Baden-Württemberg

CHEMISCHES UND VETERINÄRUNTERSUCHUNGSAMT SIGMARINGEN

Erstellung und Überprüfung einer MALDI Biotyping MSP Datenbank zur Identifizierung von lebensmittelrelevanten Schimmelpilzen

Götz, Christin[1]; Wessner, Catrin[2]; Gröner, Margit[2]; Rau, Jörg[3]; Drissner, David[1]

[1]Hochschule Albstadt-Sigmaringen, Anton-Günther-Str. 51, D-72488 Sigmaringen, Deutschland; drissner@hs-albsig.de
[2]CVUA Sigmaringen, Fidelis-Grafstr. 1, D-72488 Sigmaringen, Deutschland, catrin.wessner@cvuasig.bwl.de
[3]CVUA Stuttgart, Schaflandstraße 3/ 2, D-70736 Stuttgart, Deutschland, maldi-up@ua-bw.de

Einführung

Bestimmte Schimmelpilze spielen in der Lebensmittelsicherheit eine große Rolle und sind daher Ziel der amtlichen Lebensmittelanalyse [1],[2]. Am CVUA Sigmaringen wird für die Identifizierung der Schimmelpilze auch die MALDI-TOF-Massenspektrometrie, kombiniert mit einer kommerziellen (Bruker) und einer eigenen Referenzdatenbank, eingesetzt. Hierfür neu erstellte Main Spectra Profiles (MSPs) wurden im öffentlich zugänglichen MALDI-UP Katalog gelistet [3].

Material und Methoden

Im Rahmen dieser Arbeit werden für MALDI-UP die Schimmelpilze *Aspergillus niger*, *Botrytis cinerea*, *Byssochlamys nivea*, *Cladosporium herbarum*, *Fusarium oxysporum*, *Penicillium expansum*, *Penicillium italicum* und *Rhizopus stolonifer* aufgrund ihres vielfältigen Auftretens in Lebensmitteln ausgewählt [1]. Für das Erstellen von MSPs wird die Liquid Cultivation mit anschließender Proteinextraktion genutzt, da diese die besten Identifizierungsergebnisse erzielt [1]. In Abbildung 1 ist eine Kurzfassung der Probenextraktion dargestellt. Das ausführliche Protokoll findet sich in Götz, C., 2021 [1]. Die Erstellung der MSPs erfolgt anhand einer internen Arbeitsanweisung, die sich an den Vorgaben des Geräteherstellers orientiert. Für eine MSP-Erstellung werden mindestens 24 Spektren aufgenommen, diese werden anschließend auf Peakabweichungen, Ausreißer und Nulllinien überprüft und bearbeitet. Mit den bearbeiteten Spektren wird ein MSP erstellt, welches mit der Bruker Datenbank abgeglichen wird. Abschließend erfolgt eine Validierung der MSPs mit Schimmelpilzen aus der gleichen Gattung, die über MALDI-TOF-MS gemessen und identifiziert werden.

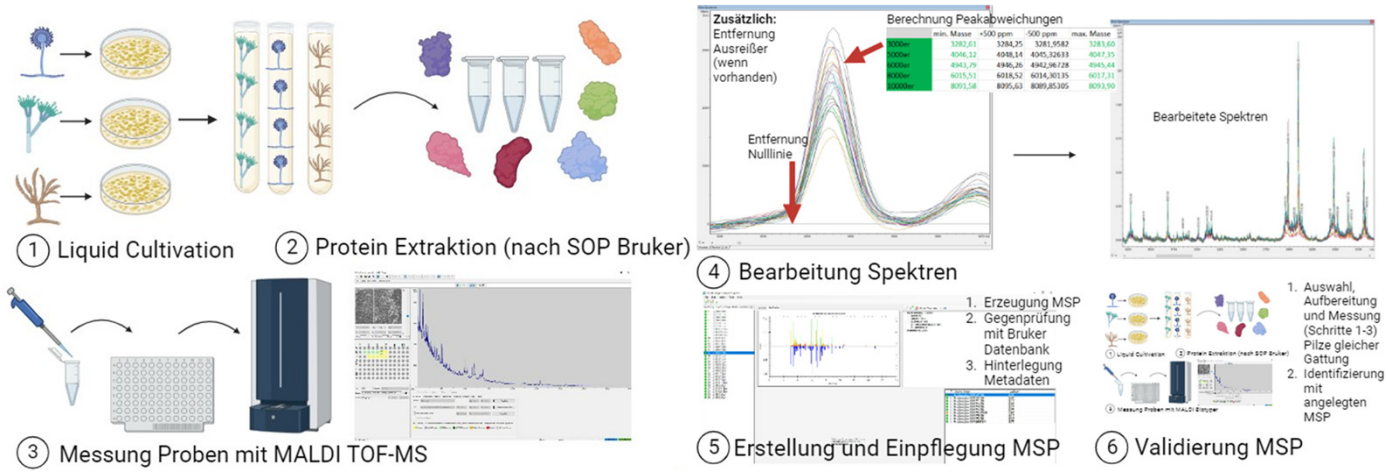

***Abb. 1**: Schematische Darstellung der Erstellung und Überprüfung von MSPs für die MALDI-UP Datenbank. Abbildung mit Biorender.com erstellt.*

Ergebnisse und Diskussion

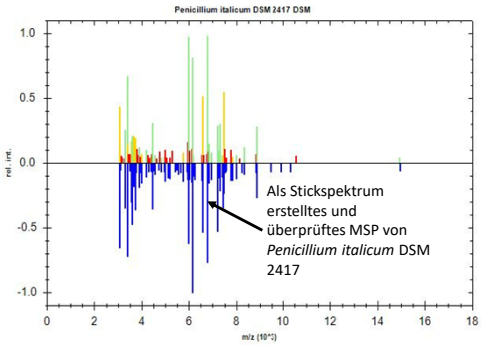

***Abb. 2**: Stickspektrum aus erstelltem und überprüftem MSP von P. italicum.*

Für *Aspergillus niger*, *Botrytis cinerea*, *Byssochlamys nivea*, *Cladosporium herbarum*, *Fusarium oxysporum* und *Penicillium italicum* konnte ein MSP erstellt werden. *Aspergillus niger* wurde mit *A. flavus*, *A. parasiticus*, *A. clavatus*, *A. fumigatus* und *A. xerophilus* überprüft. *Penicillium italicum* wird mit *P. expansum*, *P. camemberti*, *P. nalgiovense* und *P. roqueforti* überprüft. Die erstellten MSPs wurden an das CVUA Stuttgart zur Aufnahme in MALDI-UP übermittelt (Abb. 3).

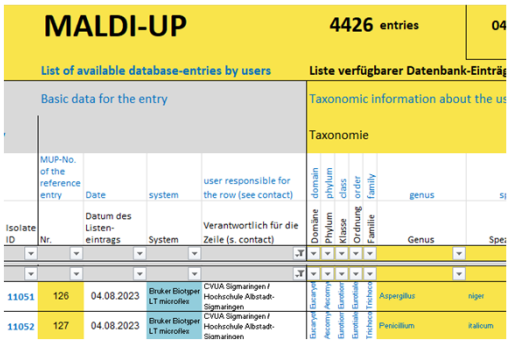

***Abb. 3.**: MALDI-UP Eintrag von A. niger und P. italicum.*

Literatur

[1] Götz, Christin (2021): Identifizierung von lebensmittelrelevanten Schimmelpilzen mittels MALDI Biotyping und DNA-Sequenzierung. Bachelorarbeit. Hochschule Albstadt-Sigmaringen, Sigmaringen
[2] Kück, Ulrich; Reiß, Jürgen (2009): Schimmelpilze. Lebensweise, Nutzen, Schaden, Bekämpfung. 3. Aufl. Berlin, Heidelberg: Springer.
[3] MALDI User-Plattform: https://maldi-up@ua-bw.de

Hochschule Albstadt-Sigmaringen
Albstadt-Sigmaringen University