



## Typebestemmelse af de danske *M. bovis* stammer

**Kokotovic, Branko**

*Publication date:*  
2015

*Document Version*  
Også kaldet Forlagets PDF

[Link back to DTU Orbit](#)

*Citation (APA):*  
Kokotovic, B. (2015). *Typebestemmelse af de danske M. bovis stammer*. Abstract fra Kvegkonference 2015, Billund, Danmark.

---

### General rights

Copyright and moral rights for the publications made accessible in the public portal are retained by the authors and/or other copyright owners and it is a condition of accessing publications that users recognise and abide by the legal requirements associated with these rights.

- Users may download and print one copy of any publication from the public portal for the purpose of private study or research.
- You may not further distribute the material or use it for any profit-making activity or commercial gain
- You may freely distribute the URL identifying the publication in the public portal

If you believe that this document breaches copyright please contact us providing details, and we will remove access to the work immediately and investigate your claim.

## Typebestemmelse af de danske *M. bovis* stammer

Branko Kokotovic, Veterinærinstituttet, Danmarks Tekniske Universitet

*Mycoplasma bovis* er en af de mest betydningsfulde mykoplasma i kvægbruget på verdensplan. Bakterien findes oftest i forbindelse med mastitis, lunge- og ledbetændelse, men andre kliniske manifestationer kan også forekomme. Der findes ikke præcise, nyere beregninger over konsekvenser af *M. bovis* relateret sygdomme, men det anses, at infektionen hvert år globalt set pålægger en økonomisk byrde til kvægbruget i en multimillion skala.

*M. bovis* blev for første gang påvist i Danmark i 1981 og gennem 1980'erne har bakterien forårsaget store udbrud af mastitis. I de følgende årtier blev bakterien isoleret sporadisk fra mange forskellige kvægbesætninger, men på trods af en tilsyneladende stigende forekomst i 1990'erne, blev der ikke registreret omfattende sundhedsmæssige problemer som følge af *M. bovis* smitte. Siden 2011 er *M. bovis* dog kommet i fokus igen på grund af alvorlige udbrud af især ledbetændelse, men også mastitis og lungebetændelse i adskillige besætninger landet over.

I de seneste fire år blev *M. bovis* isoleret ved DTU-VET fra led, lunge, mellemøre, mælk og yver fra klinisk syge dyr samt næsesvaber og øjensvaber fra dyr uden kliniske symptomer i besætninger fra Jylland, Fyn, Sjælland, Lolland og Bornholm. De opsamlede stammer blev undersøgt for variation i hele bakteriens genom (arvemassen) ved fuldgenomsekventering med henblik på at kortlægge genomisk diversitet i den nyere danske population af *M. bovis*. Desuden blev disse også sammenlignet med de ældre danske isolater med henblik på at identificere eventuel tilstedeværelse af stabile klonale linjer over en længere tidsperiode.

Resultater af fuldgenomsekventering viser at *M. bovis* stammer som blev isoleret i perioden 2011-2014 tilhører to tæt beslægtede, men alligevel klart forskellige klonale linjer, vilkårligt mærket i dette indlæg G1 og G2. Stammer tilhørende G1 linjen blev isoleret fra alt undersøgt organmateriale samt svaberprøver fra både syge og tilsyneladende raske dyr. Denne klonale linje blev fundet i alle undersøgte besætninger, på nær én, hvor der blev påvist en anden klonal linje, G2. Der var kun to blandt de undersøgte *M. bovis* stammer som tilhørte G2 linjen og begge stammer blev isoleret fra det samme dyr fra hhv. lunge og lungehinde.

Ydermere viste fuldgenomsekventering at de gamle danske *M. bovis* stammer, som blev isoleret i perioden 1984-2001 tilhører en tredje særskilt klonal linje, G3. Disse stammer er nært beslægtet med *M. bovis* type stammen, PG45 som blev isoleret i 1961 i USA. De gamle danske *M. bovis* stammer som tilhører G3 klonal linjen er genetisk klart forskellige fra, og forholdsvis fjernt beslægtede med, de nye *M. bovis* stammer som tilhører klonal linjer G1 og G2.

For at fastslå beslægtetheden af G1 og G2 klonal linjer med de globalt kendte *M. bovis* typer har vi analyseret et udvalg af "husholdnings" gener som indgår i typning skemaet (1). Undersøgelsen viste at stammer tilhørende G1 og G2 klonal linjer repræsenterer hidtil ukendte typer som hører til et såkaldt "Clonal Complex 2".

Vores resultater viser entydigt at de seneste års udbrud af *M. bovis* relaterede sygdomme i kvægbesætninger over hele landet hovedsageligt skyldes infektion med en enkelt klonal linje af bakterien. Denne klonal linje har tilsyneladende ingen præferencer til et bestemt organ og er i stand til at forårsage forskellige kliniske manifestationer. Desuden er denne klonal linje aldrig før blevet påvist hverken i Danmark eller i udlandet, og så er den genetisk ganske forskellig fra de gamle danske stammer isoleret før 2001.

1. Rosales et al. 2015. Global Multilocus Sequence Typing Analysis of *Mycoplasma bovis* Isolates Reveals Two Main Population Clusters. *J. Clin. Microbiol.* 53, 789-794.