

Genetische analyse van het IB-virus

Binnen GD doen we veel wetenschappelijk onderzoek. In deze rubriek lichten we er één uit. Deze keer vertelt onderzoeker Corneel Vermeulen van de afdeling Research and Development, over een onderzoek dat hij samen met collega's en met financiële steun van ZonMw uitvoerde.

Het infectieuze bronchitis-virus (IB-virus) zorgt voor infectieuze bronchitis bij kippen. Het IB-virus is een RNA-virus en een kenmerk van deze virussen is de snelle evolutionaire verandering die ze kunnen doormaken. Dit virus is een opmerkelijk diverse ziekteverwekker, met tientallen varianten.

GD heeft inmiddels een omvangrijke database met genetische sequenties van ingestuurde klinische monsters opgebouwd. Monsters uit Nederlands pluimvee van de afgelopen tien jaar zijn onderzocht om kennis op te doen over de dynamiek van afstammingslijnen van het IB-virus.

Naast een handvol kleinere varianten zijn in Nederland twee grote afstammingslijnen van het IB-virus: GI-13 (793B) en GI-19 (QX-D388). Het naast elkaar bestaan van meerdere virusafstammingslijnen is niet uniek en bekend voor andere virussen. Vaak wisselen de twee afstammingslijnen elkaar af als dominante variant. Bij het IB-virus bleek dit niet het geval te zijn. Hoe kan dat worden verklaard?

Binnen GI-19 vonden we meerdere clusters van sequenties die niet konden worden herleid naar bekende vaccins

Het productietype van de gastheer (oftewel de kip)

We stelden vast dat infecties met de GI-19-afstammingslijn vaker voorkwamen bij vleeskuikens. Bij infecties met GI-13 zagen we juist het tegenovergestelde: vleeskuikens waren ondervertegenwoordigd en de meeste geïnfecteerde kippen waren leghennen. Een mogelijk scenario is dat de grote afstammingslijnen verschillen in hun vermogen om verschillende risicofactoren tussen de twee bedrijfstypes te benutten, zoals verschillen in vaccinatiestrategie.



Corneel Vermeulen

Het verloop van nieuwe varianten in de afstammingslijn

Wat verder opviel is het verloop van nieuwe varianten binnen de afstammingslijnen. Zowel GI-13 als GI-19 bevat grote groepen (clusters) van zeer vergelijkbare sequenties. Nader onderzoek van deze clusters in GI-13 toonde aan dat het gaat om van vaccins afgeleide sequenties. Dit is logisch, aangezien levend verzwakte vaccins vaak worden gebruikt, maar niet evolueren. Binnen GI-19 vonden we meerdere clusters van sequenties die niet konden worden herleid naar bekende vaccins. Bovendien verschenen deze clusters in een opeenvolging van uitbraken die doorgaans één tot drie jaar duurden. Het kan gaan om opeenvolgende epidemieën die de Nederlandse pluimveestapel troffen of om opeenvolgende introducties en vervolgens uitsterven van veldstammen bij pluimvee.

Conclusie

Genetische typering van sequenties van het IB-virus maakt het mogelijk om verschillende varianten waarmee kippen worden geïnfecteerd te onderscheiden. Door deze te bestuderen krijgen we extra inzicht en waardevolle kennis voor de pluimveegezondheid.

SCAN DE QR-CODE OM HET HELE ONDERZOEK TE LEZEN

