

# Inzicht in circulerende IB-stammen

Wereldwijd circuleren veel verschillende stammen van het virus dat infectieuze bronchitis (IB) kan veroorzaken. De zogeheten ‘fylogenetische boom’ helpt bij het screenen van de IB-virusstammen die in Nederland rondgaan en bij de identificatie van mogelijk belangrijke stammen voor de toekomst.

In Nederland komen diverse IB-stammen in meer of mindere mate voor. IB kan leiden tot ademhalingsproblemen, eiproductiestoornissen en soms nierproblemen. Goed vaccineren van de kippen kan de schade sterk verminderen. Bij het opstellen van een vaccinatieschema is het van belang om niet alleen rekening te houden met de stammen die eerder problemen hebben veroorzaakt op het bedrijf, maar ook te letten op de in de regio voorkomende stammen. Het doel van vaccineren is tenslotte om het huidige koppel te beschermen tegen de stammen waarvan het infectierisico het grootst is.

## IB-infectie vaststellen

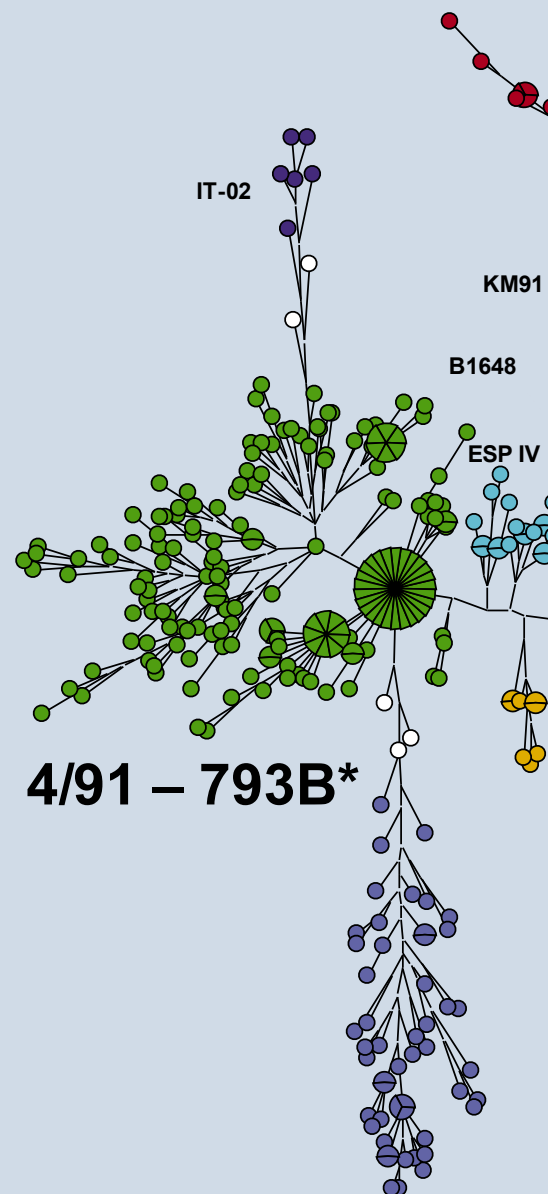
Het vaststellen van een IB-infectie kan op verschillende manieren, bijvoorbeeld door bloedonderzoek met een ELISA- of HART-test. Een andere optie is PCR-onderzoek. PCR staat voor Polymerase Chain Reaction, dit is een manier om uit zeer kleine hoeveelheden erfelijk materiaal (DNA of RNA) specifiek een of meer gedeeltes te vermeerderen tot er genoeg van is om het te analyseren. Na het aantonen van een IB-virus met PCR is het mogelijk om het virus in detail te identificeren door een bepaald gen (het ‘S1-gen’ van het virus) te ‘sequencen’. Sequencen betekent dat de volgorde (sequentie) van de bouwstenen van het genetisch materiaal van het virus wordt vastgesteld. De uitslag hiervan is weer te geven in percentages

overeenkomst met bekende vaccin- en veldstammen van IB uit de database van GD en Genbank, een wereldwijde database van IB-stammen. Aan de hand van de resultaten van ingezonden monsters wordt de database van GD regelmatig uitgebreid met nieuwe vaccin- en veldstammen.

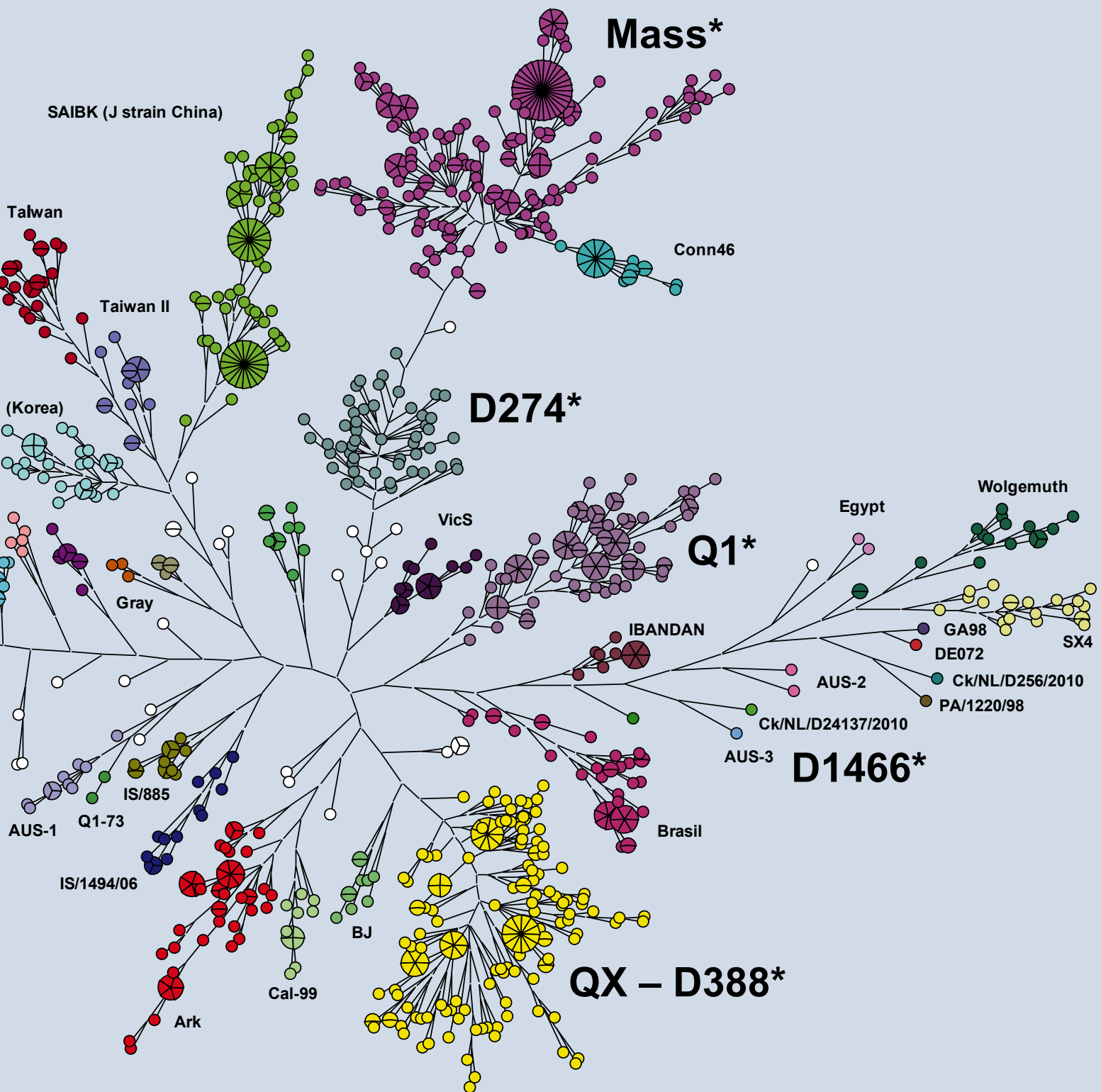
De PCR-uitslag wordt gegeven in een genotype (de hoofdgroep van het virus: bijvoorbeeld Mass, D274, D388, of 793B-4/91) en het percentage overeenkomst van de sequentie met de (meest) verwante stam van dat genotype in de database. Hierbij kijken de onderzoekers van GD ook of de gevonden stam meer op een vaccin- of een veldstam lijkt. Het kan voorkomen dat een mengsel van verschillende stammen in het monster wordt aangetoond. Dan zullen ze met speciale software proberen om de verschillende stammen te identificeren. Wanneer de onderzoekers een stam vinden zonder verwantschap, dan krijgt deze een nieuwe naam.

## Fylogenetische boom

In het kader van dierziekte-monitoring worden op de resultaten van de sequencing nadere analyses uitgevoerd en een fylogenetische boom opgesteld (zie afbeelding). Deze boom speelt een belangrijke rol bij de screening van de circulerende stammen in Nederland. Ook kan de boom helpen bij het identificeren van mogelijk belangrijke stammen voor de toekomst.



Genotypering (onder meer via sequencing) is een waardevol middel om stammen snel te typeren, maar is niet geschikt om betrouwbaar te voorspellen hoe effectief een vaccin tegen een nieuwe IB-stam zal zijn. Daarvoor zijn nog steeds dierstudies nodig.



IB-stammen gemarkeerd met een \* zijn de bekendste IB-stammen die ook bij Nederlandse inzendingen zijn aangetroffen.

Fylogenetische boom: elke kleur is een ander IB-(geno)type. Elk klein bolletje is een (sequentie van een) stam die één keer gevonden is. Een grote bol met taartpunten is een sequentie (stam) die vaker gevonden is: elke taartpunt staat voor één keer. Een kort streepje dat bolletjes verbindt staat voor onderlinge verwantschap, waarbij er maar één verschil in de sequentie aangetoond is. Wanneer een stam met een langere (en vooral een groeiende) staart aan een grotere bol vastzit, dan is dit een veldstam die aan het veranderen is. Dit kan consequenties hebben voor de werkzaamheid van het vaccinatieprogramma, wat dan verder onderzocht moet worden.