

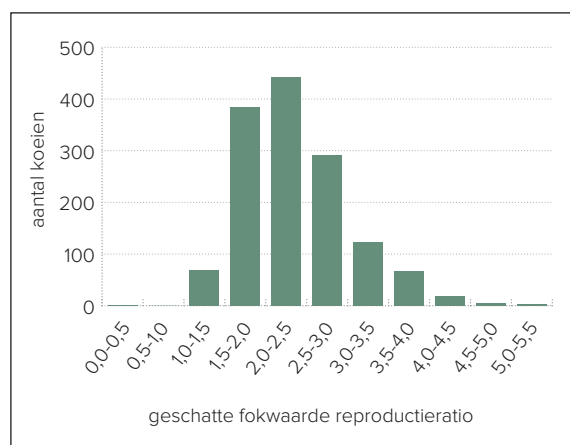
Verspreiding mortellaro verschilt per koe

Niet iedere koe is even vatbaar voor de klauwaandoening mortellaro. Nieuw onderzoek toont aan dat er genetische verschillen zijn in welke mate een koe de ziekte van Mortellaro verspreidt. De variatie is groot en dat biedt kansen voor fokkerij.

TEKST JAAP VAN DER KNAAP

Mortellaro. Steeds vaker wordt deze klauwaandoening genoemd als oorzaak van kreupele koeien en als reden van vervroegde afvoer. Alle klauwenbaden en individuele behandelingen ten spijt blijft de infectieuze aandoening op veel bedrijven hardnekkig aanwezig. Vanwege de problemen met mortellaro krijgt ook de fokwaarde voor klauwgezondheid met daarin een fokwaarde voor mortellaro steeds meer belangstelling. 'Die fokwaarden zijn geschat volgens de klassieke fokkerijmethode: heeft een dier de aandoening wel of niet', stelt Piter Bijma, universitair docent bij de vakgroep fokkerij en genetica van de Wageningen Universiteit. 'Maar deze fokwaarden houden geen rekening met hoe infectieziekten zoals mortellaro zich verspreiden binnen een bedrijf. En juist als je de fokwaarden van mortellaro gebruikt, verminder je wel degelijk ook de verspreiding.' Samen met Mart de Jong, professor kwantitatieve

Figuur 1 – Spreiding in fokwaarde van reproductieratio van koeien met mortellaro



epidemiologie aan Wageningen Universiteit, schreef Bijma een onderzoeksvorstel om de verspreiding en vatbaarheid van mortellaro in samenhang met genetica in kaart te brengen. De praktische uitvoering van het onderzoek lag in handen van Floor Biemans, die na vier jaar onderzoek half mei dit jaar promoveerde op het onderwerp.

Chronische mortellaro blijft infectieus

Floor Biemans verzamelde data over mortellaro van 1500 koeien op twaalf Nederlandse bedrijven. Gemiddeld bezocht ze de bedrijven elf keer met tussenperiodes van twee weken. Op de bedrijven bracht ze in de melkput de aanwezigheid van mortellaro in kaart. 'Tijdens het melken keek ik met een spiegelkje onder de klauwen en noteerde ik in zes gradaties de aanwezigheid van mortellaro', aldus Biemans. De hoge frequentie van haar bezoeken was relevant, omdat ze niet alleen in kaart wilde brengen hoeveel mortellaro er was, maar ook wanneer dieren geïnfecteerd werden met mortellaro en wanneer dieren van mortellaro herstelden.

Alle bedrijven maakten gebruik van DigiKlauw, een programma waarmee klauwproblemen worden geregistreerd. Vanuit die registratie was bekend dat er op deze bedrijven bij minimaal 20 procent van de dieren mortellaro aanwezig was.

Maar alleen de informatie vanuit DigiKlauw was voor dit onderzoek niet toereikend. 'Klauwverzorgers brengen één tot twee keer per jaar de klauwgezondheid in beeld. Dat is onvoldoende om het verloop van een infectie door het hele koppel in kaart te brengen', geeft Biemans aan. 'Bovendien kunnen verschillende klauwverzorgers op verschillende manieren de aanwezigheid noteren. Doordat ik zelf alle informatie verzamelde, sloot ik die variatie in elk geval uit.' Biemans constateerde dat bij 60 procent van de koeien in meer of mindere mate mortellaro aanwezig was. 'Dat is een hoger percentage dan bij andere onderzoeken, maar ik noteerde ook de chronische mortellaro, waarbij de wond gesloten is, maar de ziekte onderhuids voortwoekert. Koeien met chronische mortellaro lopen niet kreupel, maar uit mijn onderzoek blijkt dat deze koeien de infectie wel doorgeven. Het chronische stadium duurt lang en dat is ook de belangrijkste reden dat de ziekte op het bedrijf aanwezig blijft.'

Mate van verspreiding van 2,36 is hoog

De data die Biemans verzamelde, werden gebruikt in rekenmodellen. 'Hiermee konden we berekenen hoeveel koppelgenoten door een gemiddeld besmette



Een gemiddelde koe met mortellaro besmet 2,36 andere koeien in dezelfde stal

koe worden geïnfecteerd.' Juist het aantal koeien dat één besmette koe gemiddeld infecteert, was voor de onderzoekers interessant. In de wetenschap wordt dit ook wel reproductieratio (R0) genoemd. 'In dit onderzoek vonden we een R0 van 2,36: een gemiddelde koe met mortellaro besmette 2,36 andere gemiddeld vatbare koeien in dezelfde stal', zo legt Biemans uit.

Die reproductieratio van 2,36 is volgens professor De Jong 'best hoog'. 'Op basis van de 20 procent besmette koeien gemiddeld op een bedrijf rekenden we op een R0 van 1,25', zo verduidelijkt hij de cijfers. 'De ziekte van Mortellaro kennen we hier sinds de jaren tachtig. Daarom had ik verwacht dat door natuurlijke selectie de echt vatbare en besmettelijke dieren al zouden zijn afgevoerd en de R0 lager zou liggen. Maar blijkt na al die jaren dat soort dieren nog steeds aanwezig.'

Hoe hoger de R0, hoe meer de ziekte voorkomt. 'Endemische ziekten zoals mortellaro zijn lastig in een populatie uit te roeien. Veterinair gezien wil je dat de R0 kleiner is dan 1, omdat dan de ziekte uiteindelijk uitdooft', aldus De Jong.

Fokken tegen verspreiding dierziekten

De individuele koedata die Biemans had verzameld, werden vervolgens gekoppeld aan genomische informatie. Van alle koeien was genomische informatie bekend. Die koppeling toonde dat er verrassend veel variatie was in de fokwaarde voor reproductieratio tussen de dieren (zie figuur 1). 'Er zijn koeien die minder bijdragen aan de verspreiding, maar ook dieren die juist veel meer bijdragen aan het verspreiden van mortellaro', aldus Bijma. 'Met andere woorden: het geeft aan dat er mogelijkheden liggen voor fokkerij. Je kunt koeien en stieren selecteren met een lagere genomische fokwaarde voor de reproductieratio en daarmee verder fokken en dieren met een hoge fokwaarde voor reproductieratio juist niet meer inzetten voor fokkerij.' Bijma verwijst naar figuur 1. 'We zien nu al dat er dieren zijn met een fokwaarde in de buurt van 1. Met een paar generaties van selectie lukt het wellicht om de gemiddelde fokwaarde voor R0 onder de 1 kunnen brengen, zodat de ziekte op een bedrijf zou kunnen uitsterven.'

Het onderzoek toont volgens Bijma aan dat er nog veel mogelijkheden liggen om via fokkerij aan de slag te gaan met infectieziekten. 'Er komen steeds meer mogelijkheden om fenotypische diergegevens die via automatisering zijn verzameld, te koppelen aan genotypische data', aldus Bijma. 'Met die data-koppeling kun je voor infectieziekten verder kijken dan met klassieke fokwaardeschatting, waarbij alleen gerekend wordt met het wel of niet hebben van een aandoening.'

Volgens Bijma is dit onderzoek met mortellaro daar een mooi voorbeeld van, maar de resultaten bieden ook perspectief voor andere aandoeningen. 'Door met regelmaat data te verzamelen kun je heel goed een besmetting in kaart brengen. Via genomische informatie kun je daarmee fokwaarden schatten voor R0. Hier ligt nog een heel stuk onontgonnen terrein dat kan zorgen voor nieuwe kansen om via fokkerij besmettelijke aandoeningen terug te dringen.' |