

Friedrich-Loeffler-Institut - Insel Riems

Analyse verschiedener Capripox-Viren mittels partieller und Vollängensequenzierung

J. Möller, M. Beer, B. Hoffmann

Bei den Capripocken, zu denen neben dem Schaf- (SPPV) und dem Ziegenpockenvirus (GTPV) auch das Lumpy Skin Disease Virus (LSDV) gehört, handelt es sich um anzeigepflichtige Tierseuchen bei Wiederkäuern. Ursprünglich aus Afrika kommend, haben sich die drei Vertreter der Capripocken auch im Mittleren Osten und im südlichen Teil Europas ausgebreitet. SPPV und GTPV treten regulär in weiten Teilen Afrikas und Asiens auf und sind endemisch in der Türkei. Auch in Griechenland werden immer wieder Ausbrüche gemeldet. Die Lumpy Skin Disease (LSD) trat 2013 erstmals in Südeuropa (Türkei) auf, von wo aus sie sich unter anderem nach Griechenland (2015) verbreitet hat. Neben Symptomen wie Fieber, Augen- und Nasenausfluss und knotigen Hautveränderungen kann eine LSD-Erkrankung im Rind auch zu Milchreduktion, Abmagerung und Aborten, sowie längerfristigen Fertilitätsstörungen und dem Tod des erkrankten Tieres führen. Zusätzlich zu den Belastungen für das infizierte Einzeltier hätte das Auftreten Capripox-induzierter Erkrankungen in Europa daher auch wirtschaftliche Konsequenzen. Zur Bekämpfung von Capripocken stehen derzeit lediglich attenuierte Lebendvakzinen zur Verfügung, die in der Europäischen Union nicht zugelassen sind und deren Einsatz für das jeweilige Land zudem auch den Verlust des Status „Capripocken-frei“ bedeutet.

Zur Analyse verschiedener Capripocken-Isolate haben wir einen Workflow entwickelt und validiert, der uns eine schnelle und zuverlässige genetische Charakterisierung der Proben ermöglicht. Zu Beginn steht hierbei eine pan-Capripox real-time qPCR, um die Proben auf Capripocken-Genom zu testen. Im Anschluss daran soll eine Diskriminierung zwischen den einzelnen Capripocken-Spezies erfolgen. Die dazu notwendige real-time qPCR wird derzeit von uns entwickelt und getestet. Fällt das Ergebnis positiv für LSDV aus, folgen zwei verschiedene real-time qPCRs, die eine Unterscheidung zwischen Vakzinestämmen und virulenten Feldstämmen erlauben. Eine erste genetische Charakterisierung erfolgt über die partielle Sequenzierung bestimmter Genabschnitte. Weitere molekulare Daten werden durch die Vollängensequenzierung der Virusisolate mittels Next Generation Sequencing erzielt. Die dabei generierten Gesamtsequenzen ermöglichen eine genauere genetische und geographische Charakterisierung der Isolate. Des Weiteren sollen die generierten Gesamtsequenzen, zusätzlich zu den bereits publizierten Capripocken-Vollängensequenzen, dazu genutzt werden, die noch fehlenden real-time qPCRs zur Unterscheidung zwischen den einzelnen Capripocken-Spezies zu entwickeln.

KORRESPONDENZADRESSE

Janika Möller
Friedrich-Loeffler-Institut – Insel Riems
Südufer 10, 17493 Greifswald – Insel Riems
E-Mail: Janika.Moeller@fli.de