16. Porzine epidemische Diarrhoe – Porcine epidemic diarrhea

Blome S., Pohlmann, A., Homeier-Bachmann, T., Beer, M.

Summary

Porcine epidemic diarrhea (PED) is an acute and highly contagious enteric disease of swine that results in severe enteritis, diarrhea, vomiting, and dehydration. Especially in suckling pigs, mortality can be very high. The causative agent, Porcine epidemic diarrhea virus (PEDV), is an enveloped positive single-stranded RNA virus that belongs to the family *Coronaviridae*, genus *Alphacoronavirus*. After its first recognition in Europe in the 1970s, the disease caused considerable economic losses, especially in Asia. In May 2013, a highly virulent PEDV variant emerged in the United States (US), with swine farms experiencing explosive epidemics affecting all age classes of animals, with a mortality of up to 95% in suckling pigs. Since May 2014, several cases of PED have been reported from the southern and western part of Germany with numbers of cases rising in winter. In most cases, fattening pigs were affected showing high morbidity with almost non-existent mortality. However, some breeding herds reported high mortality rates with up to 85% losses in suckling piglets. Despite the fact that the overall impact seems to be low, problems remain, especially with complete eradication of the disease from affected farms.

Allgemeine Informationen

Die epizootische Virusdiarrhoe des Schweins (engl. *porcine epidemic diarrhea*; PED) wird durch ein Coronavirus verursacht, das u. a. mit dem Virus der Transmissiblen Gastroenteritis (TGEV) verwandt ist. Die hochansteckende Erkrankung ist durch eine schwere Darmentzündung, wässrigen Durchfall (siehe Abb. 1), 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.

Abb. 1: PED erkranktes Ferkel mit gelblichem Durchfall

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 sorgte 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 % Verlusten im Saugferkelbereich, schweren Symp-

tomen bei älteren Tieren und Aborten bei bis zu 30 % der tragenden Sauen einher. Dieses Virus ist sehr eng mit den hochvirulenten US-amerikanischen Stämmen verwandt.

Auch in Deutschland sind seit Mai 2014 PED-Fälle aufgetreten, mit steigenden Fallzahlen im Winter. In den meisten Fällen stehen sehr hohen Erkrankungsraten geringen Verlustraten gegenüber. Einige Betriebe berichten jedoch auch von hohen Verlustraten in jungen Saugferkeln (> 80 %). Der Zusammenhang zwischen Schwere der PED-Erkrankung und Sekundärinfektionen wird derzeit geprüft.

Zur Beantwortung der Frage, ob es sich bei den in Deutschland vorkommenden Virusstämmen um Stämme handelt, die den US-amerikanischen ähneln, wurden diverse 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.

Labordiagnostische Untersuchungen

Der diagnostische Nachweis kann in einigen kommerziellen Laboren, den veterinärmedizinischen Untersuchungseinrichtungen in den Bundesländern und bestätigend auch am FLI erfolgen.

Es besteht die Möglichkeit, das Genom der Viren mittels real-time Polymerasekettenreaktion nachzuweisen. Auf diese Weise kann auch eine Differenzierung zwischen PEDV und TGEV erfolgen (es wurde eine multiplex RT-PCR zugelassen).

Es besteht generell die Möglichkeit, Kotproben elektronenmikroskopisch auf Coronaviren zu untersuchen. Darüber hinaus kann eine Anzucht auf empfänglichen Zellen versucht werden, diese gelingt jedoch nur selten.

Für den serologischen Nachweis sind kommerzielle ELISAs verfügbar, die jedoch eine sehr variable Sensitivität und Spezifität besitzen.

Statistische Angaben

Die PED unterliegt weder der Anzeige- noch der Meldepflicht, so dass es keine offizielle Statistik der Fälle und Untersuchungen gibt. Nichtsdestotrotz lässt sich sagen, dass die PED eindeutig eine „emerging disease“ ist, deren „impact“ in Deutschland jedoch bisher überschaubar ausfiel.

Staatliche Maßnahmen

Zur Bekämpfung stehen nur veterinärhygienische Maßnahmen zur Verfügung, da bislang keine Impfstoffe in Europa zugelassen sind.