

Analiza molekularna szczepów prątka bydlęcego *Mycobacterium caprae* izolowanych od żubrów w Polsce

Molecular analysis *Mycobacterium caprae* strains isolated from European bison in Poland

Monika Krajewska, Monika Kozińska, Blanka Orłowska,
Ewa Augustynowicz - Kopeć, Krzysztof Anusz, Krzysztof Szulowski
e-mail: monika.krajewska@piwet.pulawy.pl

Abstract

The analysis involved 30 strains archived during 2010-2015 by the Department of Microbiology, National Veterinary Research Institute, Pulawy. The strains coming from Bieszczady (N=18) shared identical spoligotype 200037777377400 – a yet-unrecorded in an international spoligotyping database. Unique codes obtained during MIRU/VNTR method corroborated the transmission of the disease within the herd. The second group of study animals came from Smardzewice (N=10), Borecka Primeval Forest (N=1) and Warsaw Zoological Garden (N=1). Spoligotyping method indicated that all strains (N=12) showing spoligo pattern CAP 1600. In MIRU-VNTR all strains showed the same genetic pattern. Based on this research can suppose a common source of transmission between three herds.

Wstęp

Gruźlica bydlęca jest chorobą wysoce zakaźną, a źródłem zakażenia jest najczęściej chore zwierzę. Choroba może być transmitowana drogą aerogenną lub pokarmową. W przypadku infekcji drogą alimentarną, prątki mają zdolność przechodzenia przez błonę śluzową jelit, wówczas ognisko pierwotne powstaje w węzłach chłonnych krezkowych, które obrzmiewają, tworząc tzw. pakiety.

Do maja 2015r. gruźlicę bydlęcą u żubrów w Polsce stwierdzono w nieistniejącym już stadzie „Górny San” bytującym na terenie Bieszczad, w OHŻ w Smardzewicach, zagrodzie pokazowej w Puszczy Boreckiej oraz w ogrodzie zoologicznym w Warszawie. Na przestrzeni ostatnich 5 lat zbadano łącznie post mortem 71 żubrów, z czego u 35 osobników gruźlicę potwierdzono metodami mikrobiologicznymi.

Cel pracy

Zbadanie pokrewieństw genetycznych wśród szczepów *Mycobacterium caprae* wyhodowanych od żubrów w Polsce.

Materiały i metody

Analizie poddano 30 szczepów *M. caprae* wyhodowanych z tkanek 30 żubrów. Najlicniejsza grupa przebadanych żubrów (N=18) pochodziła z Bieszczad, z nieistniejącego już stada „Górny San”, druga grupa żubrów (N=10) pochodziła ze OHŻ w Smardzewicach. Zbadano również szczep wyizolowany od 29-letniej krowy żubra z ogrodu zoologicznego w Warszawie oraz szczep od żubra Pospalek z Puszczy Boreckiej.

W pracy zastosowano dwie metody genotypowania: spoligotyping jako metodę screeningową identyfikującą główne rodziny molekularne prątków, oraz metodę MIRU-VNTR (15 loci).

Wyniki i omówienie

Wszystkie „bieszczadzkie” szczepy (N=18) posiadały identyczny spoligotyp 200037777377400, nie zarejestrowany do tej pory w międzynarodowej bazie spoligotypów (SpolDB4). Analiza MIRU-VNTR (15 loci) potwierdziła identyczność genetyczną badanych szczepów wskazując na transmisję gruźlicy w tym stadzie.

Szczepy wyhodowane z materiałów od pozostałych 12 żubrów: ze Smardzewic, Puszczy Boreckiej i Warszawy miały ten sam spoligotyp CAP 1600, zarejestrowany wcześniej w bazie danych i powszechnie występujący w Europie. Dalsza analiza molekularna szczepów metodą MIRU-VNTR potwierdziła transmisję gruźlicy w tych stadach i/lub wskazywała na wspólne źródło zakażenia. Jak ustalono, żubr pochodzący z Puszczy Boreckiej urodził się w OHŻ w Smardzewicach. Dochodzenie epidemiologiczne nie pozwoliło wskazać okoliczności, w jakich doszło do zakażenia 29-letniej krowy, która urodziła się w warszawskim ogrodzie zoologicznym, gdzie przebywała przez całe życie?

