

KHV-Diagnostik

Bergmann, S.M., Klafack, S. und Fischer, U.

Friedrich-Loeffler-Institut, Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit,
Institut für Infektionsmedizin
Südufer 10
17493 Greifswald-Insel Riems

Durch die intensive und sehr effektive Arbeit in den Untersuchungsämtern, gelang es die Einsendungshäufigkeit an das NRL für die KHV-I deutlich zu reduzieren. Eingesandt wurden daher ausschließlich Proben, die einer Bestätigungsreaktion bzw. als nicht klar zu differenzieren waren und einer Amtshilfe bedurften.

Entsprechend der Vorgaben der EU sind folgende diagnostische Methoden zum Nachweis des KHV erlaubt:

1. qPCR nach Gilad et al. 2004, modifiziert nach Bergmann et al. 2010
2. konventionelle PCR nach Bercovier et al. (2005) - TK-PCR
3. konventionelle PCR und nested PCR nach Engelsma et al. 2013, inklusive der Sequenzanalyse der Fragmente

Vor allem waren es Proben von Kois und Nutzkarpfen (*Cyprinus carpio* L.), die entsprechend geprüft waren und trotzdem verdächtige bzw. fragliche Befunde erbrachten.

Um diese Probleme tiefergehend abzuklären wurden unter nicht akkreditierten Bedingungen mehrere Testverfahren geprüft. Hierfür wurden neue qPCRs (Klafack et al. 2017) als auch neuer Endpunkt-PCRs mit anschließender Sequenzanalyse (Klafack et al. 2017) zur Sicherheit und Bestätigung der gefundenen Reaktionen untersucht. Mit Hilfe dieser Methoden ist es vorerst möglich, die Linienzugehörigkeit der KHV (Asien oder Europa) zu bestimmen. Einen noch tieferen Einblick in die Phylogenie des KHV gestattet die Sequenzanalyse der „variable number of tandem repeats (VNTR)“. Im direkten Vergleich zwischen den Isolaten des KHV, können hierbei Schlüsse auf die Abstammung bzw. Verwandtschaft der Viren gezogen werden. Derzeit ist es jedoch schwierig, diese Analysen aus Proben von Karpfen und Kois ohne vorherige Isolierung des Virus oder Klonierung der PCR-Produkte durchzuführen.