

Anaplasma phagocytophilum infeksjon (sjodogg) hos sau – er hjortevilt reservoaret?

KRISTIN SÆBØ PETTERSEN¹, SNORRE STUEN¹, ERIK GEORG GRANQUIST¹, KARIN BERGSTRÖM², RICHARD BIRTLES³

¹Norges Veterinærhøgskole, Institutt for produksjonsdyrmedisin, Sandnes

²Statens Veterinäre Anstalt, Uppsala, Sverige

³Universitetet i Liverpool, Faculty of Veterinary Pathology, Storbritannia

Innledning

Flått er en av de viktigste vektorene for overføring av smittestoff til dyr og mennesker og spres på naturlig måte med vertsdyr, for eksempel med fugl og hjortevilt. I Norge er det påvist 12 ulike arter av flått, hvorav skogflåtten *Ixodes ricinus* er den viktigste vektoren for overførbare smittestoff hos mennesker og dyr. Skogflåtten lever hovedsakelig i kystområder av Sør-Norge, men utbredelsesområdet endrer seg stadig. Økt tetthet og utbredelse av flått er blitt observert i sentrale og nordlige deler av Sverige i løpet av de siste ti årene. Det er antydning at dette skyldes mildere vintre med lengre høst og tidligere vår, og dermed større sjanse for økt overlevelse i vinterhalvåret. Tilsvarende undersøkelser er ikke gjort i Norge. Samtidig som hjorteviltbestanden øker her i landet gror beiteene igjen på grunn av redusert beitebruk. Dette medfører økt tetthet av flått og økt risiko for smitte med flåttbårne infeksjoner. Det er imidlertid ikke alltid en direkte sammenheng mellom tetthet av flått og forekomst av flåttbårne sykdommer.

Skogflåtten kan overføre flere smittestoff. I Norge er de mest aktuelle: *Anaplasma phagocytophilum*, *Borrelia burgdorferi* sensu lato, *Babesia divergens/microti*, *Francisella tularensis* og tick-borne encefalitt (inklusive Louping-ill)-virus. *I. ricinus* kan forøvrig bære flere agens samtidig.

Bakterien *A. phagocytophilum* er det mest utbredte vektoroverførte smittestoffet hos dyr her i landet. Infeksjon med denne bakterien forårsaker sykdommen sjodogg. Sykdommen har vært kjent hos drøvtyggere i flere hundre år og er en av svøpene i saueholdet. Sjodogg kan medføre betydelige tap og forårsake store dyrevelferdsmessige utfordringer på enkelte beiter. Bakterien kan også forårsake sykdom hos andre arter, bl. a. hos hest, hund, katt og menneske.

A. phagocytophilum gir en persisterende infeksjon hos en rekke arter, inklusive sau, hjort og rådyr. Basert på sekvensering av 16S rRNA-genet hos bakterien er

det funnet flere genetiske varianter som kan gi ulik grad av kliniske symptomer hos smittede dyr.

Serologisk undersøkelse på sau og hjortevilt her i landet indikerer at infeksjonen er svært utbredt i flåttområder. En serologisk undersøkelse viste at 94 % av saueflokkene i flåttområder var smittet med *A. phagocytophilum*, mens en tilsvarende studie på elg, hjort og rådyr viste en prevalens på henholdsvis 43 %, 55 % og 96 %. På enkelte beiter kan 100 % av lammene være smittet om høsten.

Økt forekomst av hjortevilt kan gi økt risiko for smitte med *A. phagocytophilum* til husdyr og dette har vakt bekymring hos sauebøndene.

***A. phagocytophilum* hos sau og hjort**

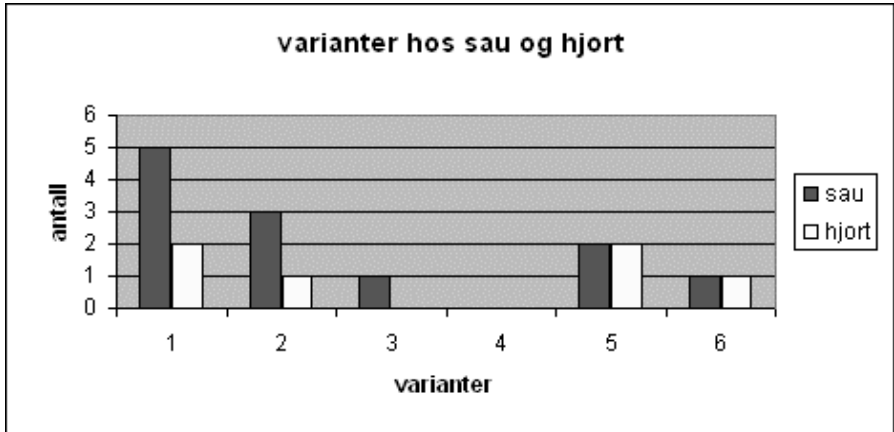
NVH, Sandnes ble sommeren 2007 kontaktet av en sauebonde i Vindafjord kommune i Rogaland, med spørsmål om hjortetrekking gjennom beite kunne ha betydning for den høye forekomsten av sjodogg i hans besetning. Denne forespørselen ble utgangspunktet for dette prosjektet der det ble tatt ut prøver fra lam hos denne gårdbrukeren og hjort i nærområdet. Eventuelle isolater av *A. phagocytophilum* ble deretter typet med hensyn på genene 16S rRNA og ”major surface protein 4” (msp4). Påvisning av genotypisk variasjon i disse genene vil bidra til økt kunnskap om hjorten kan være reservoar for de variantene av *A. phagocytophilum* som forårsaker sykdom hos sau.

Materiale og metoder

I 2007 ble det tatt ut blodprøver fra lam som gikk på beite. I tillegg ble det i forbindelse med jakta, tatt vevsprøver og blod av hjort fra samme geografiske område. Konvensjonell PCR for amplifisering av 16S rRNA-genet hos *A. phagocytophilum* ble utført og de PCR-positive prøvene ble sekvensert. I tillegg ble positive prøver også analysert for variasjon i msp4-genet ved hjelp av real-time PCR og gensekvensering.

Resultater

Blod fra 32 årslam, samt vevsprøver fra milt, nyre, lever og lunge fra åtte hjort ble undersøkt. Det ble påvist *A. phagocytophilum*-DNA fra syv hjort og 17 lam. Positive gensekvenser fra 11 lam og seks hjort ble identifisert. Det ble til sammen funnet 5 ulike 16S rRNA varianter (Figur 1).



Figur 1. 16S rRNA genvarianter av *A. phagocytophilum* hos hjort og lam. Hos et lam ble to varianter påvist.

Analyser av *msp4*-genet for *A. phagocytophilum* viste 11 varianter, men ingen varianter hos sau og hjort var identiske (data ikke vist).

Diskusjon/konklusjon

Det ble påvist *A. phagocytophilum*-DNA fra syv av åtte hjort (88 %) og fra 17 av 32 lam (53 %). Selv om undersøkelsen omfatter et begrenset materiale viser den at hjort blir eksponert for smitte. Analyse av 16S rRNA-genet hos *A. phagocytophilum* viste at variantene var jevnt fordelt mellom lam og hjort. Dette gir en sterk indikasjon på at hjorten er av stor betydning som reservoar for *A. phagocytophilum* hos sau og at det sannsynligvis forekommer en dynamisk utveksling av genvarianter mellom disse to artene. Studiet kunne ikke verifisere like *msp4*-varianter hos hjort og sau, men på grunn av den store diversiteten som hittil er dokumentert i *msp4*-genet for *A. phagocytophilum*, samt det begrensede utvalget i denne undersøkelsen, er det nærliggende å tro at like varianter forekommer hos disse artene.

Ettersom denne bakterien finnes i blodet hos hjort i lengre tid, vil flått som suger blod fra hjort lett ta opp smitte og overføre dette til et vertsdyr ved neste blodsuging. Økt forekomst av hjort på sauebeiter vil derfor kunne medføre økt smittepress og større risiko for sjodogg på sau.

Aktuelle referanser

Bjöersdorff A, Bergström S, Massung RF et al. Ehrlichia-infected ticks on migrating birds. *Emerg Infect Dis* 2001; 7: 877-9.

de la Fuente J, Massung RF, Wong SJ, Chu FK, Lutz H, Meli M, von Loewenich FD, Grzeszczuk A, Torina A, Caracappa S, Mangold AJ, Naranjo V, Stuen S, Kocan KM. Sequence analysis of the *msp4* gene of *Anaplasma phagocytophilum* strains. *J Clin Microbiol* 2005, 43, 1309-17.

Ladbury GAF, Stuen S, Thomas R, Bown KJ, Woldehiwet Z, Granquist EG, Birtles RJ: Dynamic transmission of numerous *Anaplasma phagocytophilum* genotypes among lambs in an infected sheep flock in an area of anaplasmosis endemicity. *J Clin Microbiol* 2008, 46(5), 1686-91.

Lindgren E, Tälleklint L, Polfeldt T. Impact of climatic change on the northern latitude limit and population density of the disease-transmitting European tick *Ixodes ricinus*. *Environ Health Perspect* 2000, 108, 119-23.

Mehl R, Sandven P, Braathen LR. Skogflåtten *Ixodes ricinus*. *Tidsskr Nor Lægeforen* 1987, 107, 1642-4.

Stuen S, Bergström K. Serological investigation of granulocytic Ehrlichia infection in sheep in Norway. *Acta Vet Scand* 2001, 42, 331-8.

Stuen S, Handeland K, Frammarsvik T, Bergström K: Experimental Ehrlichia phagocytophila infection in red deer (*Cervus elaphus*). *Vet Rec* 2001, 149, 390-2.

Stuen S, Åkerstedt J, Bergström K et al. Antibodies to granulocytic Ehrlichia in moose, red deer, and roe deer in Norway. *J Wild Dis* 2002, 38, 1-6.

Stuen S, van de Pol, I, Bergström K, Schouls LM: Identification of *Anaplasma phagocytophila* (formerly *Ehrlichia phagocytophila*) variants in blood from sheep in Norway. *J Clin Microbiol* 2002, 40, 3192-7.

Stuen S, Moum T, Petrovec M, Schouls LM. Genetic variants of *Anaplasma phagocytophilum* in Norway. *Int J Med Microbiol* 2006, 296, 164-6.

Stuen S. *Anaplasma phagocytophilum* – the most widespread tick-borne infection in animals in Europe. *Vet Res Comm* 2007, 31, Suppl 1, 79-84.