

**UNIWERSYTET PRZYRODNICZY WE WROCŁAWIU**  
**WYDZIAŁ MEDYCYNY WETERYNARYJNEJ**

**Monika Chmielewska-Władyka**

**ZAKAŻENIA BAKTERYJNE I WIRUSOWE W STADACH  
GĘSI TOWAROWYCH. BADANIA WYBRANYCH STAD  
W 2-LETNIM CYKLU OBSERWACJI**

**Rozprawa doktorska**

wykonana w Katedrze Epizootiologii  
z Kliniką Ptaków i Zwierząt Egzotycznych  
Uniwersytetu Przyrodniczego we Wrocławiu

**Promotor: Prof. dr hab. dr *h.c.* Alina Wieliczko**

Wrocław 2022

## 7. Streszczenie pracy

### **Zakażenia bakteryjne i wirusowe w stadach gęsi tuczowych. Badania wybranych stad w 2-letnim cyklu obserwacji.**

Intensyfikacja produkcji i stale rosnąca liczebność stad gęsi w kraju sprzyja rozwojowi zakażeń bakteryjnych i wirusowych. Mimo występowania tego zjawiska, w ostatnich latach w Polsce nie podejmowane były badania monitorujące występowanie chorób zakaźnych w stadach drobiu wodnego. Ponadto, notowane były okresowe niedobory szczepionki stosowanej w immunoprofilaktyce choroby Derzsy'ego u gęsi oraz przypadki wysoce zjadliwej grypy ptaków. Stąd też celem podjętych badań było określenie statusu zdrowotnego gęsi ze stad towarowych przeznaczonych do tuczu w chowie intensywnym.

Badania prowadzone były w dwuletnim cyklu obserwacyjnym tj. 2019 i 2020 roku. Gąsięta wstawiane na ферmy pochodziły z 3 różnych zakładów wylęgu. Program monitorowania stad prowadzony był przez cały okres odchowu oraz tuczu i obejmował 27 stad gęsi o liczebności od 3000 do 13000 sztuk. Ponadto ze względu na immunoprofilaktykę choroby Derzsy'go w stadach rodzicielskich gęsi i wydłużony sezon nieśności w analizie zdrowotności stad uwzględniono 2 okresy wstawień gąsiąt na ферmę: I sezon wylęgowy obejmujący wylęgi w okresie luty-marzec-kwiecień oraz II sezon wylęgowy obejmujący wylęgi w okresie: maj-czerwiec-lipiec.

Z przeprowadzonych badań wynika, że najczęściej stwierdzane zakażenia w stadach gęsi były wywoływane przez bakterie: *E. coli*, *E. rhusiopathiae*, *G. anatis* oraz *S. Typhimurium*, przy czym, zakażenie *G. anatis* stanowiło zazwyczaj koinfekcję z innym drobnoustrojem i/lub wirusem. W niemal połowie badanych stad w 2019 r. potwierdzono także infekcję *Aspergillus fumigatus*. Charakterystyka wyizolowanych szczepów *E. coli* wykazała, że większość izolatów prezentuje fenotyp MDR. Najczęściej diagnozowanym profilem oporności w roku 2019 był: AMOX ENRO OXY TET SDM SXT STZ a w roku 2020 był to profil: AMOX ENRO FFN OXY TET SDM SXT STZ. Wyizolowane szczepy *E. coli* charakteryzowały się wysoką prewalencją genów oporności na betalaktamy (gen *blaTEM*) oraz tetracykliny (gen *tetA*). Ponadto, wśród izolatów z 2020 r. stwierdzano często geny oporności na sulfonamidy (gen *sul1* i *sul2*). W przypadku genów zjadliwości, najczęściej diagnozowano w roku 2019 gen *iss*, a w

roku 2020 gen *iucD*. Wszystkie zgromadzone izolaty *E. coli* pochodzące od gęsi tworzyły biofilm na podłożu LB, najczęściej na średnim poziomie. Ponadto analiza poziomu przeciwciał anti-GPV w badanych surowicach pobranych od gęsi w obu latach badawczych, potwierdziła obecność swoistych przeciwciał anti-GPV we wszystkich próbkach. Nie zaobserwowano natomiast zależności pomiędzy wysokością poziomu przeciwciał anti-GPV a pochodzeniem piskląt (ZWD). Z badań wynika, że nie istnieje zależność pomiędzy wartością biologiczną piskląt gęsich a ZWD czy sezonem wstawienia gąsiąt na fermę.

Badania wirusologiczne wykazały, że we wszystkich badanych stadach potwierdzono obecność materiału genetycznego GPV, w obu latach badawczych. Przeprowadzona analiza filogenetyczna materiału genetycznego GPV wykazała że większość sekwencji należy do grupy szczepu klasycznego GPV. Tylko 4 sekwencje należały do grupy szczepu określanego jako novel GPV a jedna pochodziła z grupy szczepu szczepionkowego. Z kolei, częstotliwość diagnozowania zakażeń GoCV w latach 2019-2020 wynosiła odpowiednio 46,15% i 42,86%. Analiza filogenetyczna materiału genetycznego GoCV wykazała wysoką homologię badanych sekwencji. Odnotowano także wysoki odsetek stad zakażonych polyomawirusem gęsi zarówno w 2019 r. (76,92%) jak i w 2020 r. (42,86%). Niepokoi fakt występowania zakażeń mieszanych (GPV+GoCV+GHPV) w 30,77% stad w 2019 r. i 14,28% stad w 2020 r. Wspomniane infekcje wirusowe i/lub bakteryjne miały negatywny wpływ na końcowy wynik tuczu. Nie zaobserwowano z kolei, zależności pomiędzy statusem zdrowotnym piskląt pochodzących z danego ZWD a częstością stwierdzanych zakażeń wirusowych.

## 8. Abstract

### **Bacterial and viral infections in flocks of fattening geese. Research on selected herds in a 2-year observation cycle.**

The intensification of production and the constantly growing number of geese flocks in the country favor the development of bacterial and viral infections. Despite the occurrence of this phenomenon, in recent years, no studies have been undertaken in Poland to monitor the occurrence of infectious diseases in waterfowl herds. Moreover, periodic shortages of vaccine used in immunoprophylaxis of Derzsy's disease in geese and cases of highly pathogenic avian influenza have been reported. Hence, the aim of the undertaken research was to determine the health status of geese from commercial herds intended for fattening in intensive farming.

The research was conducted in a two-year observation cycle, i.e. 2019 and 2020. The geese placed on farms came from 3 different hatcheries. The herd monitoring program was carried out throughout the rearing and fattening period and included 27 flocks of geese ranging in size from 3,000 to 13,000 heads. In addition, due to the immunoprophylaxis of Derzsy's disease in the parent stock of geese and the extended laying season, the analysis of the health of the flocks includes 2 periods of insertion of geese on the farm: 1st hatching season including broods in February-March- April and the second hatching season including broods in the period: May-June-July.

The conducted research shows that the most common infections found in goose herds were caused by the bacteria: *E. coli*, *E. rhusiopathiae*, *G. anatis* and *S. Typhimurium*, while the infection with *G. anatis* was usually a co-infection with another microorganism and / or virus. . In 2019, infection with *Aspergillus fumigatus* was also confirmed in almost half of the flocks studied. Characterization of the isolated *E. coli* strains showed that most of the isolates presented the MDR phenotype. The most frequently diagnosed resistance profile in 2019 was: AMOX ENRO OXY TET SDM SXT STZ and in 2020 it was the profile: AMOX ENRO FFN OXY TET SDM SXT STZ. The isolated strains of *E. coli* were characterized by a high prevalence of beta-lactam resistance genes (*blaTEM* gene) and tetracyclines (*tetA* gene). In addition, genes for resistance to sulphonamides (*sul1* and *sul2* genes) were frequently found among the isolates from 2020. In the case of virulence genes, the most common diagnosis was *iss* in 2019 and *iucD* in 2020. All