Porzine epidemische Diarrhoe: Aktuelle Situation und Viruscharakterisierung

Sandra Blome, Dennis Hanke, Carolin Dräger, Anne Pohlmann, Dirk Höper, Carola Sauter-Louis und Martin Beer

Friedrich-Loeffler-Institut, Greifswald - Insel Riems

Erreger und Klinik

Die epizootische Virusdiarrhoe des Schweins (engl. porcine epidemic diarrhea; PED) wird durch ein Coronavirus verursacht, das u. a. mit dem Virus der Transmissiblen Gastroenteritis verwandt ist. Die hoch ansteckende Erkrankung ist durch eine schwere Darmentzündung, wässrigen Durchfall, Erbrechen und Dehydrierung gekennzeichnet. Während alle Altersklassen von Schweinen erkranken können, sinkt die Sterblichkeit mit zunehmendem Alter. Bei Saugferkeln kann die Infektion mit dem Virus der PED (PEDV) zu hohen Verlusten (bis 100%) führen.

Vorkommen und Charakteristika

Die Erkrankung trat erstmals 1971 in Europa auf und verursachte in den darauffolgenden Jahren große Verluste, insbesondere in Asien, wo sich die Infektion in der Schweinepopulation rasant ausbreitete. Seit Mai 2013 sorgt eine anscheinend besonders schwere Form der PED in den USA für Aufsehen. Sie führte in vielen Schweinebetrieben zu explosionsartigen Epidemien, die alle Altersklassen von Schweinen betrafen. Bei Saugferkeln wurde eine bis zu 95%ige Mortalität beobachtet. Die Sequenzierung der beteiligten Virusisolate zeigte eine hohe Verwandtschaft zu asiatischen Stämmen. Dennoch sind geringgradige Besonderheiten auf Gesamtgenombasis zu finden (unterschiedliche Sequenzmuster, insbesondere im Spike-Protein). Kürzlich wurde auch von sehr verlustreichen Ausbrüchen in ukrainischen Schweinebetrieben berichtet. Diese gingen mit 100 Prozent Verlusten im Saugferkelbereich, schweren Symptomen bei älteren Tieren und Aborten bei bis zu 30 Prozent der tragenden Sauen einher. Dieses Virus ist sehr eng mit den hoch-virulenten USamerikanischen Stämmen verwandt.

Situation in Deutschland

Auch in Deutschland sind seit Mai 2014 PED-Fälle aufgetreten, mit steigenden Fallzahlen im Winter. Bisher wurden weit über 100 Fälle diagnostiziert. In den meisten Fällen stehen sehr hohen Erkrankungsraten geringen Verlustraten gegenüber. Mittlerweile sind viele Bundesländer betroffen.

Einige Betriebe berichten jedoch auch von hohen Verlustraten in jungen Saugferkeln (>80

Prozent), u. U. spielen Sekundärinfektionen und Management eine Rolle.

Zur Beantwortung der Frage, ob es sich bei den in Deutschland vorkommenden Virusstämmen um Stämme handelt, die den US-amerikanischen ähneln, wurden inzwischen über 30 PEDV-Volllängensequenzen mittels Hochdurchsatzsequenzierung (next-generation sequencing) erstellt und vergleichenden Analysen unterzogen. Basierend auf diesen Daten kann man folgende Aussagen treffen: a) die bisher charakterisierten PEDV-Stämme aus Deutschland sind eng miteinander verwandt und bilden eine Gruppe, die sich von den historischen PEDV- Stämmen deutlich unterscheidet, b) ähnliche Viren wurden u.a. in Italien, Frankreich, Österreich und den Niederlanden charakterisiert, c) es existiert eine deutliche Abgrenzung zu den hochvirulenten US-amerikanischen und asiatischen Stämmen, d) eine hohe Ähnlichkeit besteht jedoch mit einem Stamm, der ebenfalls in den USA in Fällen mit milderer Klinik beschrieben wurde. Weiterführenden Untersuchungen sind angezeigt um diese Befunde besser einzuordnen. Derzeit werden Metagenomanalysen durchgeführt.

Diagnostische Möglichkeiten

Der diagnostische Nachweis kann in einigen kommerziellen Laboren und den veterinärmedizinischen Untersuchungseinrichtungen in den Bundesländern erfolgen. Hier können Kotproben z.B. elektronenmikroskopisch auf Coronaviren untersucht werden. Darüber hinaus kann das Genom der Viren mittels real-time Polymerasekettenreaktion nachgewiesen werden. Auf diese Weise kann auch eine Differenzierung PEDV und TGEV (Transmissible Gastroenteritis) erfolgen. Eine zellkulturelle Anzucht gelingt nur selten. Verschiedene Antikörper-ELISAs stehen für die Serologie zur Verfügung.

Die PED ist eindeutig eine "emerging disease", deren "impact" in Deutschland jedoch bisher überschaubar ausfiel.

Kontakt

Dr. Sandra Blome, Friedrich-Loeffler-Institut, Greifswald – Insel Riems sandra.blome@fli.bund.de