Abstract

Project Code : MRG5580146

Project Title : Molecular epidemiology and distribution of virulence-associated genes of *Streptococcus uberis* isolated from bovine milk in Chiang Mai, Thailand

Investigator : Asst. Prof. Dr. Sukolrat Boonyayatra
Faculty of Veterinary Medeicine, Chiang Mai University
Assoc. Prof. Prasit Tharavichitkul
Faculty of Medicine, Chiang Mai University

E-mail Address : bsukolrat@yahoo.com, sukolrat.b@cmu.ac.th

Project Period : 2 years (2 July 2012 to 1 July 2014)

Streptococcus uberis is a major bovine mastitis pathogen in northern Thailand. Several molecular epidemiological studies of *S. uberis* intramammary infection (IMI) have revealed a persistence of specific strains with enhanced virulence or transmissibility. We aimed to investigate the presence of *S. uberis* virulence-associated genes including plasminogen activator (*pauA*), glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase (*gapC*), oligopeptide permease (*oppF*), metal transporter uberis A (*mtuA*), hyaluronic acid capsules (*hasA*,*hasB*,*hasC*), lactoferrin binding protein (*lbp*), adhesion protein (*sua*), and CAMP factor (*cfu*), and the genetic distribution using pulsed field gel electrophoresis (PFGE) among the isolates from clinical, subclinical and latent IMI in Chiang Mai, Thailand. A total of 642 milk samples from 178 milking cows of 53 farms were collected and cultured. Confirmed by PCR, 88 *S. uberis* isolates were identified. The most prevalent virulence-associated gene was *oppF* (94.32%) followed by *hasC* (92.05%) and *mtuA* (92.05%). The PFGE was performed with 74 isolates and could classify into 56 pulsotypes. Even though high genetic variations could be observed, *S. uberis* isolates tended to be clustered by farms with regardless of the severity of IMI. Our findings suggest that surviving in the mammary glands may be a major role in the pathogenesis of *S. uberis* IMI, and farm-specific molecular patterns were confirmed.

Keywords : *Streptococcus uberis*, bovine mastitis, molecular epidemiology, pulsed field gel electrophoresis, virulence factor

บทคัดย่อ

รหัสโครงการ: MRG5580146

ชื่อโครงการ: ระบาดวิทยาทางโมเลกุลและการกระจายของยีนที่สัมพันธ์กับความรุนแรงของเชื้อสเตร็ปโตค็อกคัส ยูเบอริส ที่แยกได้จากน้ำนมโคในเขตจังหวัดเชียงใหม่ในประเทศไทย

ชื่อนักวิจัย: ผศ.สพ.ญ.ดร. ศุกลรัตน์ บุณยยาตรา
คณะสัตวแพทยศาสตร์ มหาวิทยาลัยเชียงใหม่
รศ. ประสิทธิ์ ธราวิจิตรกุล
คณะแพทยศาสตร์ มหาวิทยาลัยเชียงใหม่

E-mail Address : bsukolrat@yahoo.com, sukolrat.b@cmu.ac.th

ระยะเวลาโครงการ: 2 ปี (2 กรกฎาคม พ.ศ. 2555 ถึง 1 กรกฎาคม พ.ศ. 2557)

เชื้อสเตร็ปโตค็อกคัส ยูเบอริส เป็นเชื้อก่อโรคหลักของเต้านมอักเสบในโคนมในประเทศไทย การศึกษาระบาดวิทยาโมเลกุลของเชื้อสเตร็ปโตค็อกคัส ยูเบอริส ที่ติดเชื้อเข้าสู่เต้านม หลายการศึกษาได้รายงานการพบสเตรนจำเพาะที่มีความรุนแรงหรือความสามารถติดต่อที่สูงขึ้น วัตถุประสงค์ของการศึกษานี้ คือการสำรวจยีนที่เกี่ยวข้องกับความรุนแรงของเชื้อสเตร็ปโตค็อกคัส ยูเบอริส ได้แก่ plasminogen activator (*pauA*) glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase (*gapC*) oligopeptide permease (*oppF*) metal transporter uberis A (*mtuA*) hyaluronic acid capsules (*hasA*,*hasB*,*hasC*) lactoferrin binding protein (*lbp*) adhesion protein (*sua*) และ CAMP factor (*cfu*) รวมทั้งศึกษาระบาดวิทยาโมเลกุลด้วยวิธี pulsed field gel electrophoresis (PFGE) ของเชื้อที่เพาะแยกได้จากน้ำนมของแม่โคที่เป็นเต้านมอักเสบแบบแสดงอาการ แบบไม่แสดงอาการ และการติดเชื้อแอบแฝง ในเขตจังหวัดเชียงใหม่ ทำการเก็บตัวอย่างน้ำนมทั้งสิ้น 645 ตัวอย่าง จากแม่โค 181 ตัวใน 55 ฟาร์ม เพื่อนำมาเพาะเชื้อแบคทีเรีย และสามารถเพาะแยกเชื้อสเตร็ปโตค็อกคัส ยูเบอริส ได้ทั้งสิ้น 88 เชื้อ โดยยืนยันด้วยวิธี PCR ยีนที่เกี่ยวข้องกับความรุนแรงที่พบมากที่สุดคือ *oppF* (94.32%) ตามด้วย *hasC* (92.05%) และ *mtuA* (92.05%) PFGE ของเชื้อ 71 เชื้อ พบว่าสามารถแบ่งแยกได้เป็น 56 รูปแบบ และแม้ว่าจะมีรูปแบบหลากหลายมาก แต่รูปแบบของเชื้อสามารถแบ่งกลุ่มได้ตามฟาร์มโดยไม่เกี่ยวข้องกับความรุนแรงของการติดเชื้อ การศึกษานี้สรุปได้ว่า กระบวนการอยู่รอดภายในเต้านมของเชื้ออาจมีบทบาทหลักในการก่อโรคของเชื้อสเตร็ปโตค็อกคัส ยูเบอริส และสามารถยืนยันการพบรูปแบบของเชื้อที่จำเพาะต่อฟาร์มได้

คำหลัก: สเตร็ปโตค็อกคัส ยูเบอริส เต้านมอักเสบในโคนม ระบาดวิทยาโมเลกุล pulsed field gel electrophoresis ปัจจัยความรุนแรง