

RESULTATEN PRAKTIJKONDERZOEK

Onder de loep: vlekziekte en O.r.

In het kader van het veterinair praktijkonderzoek dat wordt gefinancierd door AVINED, voerde GD verdiepende onderzoeken uit voor een aantal (nieuw) opkomende ziekteverwekkers of die gerelateerd zijn aan een veranderend ziektebeeld. In de vorige editie van *Pluimvee* zijn de resultaten van dit verdiepende onderzoek naar streptokokken toegelicht. In deze editie delen we meer over de kiemen *Erysipelothrix rhusiopathiae* (veroorzaker van vlekziekte) en *Ornithobacterium rhinotracheale* (O.r.).

Erysipelothrix rhusiopathiae

Deze bacterie kan vlekziekte veroorzaken bij zowel mensen als verschillende diersoorten, waaronder varkens, vissen, schapen en pluimvee. Bij pluimvee manifesteert vlekziekte zich door huidafwijkingen en verhoogde uitval door buikvliesontsteking en bloedvergiftiging. In ernstige gevallen kan de uitval oplopen tot meer dan 25 procent van het koppel. Elk jaar wordt vlekziekte aangetoond op zo'n vijf tot tien pluimveebedrijven, met name bij leg-hennen. Om deze ziekte te voorkomen zijn preventieve maatregelen belangrijk, bestaande uit goede ongediertebestrijding, voorkomen van kannibalisme en vaccinatie. Uit eerder onderzoek blijkt dat ook na vaccinatie uitval aanwezig kan zijn ten gevolge van vlekziekte. Binnen dit onderzoek is gekeken naar de genetische variatie tussen bacteriën van verschillende diersoorten, serotypen, regio's en in de tijd. De totale genetische variatie tussen bacteriën blijkt groot te zijn. De verschillen tussen bacteriën afkomstig van hetzelfde koppel waren klein bij de onderzochte gevallen. Dit duidt erop dat bij problemen door vlekziekte binnen een koppel sprake is van een mono-infectie van één ziekteverwekkende bacteriestam. Dit past bij het acute en ernstige verloop van vlekziekte binnen een ongevaccineerd koppel. Door specifiek te kijken naar dat deel van het genoom dat belangrijk is

voor de opbouw van afweer (het Spa-gen) zijn er drie verschillende groepen (groep I tot en met III) binnen het Spa-type A te onderscheiden, zowel bij pluimvee als bij varkens. Deze drie groepen komen verspreid over Nederland voor. Op bedrijven waar meerdere koppels besmet raakten met vlekziekte en waarvan meerdere isolaten zijn onderzocht, zijn gemiddeld grotere verschillen te vinden op het Spa-gen. Van de zeven bedrijven met isolaten van meerdere koppels zijn bij vijf bedrijven meer dan tien SNP's* verschil gevonden op het Spa-gen. Mogelijk speelt, ondanks vaccinatie, het verschil in Spa-gen een rol in de terugkerende vlekziekte-uitval. Om de relevantie van de genetische verschillen goed in beeld te brengen, zou een dierstudie met verschillende stammen en vaccinatiestrategieën moeten worden uitgevoerd. Daarnaast is het aan te bevelen om de variatie in vlekziektebacteriën te blijven monitoren (op basis van het Spa-gen), met name bij terugkerende uitval ten gevolge van vlekziekte. Bij bedrijven die in het verleden uitbraken met vlekziekte hebben meegemaakt, is het mogelijk om de bacterie in omgevingsmonsters of in dieren op te sporen middels een PCR-test. ►

MEER OVER VLEKZIEKTE



*) Enkel-nucleotide-polymorfie (Engels: single-nucleotide polymorphism, afgekort als SNP) betreft een variatie in het DNA, een polymorfie, van een enkele nucleotide lang. Op één plaats in het genoom kan men dan bij verschillende dieren een ander nucleotide aantreffen.

Ornithobacterium rhinotracheale

De bacterie *Ornithobacterium rhinotracheale* (O.r.) is bekend als veroorzaker van luchtwegproblemen bij pluimvee. Met name bij vleeskuikens kan de schade door deze bacterie groot zijn, met verminderde groei, sterfte en afkeur aan de slachtlijn. Aangestaste kippen worden ook wel 'kaaskuikens' genoemd door de kaasachtige veranderingen in de buikholte en luchtzakken. Eerder onderzoek laat grote genetische overeenkomsten zien tussen bacteriestammen die werden gevonden met het bekende beeld van aantasting van luchtzakken en stammen gevonden in gevallen met een ander ziektebeeld, namelijk dat van bloedvergiftiging door O.r.

Er was alleen meer inzicht nodig in de genetische variatie van de O.r.-bacteriën in Nederland. In dit onderzoek zijn meer O.r.-stammen verzameld en onderzocht door middel van whole genome-sequencing, oftewel, onderzoek van het gehele genoom. Hieruit blijkt dat in Nederland zes verschillende genetische clusters voorkomen, waarbij aanwijzing is voor een mogelijke verschuiving van dominante clusters in de tijd.

Uit het onderzoek blijkt dat het onwaarschijnlijk is dat meerdere O.r.-stammen betrokken zijn bij een uitbraak in een kop-pel. De genetische variatie tussen stammen gevonden op bedrijven met herhaaldelijke uitbraken was laag, behalve bij één bedrijf. Ook blijkt dat er geen eenduidig verband is tussen het genotype en het ziektebeeld. Het ziektebeeld van bloedvergiftiging is enkel aangetoond bij infecties met stammen van de genotypes die in de recente jaren in Nederland worden gevonden. Het is niet bekend of andere genotypes ook in staat zijn het ziektebeeld van bloedvergiftiging te veroorzaken. Wel blijkt dat de recente genotypes naast het beeld van bloedvergiftiging ook het klassieke beeld van luchtwegproblemen kunnen veroorzaken.

Verder onderzoek zal meer inzicht bieden, zo kan het ziekmakend vermogen worden bepaald. Ook kan het effect van co-infecties, zoals een infectie met het Gumborovirus, worden onderzocht. ■

