



Jaarverslag Stichting tot bevordering van de Microbiologie in 2023

Bijdrage aan QCMD:

Zoals ieder jaar is er ook in 2022 weer materiaal aangeleverd voor *Chlamydia* spp (mn *C. psittaci*) voor de QCMD rondzending. Hieronder valt ook het aanleveren van inhoudelijke kennis door een van de artsen-microbioloog en het fungeren als referentie lab voor genoemde QCMD rondzending.

Supervisie afstudeeropdracht:

Er is gestart met begeleiding van een student tijdens een afstudeeropdracht. Het betrof onderzoek naar *Chlamydia psittaci* typering. Dit onderzoek is gepresenteerd tijdens een bijeenkomst van de ESCMID working group on Mycoplasma and Chlamydia.

Hieronder een samenvatting van de desbetreffende studie:

The National Human Psittacosis (NHP) surveillance program in the Netherlands has been extended with (partial) sequence analysis of the *ompA* gene of *Chlamydia psittaci* isolates since 2012. Through this method, at least nine genotypes (A-F, E/B, M56, and WC) can be identified. Although this provided valuable information, multi-locus sequence typing (MLST), a technique based on the partial sequences of seven (conserved) housekeeping genes, provides more in-depth genomic typing. However, the application of *C. psittaci* MLST on human clinical samples is very limited. This thesis presents the application of the MLST method with subsequent Nanopore sequencing on reference strains and human clinical samples.

The MLST method was optimized on a *C. psittaci* reference strain and applied to six clinical samples from the National Zoonotic Chlamydia Surveillance database at the Zuyderland Medical Center in the Netherlands. Amplicon sequencing was performed using Nanopore sequencing, and data was analyzed using Geneious Prime software.

The MLST method was successfully applied to the reference strain and six human clinical samples. In five out of six samples, sequence type 218 was found, which indicates that at least two sequence types are present among psittacosis patients in the Netherlands. In-depth typing through MLST allows further characterization and more discriminatory power of *Chlamydia psittaci* isolates than partial *ompA* sequencing, and the MLST-Nanopore approach was faster than traditional Sanger sequencing. Large-scale application of this method could provide additional information regarding epidemiology and source tracing and assist in the prevention and surveillance program in the Netherlands.

Presentatie tijdens congres: EMAC6:

In 2023 is onderzoek gedaan naar een methode om het plasmydia van *Chlamydia psittaci* te sequencen. Dit onderzoek heeft onder andere geleid tot een posterpresentatie tijdens de European Meeting of Animal Chlamydioses & Zoonoses in Edinburgh op 28 en 29 november 2023. Op dit congres hebben we onze nieuwste bevindingen gepresenteerd: *Chlamydia* plasmid sequence analysis provides evidence of zoonotic avian *Chlamydia abortus* infections. In deze presentatie laten we zien dat de aviaire *Chlamydia abortus* al vanaf 2010 een zoönotisch pathogeen is in Nederland.