

# Buikvliesontsteking

*E. coli*-buikvliesontsteking is de belangrijkste doodsoorzaak bij hennen in productie en kan tot grote economische schade leiden. Ondanks het grote belang voor de commerciële pluimveehouderij, is hier tot relatief kort geleden weinig aandacht aan besteed. Een belangrijke vraag die leefde was: behoren de *E. coli*-bacteriën die betrokken zijn bij uitbraken van buikvliesontsteking genetisch tot hetzelfde type?

Het beantwoorden van deze vraag is belangrijk in het kader van een bronopsporing en voor de samenstelling van autovaccins in landen waar geen geregistreerde entstoffen voorhanden zijn. Brononderzoek zal eenvoudiger zijn wanneer ziekteuitbraken worden veroorzaakt door één of slechts een paar *E. coli*-genotypen. *E. coli*-autovaccins kunnen het beste worden samengesteld uit de *E. coli*-genotypen betrokken bij de uitbraak, uitgaande van een aanhoudende bedrijfsinfectie met dezelfde genotypen. Het is bekend dat autovaccins beter werken tegen een infectie wanneer de entstof hetzelfde type kiem bevat dat later de infectie zal veroorzaken.

De GD heeft op verzoek van het Productschap voor Pluimvee en Eieren (PPE) onderzoek gedaan naar de genetische verwantschap van *E. coli*-bacteriën die betrokken zijn bij gevallen van buikvliesontsteking. Van vier bedrijven waarop deze aandoening zich voordeed, zijn



Zijn de betrokken *E. coli*-bact

*E. coli*-isolaten verzameld en met elkaar vergeleken. Hierbij is een DNA-fingerprinting-techniek gebruikt, die Pulsed-Field Gel Electrophoresis (PFGE) heet. PFGE kan ingezet worden om te onderzoeken of én in welke mate *E. coli*-isolaten van dieren met buikvliesontsteking genetisch identiek zijn. Een *E. coli*-isolaat wordt identiek genoemd wanneer de overeenkomst in DNA-fingerprint (bandenpatroon) tenminste 95% is. Als eerste is gekeken of meerdere *E. coli*-isolaten verkregen uit één dier met buikvliesontsteking genetisch identiek zijn.

## Onderzoekopzet

In 2011 en 2012 zijn vier bedrijven met sterk verhoogde uitval door *E. coli*-buikvliesontsteking bij eiproducerende hennen geselecteerd. Het ging om drie bedrijven met leghennen en een bedrijf met vleesvermeerderingshennen. Tussen deze vier bedrijven bestond geen enkele relatie; vanuit ziektekundig oogpunt konden ze dus als onafhankelijk van elkaar worden

beschouwd. Per bedrijf zijn van minimaal tien hennen *E. coli*-bacteriën, die uit het beenmerg werden geïsoleerd, bewaard. Per dier zijn vijf *E. coli*-kolonies apart opgeslagen. Alle gevonden *E. coli*-isolaten plus twee referentiestammen werden met PFGE geanalyseerd. In totaal zijn er 215 *E. coli*-isolaten onderzocht.

## Resultaten

In alle gevallen bleken de *E. coli*-isolaten uit het beenmerg van afzonderlijke hennen genetisch identiek te zijn. Hierdoor kon het aantal van 215 isolaten worden gereduceerd tot 43 ( $215/5 = 43$ , er waren immers vijf isolaten per dier). In totaal zijn op de vier bedrijven twaalf verschillende genotypen gevonden (zie figuur). Per bedrijf waren gedurende de uitbraak twee tot vier verschillende genotypen aanwezig. Echter, tussen bedrijven werden géén genetische verwante *E. coli*-isolaten gedetecteerd. De *E. coli*-referentiestammen waren met géén van de geïsoleerde *E. coli*-bacteriën verwant.

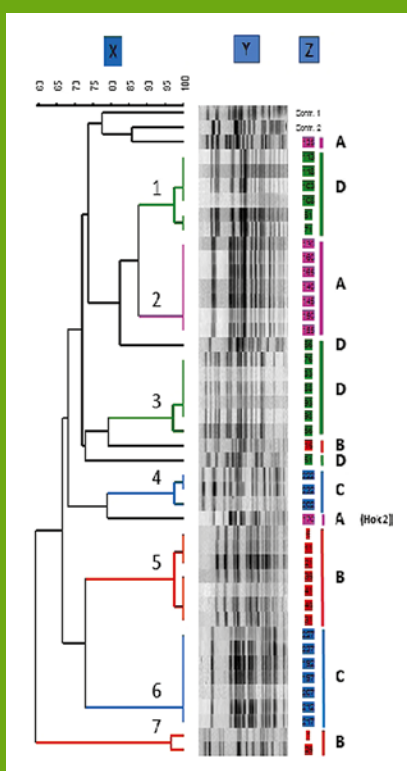
# bij hennen

## erïen genetisch verwant?

### Conclusie

De uitbraken van *E. coli*-buikvliesontsteking werden per bedrijf door twee tot vier verschillende genotypen veroorzaakt. Er was geen relatie tussen de genotypen gevonden op de verschillende bedrijven. Binnen één kip met buikvliesontsteking behoorden de gevonden *E. coli*-bacteriën altijd tot hetzelfde genotype.

Omdat een beperkt aantal *E. coli*-genotypes bij de uitbraken betrokken is, kan PFGE goed ingezet worden om onderzoek te doen naar infectiebronnen. Ervan uitgaande dat gevaccineerde dieren met dezelfde ziekmakende *E. coli*-genotypes op het productiebedrijf te maken zullen krijgen als die de uitbraak hebben veroorzaakt, lijkt het verstandig om autovaccins (indien toegestaan) zo samen te stellen dat er van ieder genotype uit de uitbraak één vertegenwoordiger in wordt gestopt.



Overzicht van de genetische verwantschap van de 43 *E. coli*-isolaten die bij 4 bedrijven (A, B, C en D) zijn gevonden.

Het linkerdeel van de afbeelding geeft de mate van genetische overeenkomst aan. Isolaten die meer dan 95% met elkaar overeenkomen zijn identiek. Het middelste deel laat het bandenpatroon zien en het rechterdeel geeft de identiteit van de isolaten aan.

Er werden in totaal 12 genotypen gevonden, waarvan 7 (nummers 1 t/m 7) bij meerdere dieren en 5 bij 5 verschillende dieren werden gevonden. Binnen elke hen waren de isolaten genetisch identiek (niet weergegeven in deze afbeelding). Binnen 1 bedrijf zijn 2 tot 4 genotypen gevonden. Tussen bedrijven onderling en met de referentiestammen is er geen genetische verwantschap van de *E. coli*-isolaten aangetoond. Contr.1 en contr.2 zijn *E. coli*-referentiestammen.