

Astma hos häst - rätt behandlingsval för precisionsmedicinering vid luftvägssjukdomar

Miia Riihimäki, Veterinärmedicin doktor, Institutionen för kliniska vetenskaper, SLU

Inflammatoriska, icke infektiösa, luftvägssjukdomar hos häst är, efter ortopediska problem, den vanligaste orsaken till nedsatt prestation hos hästar som lever i stallmiljön. Vissa hästar kan uppleva allvarliga astmaliknande symptom medan andra endast har mildare inflammation som påverkar deras prestation. För närvarande klassificeras ekvin astma (astma hos hästar) i två undergrupper, svår och mild-moderat, men det finns sannolikt flera olika undergrupper som skiljer sig åt immunologiskt och svarar olika på behandling.

Trots intensiv forskning av etiologin och patofysiologin saknas diagnostiska verktyg för att identifiera olika undergrupper av ekvint astma och därmed kunna individualisera behandlingen. Vi använder nya analysmetoder som transkriptomanalys för att karakterisera sammansättningen av celltyper i lungsköljprov från hästar med ekvin astma. Metoden används för att identifiera tidigare okända varianter av celltyper eller subpopulationer av celltyp som kan vara viktiga för etiologi (orsaken till sjukdomen), behandlingsplan och prognos. Med denna metod har vi publicerat en databas av olika cellpopulationer från hästlunga. Vi har också identifierat gener som kan ha betydelse för hur hästar med astma svarar på olika behandlingar. Vi har också lyckats att isolera mastceller (en del av immunförsvaret) från luftvägarna och därefter genomfört en omfattande analys av mastcellernas genuttryck. Uttrycket av vissa enzymer och cellytemarkörer pekade på att mastcellerna tillhör en variant av mastceller som förekommer normalt i kroppens slemhinnor. Mastcellerna uttryckte dessutom flera oväntade gener som är kopplade till immunsystemet och som normalt uttrycks av andra celltyper. Det unika genuttrycket kan tyda på att mastcellerna bidrar till inflammationen i samband med astma hos hästar.

Nya metoder som maskininlärning kan användas för att integrera stora mängd data från transkriptom, epigenom och metabolom (delar i arvsmassan som deltar i cellens byggnad och funktion) analyser. Ökad kunskap om patofysiologin och etiologin bidrar till korrekt behandling och ökad djurvälstånd. Metodutveckling kan också appliceras på andra djurslag och på människor.

