

# R

## Ribotyping



J. Arnemann  
Abteilung Molekulargenetik, Labor Dr. Wisplinghoff, Köln,  
Deutschland

**Synonym(e)** Ribosomale Typisierung; PCR-Ribotyping

**Englischer Begriff** ribotyping

**Definition** Ribosomale Typisierung ist eine bevorzugt in der medizinischen Mikrobiologie eingesetzte Methode, Krankheitskeime derselben Spezies im Falle eines Krankheitsausbruchs, aufgrund einer genetischen Variabilität in der Spacer-Region zwischen den 16S- und 23S-rDNA-Genen bezüglich Identität, Herkunft und Überwachung zu typisieren.

**Beschreibung** Im Bakteriengenom gibt es mehrere rDNA-Operon-Abschnitte, die übereinstimmend aufgebaut sind mit Spacer, 16S-rDNA, Spacer, 23S-rDNA, Spacer, 5S-DNA. Während die transkribierten Gene für 16S-rDNA, 23S-rDNA und 5S-rDNA in ihrer Sequenzabfolge sehr stark konserviert sind, können die nicht transkribierten Spacer-Abschnitte eine gewisse Variabilität in der DNA-Sequenz zeigen, die man für eine individuelle Typisierung von Bakterienkeimen, insbesondere für *Clostridium (C.) difficile*, einsetzen kann.

*C. difficile* ist ein sehr häufiger enteropathogener Keim des Darms, der ursächlich ist für ca. 95 % aller Fälle von pseudo-

membranöser Kolitis, einer Entzündung, die sowohl Dickdarm als auch Dünndarm befallen kann, oftmals als Folge eine Antibiotikaresistenz, die die *C.-difficile*-Toxine A und B freisetzen. Dieses Bakterium ist die häufigste Ursache für Ausbrüche von Diarrhoe. Mittels Ribotypings der *C.-difficile*-Keime versucht man die Verbreitung und klinische Charakterisierung zu verfolgen.

Ribotyping kann man mit unterschiedlichen Methoden durchführen, wie z. B. PFGE (Pulsfeldgelelektrophorese), Polyacrylamidgele nach Behandlung mit Restriktionsenzymen oder aktuell PCR-Ribotyping mit Kapillarelektrophorese.

Bei letzterem Verfahren werden ausgewählte 16S-23S-Spacerbereiche mittels PCR amplifiziert, wobei ein Primer fluoreszenzmarkiert ist und so das Produkt auf einem DNA-Sequencer nach Kapillarelektrophorese in seiner Größe exakt bestimmt werden kann und international vergleichbar ist. So wurden in einer internationalen Multicenterstudie weit über 100 *C.-difficile*-Isolate typisiert und in einer Datenbank erfasst, die zur Auswertung der jeweiligen Daten benutzt wird.

## Literatur

Bouchet et al (2008) Molecular genetic basis of ribotyping. Clin Microbiol Rev 21:262–273