

HIGIENA ŻYWNOŚCI

ELŻBIETA KOSTYRA

Biosynteza białek mleka

Katedra Położnictwa Wydziału Weterynaryjnego AR-T, 10-743 Olsztyn-Kortowo

Mleko jako wydzielina gruczołu mlekowego podobne jest do innych zewnątrzkomórkowych wydzielin, charakteryzujących się określonym zespołem składników, wśród których na ogół obecne są białka. Różni się jednak ono tym od innych wydzielin, że zawiera wszystkie niezbędne składniki odżywcze potrzebne do przeżycia i wzrostu młodego osobnika. Miejszem biosyntezy mleka, z dostarczonych przez krew składników, jest gruczoł mlekowy. Szczególnym przypadkiem w tej biosyntezie jest wykorzystanie głównych składników mineralnych, jakimi są małe jony wapniowe, fosforanowe, magnezowe i cytrynianowe, powszechnie określane jako koloidalny fosforan wapniowy, do budowy miceli kazeinowych (8).

Prekursory białek mleka

Prekursorami wszystkich białek występujących w tkankach i komórkach są aminokwasy. Dostarczane są one do organizmu wraz z pożywieniem przede wszystkim w postaci białek, poza tym peptydów i wolnych aminokwasów. Białka i peptydy hydrolizowane są do aminokwasów w przewodzie pokarmowym, a następnie transportowane poprzez naczynia kapilarne oraz błony komórkowe do cytoplazmy. Należy zaznaczyć, że nie wszystkie aminokwasy wprowadzone do organizmu krowy z paszą są wykorzystywane do syntezy białek mleka, jak również nie do końca poznany jest ich transport. Podobnie tylko proporcje części aminokwasów przedostających się w trakcie trawienia z paszy do krwi w pełni odzwierciedlają ich udział w syntetyzowanych białkach mleka. Dotyczy to takich aminokwasów egzogennych jak: Met, Tyr, Phe, His i Trp. Nie występuje ta zależność w przypadku innych aminokwasów egzogennych, a mianowicie: Thr, Val, Ile, Leu, Lys i Arg. Pierwsza grupa wymienionych aminokwasów egzogennych jest wykorzystywana bezpośrednio do syntezy białek mleka. Natomiast druga jest metabolizowana w gruczole mlekowym. Arginina ulega przemianom poprzez cykl ornitynowy do proliny. Lizyna na drodze różnorodnych przemian może zostać przekształcona w kwas glutarowy, który może utleniać się do kwasu α -ketoglutarowego i włączać w cykl kwasu cytrynowego. Aminokwasy o rozgałęzionych łańcuchach tj.: Val, Ile i Leu są wykorzystywane do syntezy aminokwasów endogennych, bądź w celach energetycznych. Aminokwasy endogenne mogą być bezpośrednio włączane do syntezy łańcucha polipeptydowego, albo też ulegają reakcjom transaminacji w gruczole mlekowym. W efekcie proporcje tych aminokwasów we krwi i syntetyzowanych białkach nie mają prostych relacji.

Reakcje towarzyszące biosyntezie białek mleka wymagają dostarczenia energii. Ilość energii potrzebna do przyłączenia jednej reszty aminokwasowej do syntetyzowanego łańcucha białkowego w gruczole mlekowym krowy wynosi około 3 mole ATP, co w przeliczeniu na 1 g białka daje wartość około 30 milimoli. Głównym źródłem ATP jest proces fosforylacji oksydacyjnej zachodzący w łańcuchu oddechowym. Powstająca w tym procesie energia elektrochemiczna w postaci gradientu pH może zostać przejęta przez błonę i przy udziale mitochondrialnej syntetazy ATP zmagazynowana w postaci ATP (30).

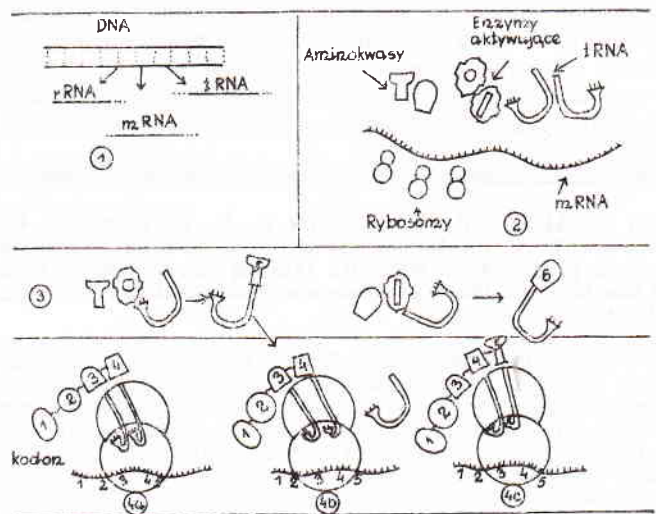
Główne etapy biosyntezy białek

Przed przystąpieniem do omówienia etapów biosyntezy białek mleka warto przypomnieć centralny eksjomat biologii molekularnej i schemat biosyntezy białka (patrz ryc. 1) (1). Wspomniany eksjomat można wyrazić w sposób następujący:

- informacja genetyczna jest zawarta w DNA jako sekwencja 4 zasad: adeniny, guaniny, cytozyny i uracylu,
- dwa łańcuchy DNA łączy się ze sobą wiązaniami wodorowymi zgodnie z regułą komplementarności, tzn. A—T i G—C. Kolejność zasad w łańcuchu polinukleotydowym nie jest ograniczona. Ścisłe określona sekwencja zasad niesie informację genetyczną,
- informacja genetyczna określa sekwencję aminokwasów w białkach. Jest ona zaszyfrowana w trójkowym kodzie zasad,
- substancją pośredniczącą między DNA a białkiem jest informacyjny RNA, zwany także matrycowym RNA (mRNA).

Pierwszym etapem biosyntezy jest transkrypcja, a więc przepisanie informacji genetycznej zawartej w DNA na matrycowy RNA. Rozpoczęcie i regulacja tego etapu jest natury hormonalnej. Warto zaznaczyć, że etap ten dotyczy przekazu informacji wykorzystywanej do biosyntezy enzymów przemian metabolicznych kierujących syntezą laktozy, kwasów tłuszczowych, triacylogliceroli i kwasów nukleinowych; genów kodujących różne elementy konstytucyjne komórki, tj.: rRNA, tRNA, białka rybosomalne i białka retikulum cytoplazmatycznego.

Drugim etapem, świadomie sztucznie oddzielnym od etapu I, jest transkrypcja genu odpowiadająca danemu białku na



Ryc. 1. Etapy i składniki biosyntezy białek

1. Synteza różnych RNA, matrycowego, transportującego i rybosomalnego. 2. Składniki niezbędne do biosyntezy białka w cytoplazmie. 3. Połączenie aminokwasu z właściwym dla niego t-RNA. 4. Synteza łańcucha polipeptydowego na rybosomie.

pre-mRNA powstałego z wolnych nukleotydów przy udziale polimerazy II/B/RNA. W tym miejscu godzi się zaznaczyć, że pre-mRNA często nie zawiera kodującej sekwencji w postaci nieprzerwanej. W niektórych genach odcinki komplementarne z mRNA leżą na przemian z odcinkami niekomplementarnymi. Zgodnie z proporcją Gilberta przyjęto nazywać odcinki genów komplementarne z mRNA eksonami (ulegającymi ekspresji), a rozdzielające je, niekomplementarne z mRNA „wstawki” — intronami (10). Natomiast tak zbudowane geny otrzymały nazwę genów mozaikowych (9). Przykładem może być gen odpowiedzialny za strukturę kazeiny γ szczura, składający się z około 15 tys. nukleotydów, podczas gdy dla zakodowania tego białka potrzeba ich 540. Nie ma już obecnie wątpliwości, że ekspresja genów mozaikowych polega na transkrybowaniu całkowitej sekwencji nukleotydów genu (eksonów i intronów), po czym następuje proces dojrzewania pre-mRNA polegający na wycięciu sekwencji intronowych i połączeniu sąsiednich eksonów. Schematycznie przedstawiono ten proces na ryc. 2. Jest to trzeci etap biosyntezy białka. Istota tego etapu polega na tym że pierwotny transkrypt pre-mRNA najpierw podlega modyfikacjom na końcach. Do końca 5' przyłącza się GPPP o przeciwniej biegunowości, do końca 3' natomiast — sekwencja poli (A). W przypadku białek mleka liczba reszt adenylovych wynosi 50. Z kolei następuje wycięcie sekwencji intronowej i końce zostają odpowiednio splecione. Wycięcie sekwencji intronowych w odniesieniu do kazeiny γ powoduje skrócenie łańcucha polinukleotydowego z liczby 15 tys. do 869 nukleotydów. Stosunek długości całkowitej intronów do eksonów ma się jak 16:1 i jest jednym z najwyższych ze znanych. Jak stwierdzono obszar DNA kodujący kazeinę γ składa się z co najmniej 9 eksonów oddzielonych dużymi intronami.

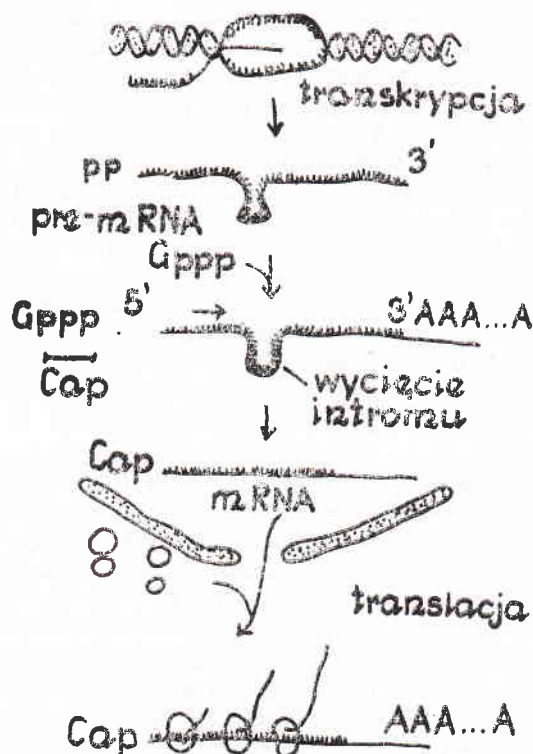
W czwartym etapie biosyntezy białka gotowy mRNA jest transportowany do cytoplazmy i łączy się z podjednostkami rybosomów. Nie wnikając w szczegóły poszczególnych reakcji, syntetycznie można stwierdzić, że w wyniku translacji następuje przetłumaczenie kodu zasad w kwasach nu-

kleinowych na sekwencję aminokwasów w białkach. Aminokwasy ulegają najpierw aktywacji w wyniku reakcji z ATP i zostają przeniesione na tRNA, który na jednej pętli zawiera antykodon. Reaguje on przez połączenie w parę zasad z kodonem mRNA, zgodnie z regułą komplementarności. Rybosomy zawierają kwasy rybonukleinowe i około 50 różnych białek, które częściowo współdziałają w syntezie białka jako enzymy. Rosnący łańcuch peptydu jest początkowo związany z rybosomem i zostaje uwolniony po terminacji. W tym miejscu koniecznym jest ustosunkowanie się do zasygnalizowanego wcześniej problemu długości mRNA. W wyniku dojrzewania mRNA został skrócony z liczby 15 tys. nukleotydów do 869. Jest to i tak liczba nukleotydów większa od wymaganej do syntezy kazeiny γ , która wynosi 540. Stwierdzono, że nadwyżka nukleotydów w liczbie 329 rozlokowana jest po obu końcach mRNA. Na jego końcu 5' znajduje się 60, natomiast na końcu 3' — 269 nukleotydów. Szczególnie istotny jest właśnie fragment polinukleotydowy znajdujący się po stronie 5' kodującego mRNA. Zagadnienie to jest związane z problemem tzw. prebiałek (25). W ostatnich kilkunastu latach stwierdzono, że wiele białek sekrecyjnych syntetyzowanych w komórkach powstaje w postaci dłuższych łańcuchów polipeptydowych nazywanych prebiałkami, aby później ulec skróceniu do form aktywnych biologicznie. Obecnie przyjmuje się, że komórki, które wytwarzają białka sekrecyjne wydala je do światła retikulum endoplazmatycznego, a stamtąd do aparatu Golgiego i wreszcie na zewnątrz komórki. Proces ten nie jest w pełni poznany, szczególnie jeżeli chodzi o wybór białka sekrecyjnego wśród wszystkich syntetyzowanych w komórce białek oraz transportu przez błonę endoplazmatyczną.

Większość białek sekrecyjnych powstaje przy udziale rybosomów związanych z retikulum endoplazmatycznym szorstkim. Jeżeli białko syntetyzowane jest bądź w układach komórkowych, bądź w bezkomórkowych, ale wobec mikrosomów (retikulum endoplazmatyczne), to wówczas powstaje białko odpowiadające pod względem sekwencji właściwemu fragmentowi mRNA. Jeśli natomiast translację przeprowadza się w układzie bezkomórkowym i bez mikrosomów, to uzyskuje się białko o znacznie dłuższym łańcuchu aminokwasowym. Otrzymane wówczas białko powiększone jest o prepeptyd. Dotychczasowe badania sekwencyjne różnych prepeptydów wykazały, że zbudowane są one ze znacznej ilości aminokwasów hydrofobowych. Przypuszczalna rola preparatów została sformułowana w postaci tzw. hipotezy sygnałowej. Według niej informacyjny kwas rybonukleinowy odpowiedni dla białka sekrecyjnego zawiera bezpośrednio za kodonem inicjującym grupę kodonów sygnałowych, które podczas translacji zostają odczytane jako sekwencja sygnałowa czyli prepeptyd. Jest on sygnałem, dzięki któremu powstaje kompleks układu translacji z retikulum endoplazmatycznym. Tak więc translacja rozpoczyna się na dowolnym rybosomie, który jeszcze podczas syntezy prepeptydu zostaje związany z retikulum i jedynie to przyłączenie umożliwia dalszą translację białka. Prepeptyd zostaje odcięty działaniem specjalnej peptydazy sygnałowej. Odcięcie to jest możliwe tylko podczas translacji.

Modyfikacje potranslacyjne

Wiele białek ulega po zakończeniu syntezy dalszym modyfikacjom na rybosomie. W odniesieniu do białek mleka szerokie badania z tego zakresu przeprowadzili Mercier i Gaye (20). Białka mleka wydzielane do światła przewodów wydzielniczych gruczołu mlekowego łączą się za pomocą N-końcowego fragmentu z cząsteczką rybonukleoproteiny SRP (rozpoznawcza cząsteczka sygnałowa). Efektem tego jest umocowanie kompleksu — rybosom — SRP — na receptorze



Ryc. 2. Klonowanie DNA

retikulum, co pozwala na przemieszczenie syntetyzowanego łańcucha białkowego poprzez błonę retikulum. Mechanizm powstania tego kompleksu jest warunkowany silnie hydrofobowym charakterem N-końcowego fragmentu peptydowego, czyli peptydu sygnałowego. Jak wcześniej zaznaczono jest on odcinany od łańcucha peptydowego przez „peptydazę sygnałną” obecną w wewnętrznej części retikulum endoplazmatycznego. Odcinanie tego peptydu następuje tak daleko od peptydylo-tRNA, jak znajduje się światło retikulum. Wielkość peptydu sygnałowego (prepeptydu) w przypadku białek mleka wynosi od 15–21 reszt aminokwasowych.

Wiadomo, że kazeiny należą do fosfo- i glikoprotein. Oznacza to, że w procesie potranslacyjnym do łańcuchów białkowych dobudowywane zostają reszty fosforanowe i cukrowe. Proces ten zachodzi w retikulum endoplazmatycznym i w aparacie Golgiego (18).

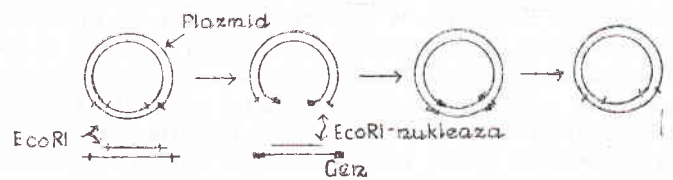
Wydzielanie

Typowy proces wydzielania białek polega na ich transporcie z retikulum endoplazmatycznego do aparatu Golgiego, a stamtąd na zewnątrz komórki wydzielniczej. Tak więc w aparacie Golgiego w strukturach pęcherzykowych zachodzi nagromadzenie białka oraz laktozy i soli mineralnych. Nagromadzenie laktozy w pęcherzykach, która jest nosicielem wielu cząsteczek wody, odbywa się dzięki interakcji laktoalbuminy α i transferazy galaktozydowej związanej z wewnętrzną powierzchnią pęcherzyków (19). Nadmiar laktoalbuminy α modyfikuje specyficzność substratową enzymu, powodując w efekcie przyłączenie zaktywowanej galaktozy do aktywnej glukozy, w wyniku czego powstaje laktoza. Natomiast nagromadzenie się fosforanu wapnia jest bezpośrednią przyczyną formowania się micel kazeinowych, stanowiących w normalnym mleku 95% całej kazeiny.

Aktualne badania nad biosyntezą i strukturą białek mleka

Badania struktur pierwszorzędowych głównych białek mleka w zasadzie zostały zakończone. Znane są obecnie sekwencje aminokwasowe takich białek mleka krowiego, jak: kazeiny α_{s1} , α_{s2} , β i γ oraz białek serwatkowych: laktoalbuminy α i laktoglobuliny β (8, 28, 29). Rozpoznane zostały również warianty genetyczne tych białek, jak również ich homologi u innych gatunków zwierząt. Z serwatki mleka gryzoni wyizolowano ponadto fosfoproteinę W_p (WAP), występującą w dość dużych ilościach (7, 16). Laktoglobulina β uznawana jako specyficzny składnik białek serwatkowych przeżuwaczy została również wykryta w mleku kłaczy i macior (2, 6). U tych gatunków zwierząt występuje ona w postaci monomerów i nie posiada wolnych grup sulfhydrylowych, — SH. Natomiast wydaje się ona być nieobecna w mleku kobicym, podobnie jak i kazeiny α_{s1} i α_{s2} . Ostatnio określono struktury pierwszorzędowe kazeiny β i γ oraz laktoferyny mleka kobiciego (5, 11, 22).

Rozwój inżynierii genetycznej stworzył nowe warunki odczytywania sekwencji aminokwasów w białkach w oparciu o znajomość sekwencji nukleotydów w mRNA kodujących określone białko. Tą drogą rozszyfrowano struktury białek pochodzących od kobiety i różnych gatunków zwierząt: krowy, owcy, szczura, myszy i świnki morskiej (14–31). Zgromadzenie odpowiedniej ilości materiału do analizy sekwencji nukleotydów odbywa się na drodze tworzenia cDNA (kopia DNA z mRNA). Ogólna zasada otrzymywania cDNA polega na wyodrębnieniu z komórek preparatów mRNA, które za pomocą odwrotnej transkryptazy (polimerazy zależnej od RNA) pozwalają otrzymać komplementarny DNA, tzw. cDNA, a następnie dwunucowy DNA. Oznacza to, że



Ryc. 3. Dojrzewianie m-RNA eukariontów

dysponując określonym produktem genu lub genów (tj. mRNA) można odtworzyć gen bądź geny, które ten produkt kodują. Otrzymany cDNA wprowadza się następnie do odpowiedniego wektora (np. plazmidu) i klonuje w komorach *E. coli*. W przypadku komórki mlekowej proces ten jest o wiele bardziej złożony. Zespół mRNA kodujący sekwencje wszystkich białek mleka nie dają się wyizolować. Udało się jednak opracować metodę pozwalającą otrzymać kompleks mRNA-poliA z fragmentu tkanki na drodze frakcjonowania. Wyodrębnioną frakcję poddaje się ekspresji w systemie pozakomórkowym, a następnie porównuje za pomocą elektroforezy uzyskane produkty z interesującym nas białkiem, co pozwala określić frakcję zawierającą między innymi kodujący dane białko mRNA. Cały mRNA rozpatrywanej frakcji można poddać transformacji w cDNA. omówionym już sposobem. Wspomniano już wcześniej, że cDNA można klonować w komórkach *E. coli*. Zasadę tej metody przedstawiono na ryc. 3. Uzyskany cDNA, który należy namnożyć, zostaje najpierw rozszczepiony przez nukleazy restrykcyjne, tak że powstają „lepkie końce”. Są to odcinki o długości 4–6 zasad nie połączone w pary. W podobny sposób zostaje rozszczepiony kołowy DNA plazmidu lub bakteriofaga bakteryjnego. Mieszając rozszczepiony DNA plazmidu z produktem rozszczepionego cDNA można doprowadzić do połączenia się lepkich końców w wyniku sparowania zasad. Pod działaniem ligazy następuje połączenie końców, utworzony plazmid z wbudowanym genem może być namnażany w klonie bakteryjnym. Mówiąc inaczej zakazane bakterie tak zmienionym plazmidem powodują namnażanie się w nich plazmidów. Można w ten sposób osiągnąć wystarczającą ilość danego cDNA do przeprowadzenia analizy sekwencyjnej. Oczywiście powstaje pytanie, jak w danej kolonii bakterii zidentyfikować te posiadające interesujący nas plazmid? Duże usługi w tym względzie oddaje metoda autoradiografii. W tym celu wykorzystuje się znakowanie cDNA radionuklidem. Metoda ta pozwala na selekcję kolonii zawierających znakowany plazmid. Z kolei elektroforetyczny rozdział pozwala określić rozmiar plazmidów, co daje pogląd na wielkość wbudowanego cDNA. Do celów sekwencjonowania oczywiście usuwa się cDNA z plazmidu za pomocą odpowiedniej nukleazy. Określenie sekwencji nukleotydów pozwala zbadać strukturę pierwszorzędową odpowiedniego prebiałka. Warto zaznaczyć, że tą drogą można uzyskać również interesujące informacje dotyczące translacji, regulacji i ewolucji filogenetycznej, szczególnie przez badanie niekodujących fragmentów 5' i 3' mRNA.

Połączone badania struktur białkowych i kodujących je sekwencji nukleotydowych w DNA pozwoliły stwierdzić, że szybkość ewolucji filogenetycznej sygnałnych peptydów była znacznie wolniejsza niż odpowiednich białek mleka. Stwierdzono również, że peptydy sygnałne kazeiny α_{s1} , α_{s2} i β wrażliwych na wapń wykazują silną homologiczność.

Natomiast badania cDNA odpowiadającego głównym białkom mleka potwierdziły stwierdzenia o wyraźnej stabilności struktur części niekodujących mRNA (26). Kontrastuje to z bardzo szybką ewolucją części kodujących, a w konsekwencji samych białek. Jedynie niektóre krótkie fragmenty

peptydowe odpowiadające obszarom ufosforylowanym wykazują znaczną zachowawczość podczas ewolucji. W oparciu o badanie sekwencji cDNA myszy i szczura stwierdzono, że odpowiadające im białka — WAP składają się ze 134 i 137 reszt aminokwasowych. Białko — WAP szczura jest ufosforylowane. Natomiast oba białka zawierają mostki disiarczkowe. Sugeruje to pokrewieństwo tych białek z grupą białek tzw. „four disulfide core”, które stanowią część roślinnych glikoprotein-lektyn.

W podsumowaniu należy zaakcentować ważność prowadzonych badań, mogących przyczynić się do pełnego poznania genów kodujących białka mleka. Stwarza to w przyszłości szansę zmodyfikowania genomu u gatunków zwierząt dających mleko. Z zaawansowania badań można również sądzić, że wkrótce zostanie wyjaśniony mechanizm indukcji hormonalnej biosyntezy białek mleka.

Piśmiennictwo

1. Beisson J.: Genetyka. Warszawa 1974.
2. Bell K., McKenzie H., Shaw D. C.: Mol. Cell. Biochem.: 35, 103, 1981.
3. Blackburn D. E., Hobbs A. A., Rosen J. M.: Nucl. Acids Res. 10, 2295, 1982.
4. Boisnard M., Petrissant G.: Biochimie 67, 1043, 1985.
5. Brignon G., Chetourou A., Ribadeau-Dumas B.: FEBS Letters 183, 48, 1985.
6. Conti A., Godovac-Zimmerman J., Liberatori J., Braunitzer G.: Hoppe-Seyler's Z. physiol. Chem. 365, 1393, 1984.
7. Dandekar A., Robinson E. A., Appella E., Qasba P. K.: Proc. natl Acad. Sci. USA 79, 3987, 1982.

8. Dziuba J.: Post. Biochem. 32, 355, 1986.
9. Fronk J.: Post. Biochem. 28, 3, 1982.
10. Gilbert W.: Nature 271, 501, 1978.
11. Greenberg R., Groves M. L., Dowcr H. J.: J. Biol. Chem. 259, 5132, 1984.
12. Hall L., Craig R. K., Edbrooke M. R., Campbell P. N.: Nucl. Acids Res. 10, 3503, 1982.
13. Hall L., Laird J. E., Pascall J. C., Craig R. K.: Eur. J. Biochem. 138, 585, 1984 a.
14. Hall L., Laird J. E., Craig R. K.: Biochem. J. 222, 561, 1984 b.
15. Hennighausen L. G., Steudle A., Sippel A. E.: Eur. J. Biochem. 126, 569, 1982.
16. Hennighausen L. G., Sippel A. E.: Nucl. Acids Res. 10, 2677, 1982.
17. Hobbs A. A., Rosen J. M.: Nucl. Acids Res. 10, 8079, 1982.
18. Kiszka J., Damiń W.: Mleczarstwo w świecie. Nr 2, 25, 1975.
19. Kuhn N. J.: Biochemistry of lactation. Elsevier, Amsterdam, 1983, s. 159.
20. Mercier J., Gaye P.: Biochemistry of lactation. Elsevier, Amsterdam 1983, s. 177.
21. Mercier J. C., Gaye P., Soulier S., Hue-Delahaie D., Violotte J. L.: Biochimie 67, 959, 1985.
22. Meiz-Boutique M. H., Jolles J., Mazurier J., Schoentgen F., Legend D., Spik G., Montreuil J., Jolles P.: Eur. J. Biochem. 145, 659, 1984.
23. Nagao M., Maki M., Sasaki R., Chiba H.: Agric. Biol. Chem. 48, 1663, 1984.
24. Nakhasi H. L., Grantham F. H., Gullino P. M.: J. Biol. Chem. 259, 14894, 1984.
25. Nowak K.: post. Biochem. 27, 29, 1981.
26. Pelissier J. P., Ribadeau-Dumas B.: Reprod. Nutr. Develop. 26 (2B), 563, 1986.
27. Qasba P. K., Safaya K.: Nature 308, 377, 1984.
28. Sienkiewicz T.: Nahrung 25, 329, 1981.
29. Sienkiewicz T.: Nahrung 25, 335, 1981.
30. Smith G. H., Crabtree B., Smith R., A.: Biochemistry of lactation. Elsevier, Amsterdam 121, 1983.
31. Stewart A. F., Willis J. M., MacKinlay A. G.: Nucl. Acids Res. 12, 3895, 1984.

Adres autora: dr Elżbieta Kostyra, ul. Boenigka 15/4, 10-686 Olsztyn

BARTOSZ WINIECKI
Mogilno

Ognisko włośnicy w aspekcie epizootiologiczno-epidemiologicznym

Włośnica jako klasyczna zoonoza jest tematem wielu prac naukowych (1, 3, 5, 6, 7, 8, 9, 11 i in.) i stanowi w Polsce problem, wysuwając nasz kraj pod tym względem na jedno z pierwszych miejsc w świecie. Zachorowania w Polsce nie występują równomiernie. Istnieją tereny silnie i słabo endemiczne lub prawie wolne od zachorowań na tę chorobę. Ze względów epidemiologicznych ważniejsza od ilości zachorowań jest liczba zarażonych świń, które dostaną się do konsumpcji. Nieraz tylko przypadek decyduje, że małe ogniska nie przybierają większych rozmiarów.

Opis przypadku

Ajent Zbiornicy Padlin w miejscowości M. (woj. bydgoskie) poza pracą zawodową od kilku lat trudnił się hodowlą lisów i świń, które utrzymywał na terenie zbiornicy w prymitywnych i anty-sanitarnych warunkach. Hodował 14 świń, karmił je padliną ze zwierząt domowych (w tym wieprzowiną) i mięsem dzikich zwierząt. Mieszkał na terenie Zbiornicy i świadczył usługi znajomym w zakresie skórowania zwierząt dzikich. Ponadto zajmował się, wg powszechnej opinii, nielegalnym wyrobem wędlin z padliny (!).

Rakarz sprzedał świnie palaczowi miejscowej rzeźni, który poddał ją ubojowi w tej rzeźni i zamierzał przetworzyć mięso w wyrobach przeznaczonych na rodzinne wesele. W badanej tuszy stwierdzono wyjątkowo silną inwazję larw *Trichinella spiralis*. Włośnię wykryto we wszystkich skrawkach, a w niektórych z nich liczba larw dochodziła do 40.

Równie silną inwazję larw włośni rozpoznano u drugiej świni zabitej następnego dnia przez rakażarza w jego zagrodzie i nie zgłoszonej do badania poubojowego. Z dwunastu pozostałych świń w tej zagrodzie, które poddano przymosowemu ubojowi, stwierdzono silną inwazję włośni u dwóch świń.

Pięciodniowe dochodzenie epidemiologiczne prowadzone przez Rejonowego Weterynaryjnego Inspektora Sanitarnego i instruktora miejskiej Terenowej Stacji Sanitarno-Epidemiologicznej, przy współudziale funkcjonariuszy MO, było trudnym zadaniem, ze względu na złożone okoliczności występujące w ognisku włośnicy.

Rakarz i jego żona nałogowo pili alkohol. Prowadząc dochodzenie udzielał informacji sześciolatekni syn rakażarza, który mimo młodego wieku wykazywał dużą przebiegłość w zatajaniu sytuacji. W mieszkaniu rakażarza znaleziono surowe mięso, trzymane w wodzie w wannie i w pralce, zmielone w lodówce, gotowane w słojach Wecka oraz kilka krążków domowej kiełbasy. Nie można było ustalić pochodzenia mięsa i daty uboju. Nie stwierdzono, aby było ono badane. W mięsie i kiełbasie nie stwierdzono włośni, ale rozpoznano brak wykrwawienia, zwyrodnienie mięśni i gnilny zapach, co wskazywało, że mięso pochodziło ze zwierząt padłych lub „dobitych” w agonii (12). Stwierdzono obecność sprzętu do wyrobu wędlin, który w drugim dniu po ujawnieniu włośnicy rakażarz usunął z terenu swego gospodarstwa.

W opisanym ognisku nie doszło do zachorowań ludzi na włośnię. Podczas dochodzenia zajęto w domu rakażarza smażone kotlety mielone, które matka podawała na obiad swemu synowi oraz zakwestionowano 10 kg mięsa mielonego z przyprawami, które usiłowano wprowadzić do obrotu. W mięsie mielonym stwierdzono włośnię.

O m ó w i e n i e

Włośnica w województwie bydgoskim występuje rzadko. Pojedynczy przypadek w rejonie M. stwierdzono ostatnio