% der untersuchten Isolate nicht den genannten Serotypen zugeordnet werden.**

Ab sofort ist bei Vaxxinova eine molekularbiologische Typisierung der APP-Serotypen 1 bis 18 möglich.

Die weitere Differenzierung nicht typisierbarer APP-Isolate kann dabei helfen, den Eintrag eines neuen Serotyps in den Bestand zu bestätigen.

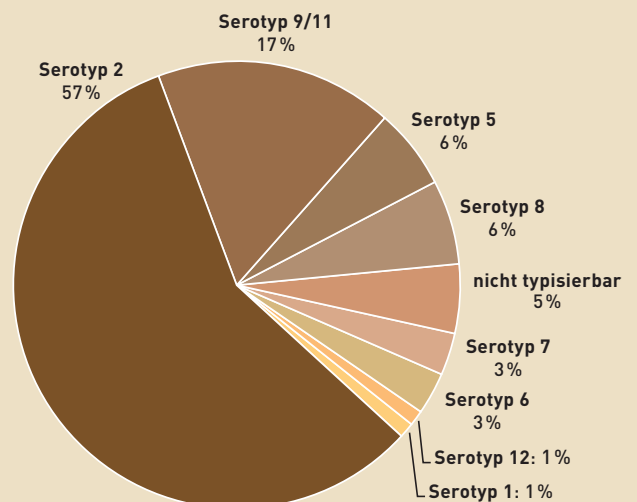


Abb. 2: Verteilung der typisierten APP-Isolate von 2014-2018 in Prozent

Für fachliche Rückfragen steht Ihnen unser Diagnostikteam persönlich zur Verfügung.

Vaxxino

va GmbH diagnostics Leipzig
T 0341 / 46 37 98 50 oder leipzig@vaxxino

:: IMPRESSUM