



Forskere forsøger at finde årsag til ny spædgrisediarré

Hermann-Bank, Marie Louise

Published in:
Hyologisk

Publication date:
2012

[Link back to DTU Orbit](#)


Citation (APA):
Hermann-Bank, M. L. (2012). Forskere forsøger at finde årsag til ny spædgrisediarré. *Hyologisk*, 34(8), 30-32.

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.



Tekst: dyrlæge og ph.d. studerende MARIE LOUISE HERMANN-BANK, DTU Veterinærinstituttet

Forskere forsøger at finde årsag til ny spædgrisediarré

En ny form for spædgrisediarré har hærget flere svinebesætninger de seneste år

■ Nyt forskningsprojekt skal finde årsagen til spædgrisediarréen, "ny neonatal porcini diarré" (NNPD).

Forskere fra DTU Veterinærinstituttet har startet et forskningsprojekt op i samarbejde med Videncenter for Svineproduktion med det formål at forsøge at finde årsagen til spædgrisediarréen, der har fået tilnavnet "ny neonatal porcini diarré" (NNPD).

NNPD forekommer indenfor den første leveuge og manifesterer sig ved, at grisene bliver utrivelige og skravlede. Det betyder, at grisene taber sig og efterfølgende har svært ved at nå den samme vægt som dyr

uden diarré på samme alder. NNPD adskiller sig fra andre former for smågrisediarré ved, at behandlingstiltag med antibiotika og vacciner ikke virker til at have nogen effekt på sygdommen.

Som en del af forskningsprojektet er der udviklet en molekylær metode, som kan afsløre, hvilke bakterier der findes i tarmfloraen hos grise. Metoden giver et estimat af fordelingen og mængden af forskellige bakteriegrupper i tarmfloraen. Der er vigtigt at kende mængden

og fordelingen af bakterier, når man skal forsøge at fastslå, hvorvidt bakterier er en tilgrundliggende faktor til spædgrisediarréen. Håbet er, at man kan finde ud af, hvilke bakterier der forårsager diarréen, såfremt den er bakterielt betinget. Under alle omstændigheder opnår man en bakterieprofil over tarmfloraen, hvoraf man formentlig kan udlede, hvilke bakterier der bidrager til et gavnligt miljø i tarmen, og som man bør forsøge at fremme, så man måske helt kan undgå diarréen.

Tyder på en multifaktoriel sygdom

Metoden har taget godt et år at udvikle, og den er nu klar til at stå distancen. I øjeblikket sammenlignes tarmfloraen i pattegrise med og uden NNPD. Selv om data fra forsøgene først skal under kyndig behandling, tyder meget på, at NNPD ikke skyldes den samme sygdomsfremkaldende bakterie i de besætninger, der er blevet undersøgt. Interessant nok er der klare forskelle i fordelingen af visse bakteriegrupper i tarmfloraen imellem syge og raske dyr. Om en ubalanceret tarmflora er selve årsagen til NNPD, eller om det er en følge af NNPD, må tiden dog vise.

Den molekylære metode udføres på en chip kaldet "Access Array 48.48" fra Fluidigm®. Den er konstrueret med 48 brønde i hver side og med 2.304 reaktionskamre i midten. Forskerne oprenser det bakterielle DNA fra tarminholdet fra grisene, og disse prøver tilføres brøndene

i den ene side af chippen, en prøve i hver brønd. Således kan chippen analysere 48 prøver samtidig. I den anden side fyldes der 24 såkaldte primerpar, et primerpar til to brønde, man kører med dobbeltanalyser for hvert primerpar for at minimere den tekniske variation.

Primerpar er små DNA stykker, der er specifikt rettet mod hver deres bakterie eller bakteriegruppe. Når et specifikt primerpar bliver blandet med en prøve, der indeholder den bakteriegruppe, det er designet til at finde, vil det binde til DNAet, og det vil give et positivt resultat. Jo mere af den pågældende bakterie, der er i prøven, jo lavere værdi fremkommer for den pågældende reaktion. Så en lav score er lig med et stort antal bakterier og omvendt.

Primerparrene i denne metode er rettet mod meget overordnede bakteriegrupper, hvilket sikrer, at man med høj sandsynlighed vil fange den eller de sygdomsfremkaldende bakterier, hvis de er der.

Stregkode holder styr på prøverne

Hvad der er endnu smartere er, at alle prøverne bliver mærket med en "stregkode", så man altid ved, hvilket dyr den specifikke bakterieprofil stammer fra.

Når man har fundet frem til en bestemt bakteriegruppe, der er fremtrædende hos syge dyr i forhold til raske, kan man efterfølgende blive klogere på, hvilke bakterier der er i den pågældende gruppe ved at få prøverne sekventeret. Det vil sige, at man går ind og undersøger grup-

MARKEDETS BEDSTE FODERAUTOMAT

FÅR DU HOS SKIOLD

- SKIOLD MaxiMat foderautomat fik en flot 1. plads i Videncenter for Svineproduktion's nyeste afprøvelse af foderautomater på det danske marked
- SKIOLD MaxiMat ligger i front på områderne funktion, betjeningsvenlig og holdbarhed/slid, mens alle fem afprøvede automater på området produktionsresultater lå tæt.

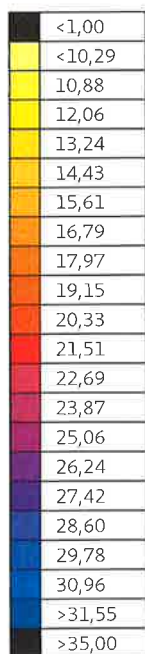
Se hele Videncenter for Svineproduktion's rapport på SKIOLDs hjemmeside: www.skiold.com

Jylland:
Hans Jakob: 40 56 87 05
Sjælland & Øerne:
Finn: 40 56 87 01

KJELDGAARDSVEJ 3 · DK-9300 SÆBY · TEL 99 89 88 87 ·
FAX 99 89 88 77 · SKIOLD@SKIOLD.COM · WWW.SKIOLD.COM



SKIOLD



■ Farvekortet viser resultater for seks dyr: Tre syge (kolonne 1-3) og tre raske (kolonne 4-6). Farverne indikerer, hvor mange bakterier der var af den pågældende bakteriegruppe. På baggrund af scoren bliver værdierne tillagt en farve. Jo lavere score jo flere bakterier og omvendt. Farveskala og score er vist til højre på billedet. Gul = lav score = mange bakterier. Lilla = høj score = få bakterier. Sort = ingen bakterier tilstede. Primerparrene er vist i rækkerne nedad, der er kørt med dobbeltanalyser for alle primerpar. Således ses det, at der er forskellig fordeling af bestemte bakteriegrupper i syge og raske grise.

pen i detaljer ved at afkode DNAet, som gruppen består af. Dermed får man et indblik i, hvilke slægter og arter af bakterier, gruppen er sammensat af.

At prøverne har stregkoder betyder, at man kan blande de prøver, man ønsker mere information om, og sende det af sted som én prøve. Dette har en økonomisk fordel, da det er langt billigere at få prøverne sekventeret samlet end enkeltvis.

Den nye test – udover at være et vigtigt værktøj til at undersøge tarmfloraen hos dyr med og uden NNPD – kan også være et muligt værktøj til at teste tarmfloraen i andre sygdomstilfælde og i andre dyrearter eller endda mennesker.

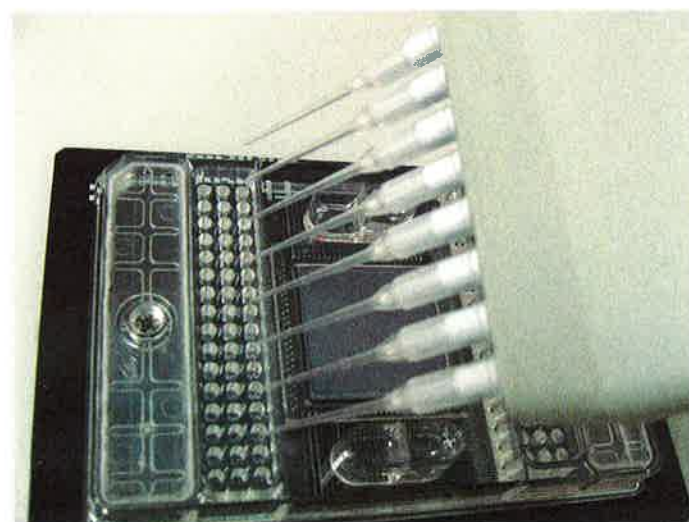
Metodens største forer er at den er forholdsvis billig og hurtigt giver et nuanceret resultat over et stort antal prøver på en gang. At analysere et tilsvarende antal prøver for så mange bakterier ville tage virkelig lang tid.

Det er håbet, at metoden i fremtiden vil kunne bruges som et diagnostisk værktøj ved udbrud af mavetarm-sygdomme til at fastslå, hvilke bakterier der er de sygdomsfremkaldende, og dermed kan man behandle målrettet mod disse.

Mere om metoden

Grisene, som indgik i studiet over ny neonatal porcin diarré (NNPD) blev udvalgt nøje af dyrlæge og ph.d. studerende Hanne Kongsted fra Videncenter for Svineproduktion. Blandt andet blev det sikret, at diarréen ikke var forårsaget af de klassiske diarréfremkaldende lidelser såsom clostridier, colibakterier eller rotavirus. Grisene blev overvåget fra faring og flere dage frem, for at samle prøver og informationer ind fra flere stadier under sygdomsforløbet og dermed få en større indsigt og forståelse af problemet.

Resultatet af alle analyserne bliver vist som et farvekort over alle reaktionskamrene. Selve analysen foregår således, at alle prøvebrønde og primerbrønde er forbundet af bittesmå kanaler, som ved hjælp af lufttryk og ventiler gør, at alle prøverne hver især bliver kombineret med alle primerne i hvert sit reaktionskammer, hvilket giver 48 x 48 = 2.304 individuelle reaktioner. Således bliver 48 prøver undersøgt for 24 forskellige bakteriegrupper samtidig. ■



■ Prøver bliver pipetteret ned i prøvebrøndene otte af gangen. I den anden side skelnes primerbrøndene og i midten af chippen en sort firkant, som er de 2.304 bittesmå reaktionskamre.