

# Differenzierung der IMS-Spektren von Mykobakterium avium subspec. Paratuberculosis (MAP) und E. Coli, Enterobacter, Klebsiella sowie MRSA und MSSA

<sup>2</sup>Roman Purkhart, <sup>3</sup>Claus Steppert, <sup>3</sup>Sven Schimanski, <sup>4</sup>Petra Reinhold, <sup>4</sup>Heike Köhler, <sup>5</sup>Werner Schüler, <sup>1</sup>Gunther Becher/Bernau, <sup>6</sup>Rolf Graupner

<sup>1</sup> BecherConsult GmbH, Bernau, <sup>2</sup>IFU GmbH, Lichtenau <sup>3</sup>Klinikum Bayreuth, <sup>4</sup>Friedrich-Löffler-Institut (FLI), Jena, <sup>5</sup>STEP-Sensortechnik GmbH Pockau, <sup>6</sup>Graupner medical solutions GmbH, Geyer

## Einleitung

Das Wachstum verschiedener Bakterien in in-vitro Kulturen lässt sich mittels IMS-Analyse des Headspace je nach Reproduktionsrate meist schon nach wenigen Stunden bis Tagen nachweisen. Hierzu werden VOC-Profile identifiziert, welche die bewachsenen Proben von unbewachsenen Proben unterscheiden. Ziel dieser Studie war es zu untersuchen ob diese oder ähnliche VOC-Profile genutzt werden können um auch verschiedene Bakterien voneinander zu unterscheiden (im speziellen: *Mycobacterium avium* subsp. *paratuberculosis* (MAP), E. Coli, Enterobacter, Klebsiella, MRSA und MSSA).

## Material und Methoden

Es wurde der Headspace über geschlossenen temperierten Bakterienkulturen gemessen. Hierfür wurden die Reagenzgläser mit einem Deckel verschlossen, welcher Öffnungen für zwei Schläuche besaß. An einem wurde das Messgerät und an dem anderen gefilterte Luft angeschlossen (Abbildung 1). Zur Analyse wurde ein IMS-System mit vorgeschalteter GC-Säule verwendet (STEP Sensortechnik). In den erhaltenen Spektrogrammen wurden die relevanten Peaks identifiziert und mittels Clusteranalyse gruppiert. Die Korrektklassifikationsraten für die Differenzierung der verschiedenen Bakterien wurden mittels Diskriminanzanalyse und Leave-One-Out Kreuzvalidierung ermittelt.

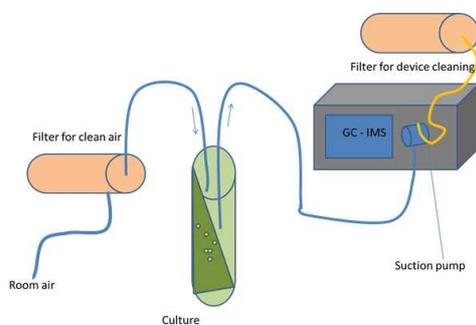


Abbildung 1: Versuchsaufbau

## Ergebnisse

Die Auswertung ergab 303 Cluster, von denen 21 hochsignifikante Unterschiede ( $p \leq 0.001$ , Kruskal Wallis) zwischen den verschiedenen Bakterien zeigten.

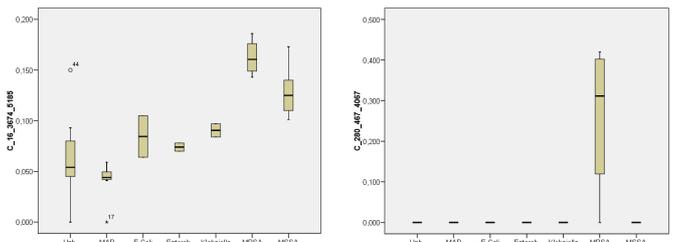


Abbildung 2: Zwei Beispiele für Cluster mit hochsignifikanten Unterschieden

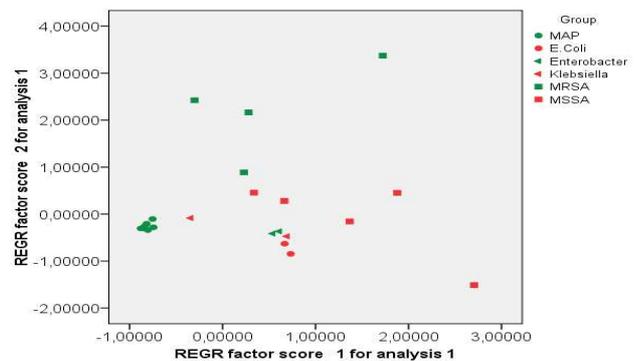


Abbildung 3: Darstellung der ersten 2 Faktoren der PCA

### Klassifizierungsergebnisse<sup>c</sup>

	Group2	Vorhergesagte Gruppenzugehörigkeit				Gesamt
		MAP	Others	MRSA	MSSA	
Kreuzvalidiert	%	100,0	,0	,0	,0	100,0
	MAP	,0	83,3	,0	16,7	100,0
	MRSA	,0	,0	50,0	50,0	100,0
	MSSA	20,0	,0	20,0	60,0	100,0

c. 78,3% der kreuzvalidierten gruppierten Fälle wurden korrekt klassifiziert.

Tabelle 1: Ergebnisse der kreuzvalidierten Diskriminanzanalyse

## Diskussion

Eine Unterscheidung verschiedener Bakterienarten mittels IMS aus dem Headspace der Kulturen scheint möglich. Die große Zahl erkannter Peaks gibt eine Sicherheit, dass es nicht zur Verwechslung verschiedener Spezies kommen kann. Der VOC basierte Nachweis von bakteriellem Wachstum erscheint sicher und kann insbesondere das Infektionsrisiko beim Personal vermindern. Zum anderen sind Kosten- und Zeitersparnis in der bakteriellen Diagnostik zu erwarten.