

Nieuwe test om *Mycoplasma synoviae* op te sporen nader onderzocht

De klinische en economische betekenis van *M. synoviae* (M.s.) is de laatste jaren toegenomen. Dit heeft geleid tot meer onderzoek naar de mogelijkheden om M.s.-infecties in een pluimveekoppel of bronnen van infecties op te sporen.

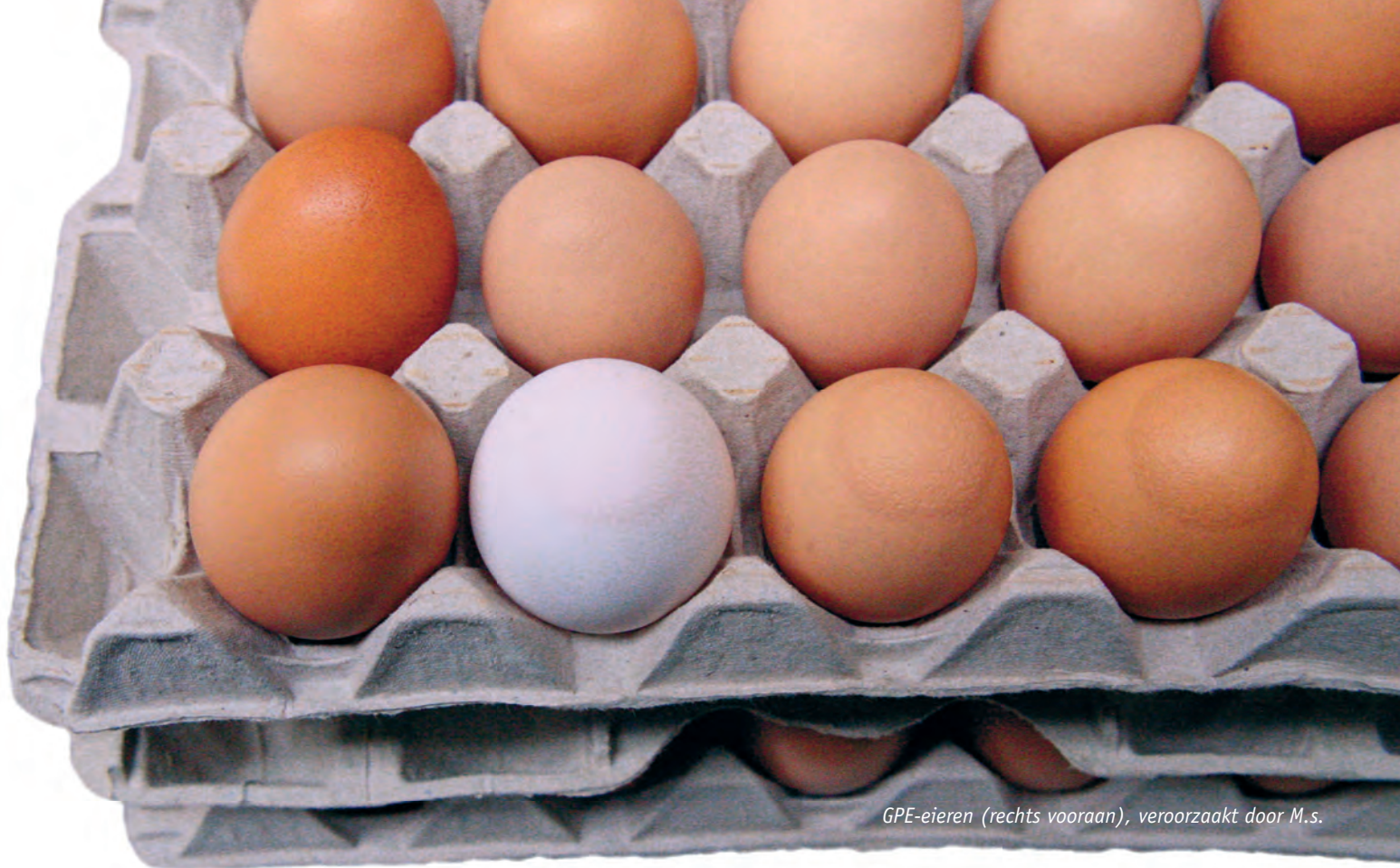
M.s. zorgt voor toenemende schade

In het kader van export is het de laatste jaren steeds belangrijker geworden dat bedrijfspluimvee M.s.-vrij is. Daarnaast heeft onderzoek duidelijk gemaakt dat er M.s.-stammen zijn met een verschillend 'weefsel tropisme'. Weefsel tropisme is de locatie waar een stam ziekte veroorzaakt. Er zijn stammen die gewrichtsontsteking veroorzaken bij (opfok)leghennen en vleeskalkoenen (foto 1). Daarnaast zijn er stammen die voor eischalpuntafwijking (foto 2) zorgen, in het veld Glazige Punt Ei of GPE genoemd. GPE heeft de laatste jaren gezorgd voor toenemende schade in de legsector (€ 2,1 tot 3 miljoen geschatte schade in 2009). Dan zijn er nog stammen die schade veroorzaken aan het ademhalingsapparaat. Deze stammen zorgen voor ademhalingsproblemen en uiteindelijk extra afkeuringen aan de slachtlijn.

Manieren om M.s.-infectie op te sporen

Bloedonderzoek is de gebruikelijke methode om een M.s.-infectie binnen een koppel op te sporen. Als de uitslagen op basis van bloedonderzoek onduidelijk zijn, kan er aanvullend nog een algemene PCR-test uitgevoerd worden die specifiek het DNA van M.s. aantoonst. Deze PCR maakt echter geen onderscheid tussen M.s.-stammen met verschillend weefsel tropisme. Om te achterhalen of er een verband bestaat tussen verschillende stammen geïsoleerd bij uitbraken of om onderscheid te kunnen maken tussen vaccin- of veldstam is een specifieke en voldoende onderscheidende test nodig. Wereldwijd wordt hiervoor 'sequentieanalyse' van het *vlhA*-gen gebruikt. Tijdens sequentieanalyse wordt de volgorde en het type DNA-bouwstenen van een specifiek gen (hier het *vlhA*-gen) in kaart gebracht. Veranderingen in deze volgorde of het type bouwstenen wordt genetische variatie genoemd. De mate van overeenkomst tussen twee stammen kan iets zeggen over de relatie tussen de stammen. Dit kan informatie bieden over de





GPE-eieren (rechts vooraan), veroorzaakt door M.s.



gewrichtsontsteking veroorzaakt door M.s.

mogelijke herkomst van een besmetting. Sequentieanalyse is minder kostbaar dan eerder toegepaste technieken (zoals AFLP) en daarom meer geschikt als routinetest.

Onderzoek en resultaten

De GD heeft in 2010 onderzocht of sequentieanalyse van het *vlhA*-gen gebruikt kan worden voor bronopsporing en of het aanknopingspunten kan bieden voor onderscheidende diagnostiek voor M.s.-stammen met verschillend weefsel-tropisme. In dit onderzoek zijn van 33 M.s.-isolaten, waaronder 27 isolaten uit Nederland, sequentieanalyses gedaan. De M.s.-isolaten uit Nederland waren afkomstig uit een periode van 15 jaar en van verschillende pluimvee-typen en M.s.-stammen met verschillend weefsel-tropisme zijn meegenomen. Op basis van de sequentieanalyses kon een groepsindeling worden gemaakt, waarbij uiteindelijk 5 hoofdgroepen en 11 subgroepen konden worden onderscheiden. De sequentieanalyse van deze Nederlandse isolaten zijn ook vergeleken met een M.s.-vaccinstam (niet geregistreerd in Europa). De groepsindeling correleert niet met jaar van isolatie of type pluimvee. M.s.-stammen met verschillend weefsel-tropisme konden niet onderscheiden worden op basis van deze sequentieanalyse.

Conclusies

Verder onderzoek moet uitwijzen of deze techniek bruikbaar is voor het kunnen onderscheiden van verschillende M.s.-stammen. Tot nu toe lijkt het onderscheidend vermogen van de *vlhA*-typering beperkt voor Nederlandse stammen. Het gebruik van sequentieanalyse van het *vlhA*-gen voor bronopsporing kan mogelijk wel informatie opleveren wanneer stammen van uitbraken in verschillende groepen vallen (niet verwant). Sequentieanalyse van het *vlhA*-gen is niet geschikt om onderscheid te maken tussen stammen met verschillend weefsel-tropisme.