

FAQ

Epizootische Virusdiarrhoe bei Schweinen



Was ist PED?

Die epizootische Virusdiarrhoe des Schweins (engl. *porcine epidemic diarrhea; PED*) wird durch ein Coronavirus verursacht. Die hoch ansteckende Erkrankung ist durch eine schwere Darmentzündung, wässrigen Durchfall, Erbrechen und Dehydrierung (Austrocknung) 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.

FAQ Epizootische Virusdiarrhoe bei Schweinen

Wo kam bzw. kommt die Erkrankung vor?

Die Erkrankung trat erstmals 1971 in Europa auf und verursachte in den darauffolgenden Jahren große Verluste, insbesondere in Asien, wo sich die Erkrankung in der Schweinepopulation rasant ausbreitete. Seit Mai 2013 sorgt eine 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 von sehr verlustreichen Ausbrüchen in ukrainischen Schweinebetrieben berichtet. Diese gingen mit 100 % Verlusten im Saugferkelbereich, schweren Symptomen bei älteren Tieren und Aborten bei bis zu 30 % der tragenden Sauen einher. Dieses Virus ist sehr eng mit den hoch-virulenten US-amerikanischen Stämmen verwandt.

Gibt es die PED derzeit auch in Deutschland?

Seit Mai 2014 sind PED-Fälle in Deutschland aufgetreten, mit steigenden Fallzahlen im Winter. Bisher wurden weit über 70 Fälle diagnostiziert (Tendenz steigend). In den meisten Fällen stehen sehr hohen Erkrankungsraten geringe Verlustraten gegenüber. Mittlerweile sind fast alle Bundesländer betroffen.

Einige Betriebe berichten jedoch auch über eine hohe Sterblichkeit bei jungen Saugferkeln (> 70 %), u. U. spielen Sekundärinfektionen und Management eine Rolle.

Haben wir die hochvirulenten PEDV-Stämme in Deutschland?

Zur Beantwortung dieser Frage wurden inzwischen über 20 PEDV-Vollängensequenzen mittels *Hochdurchsatzsequenzierung* (*next-generation sequencing*) erstellt und vergleichenden Analysen unterzogen. Basierend auf diesen Daten kann man folgende Aussagen treffen:

- 1) die bisher charakterisierten PEDV-Stämme aus Deutschland sind eng miteinander verwandt und bilden eine Gruppe, die sich von den historischen PEDV-Stämmen deutlich unterscheidet,
- 2) ähnliche Viren wurden u. a. in Italien, Frankreich, Österreich und den Niederlanden gefunden,
- 3) es existiert eine deutliche Abgrenzung zu den hochvirulenten US-amerikanischen und asiatischen Stämmen,
- 4) eine hohe Ähnlichkeit besteht jedoch mit einem Stamm, der ebenfalls in den USA in Fällen mit milderer Klinik beschrieben wurde.

Weiterführende Untersuchungen sind angezeigt um diese Befunde besser einzuordnen.

Wie kann die Diagnostik erfolgen?

Kotproben können z. B. elektronenmikroskopisch auf Coronaviren untersucht werden. Darüber hinaus kann das Genom der Viren mittels Real-time Polymerasekettenreaktion nachgewiesen werden. Eine zellkulturelle Anzucht gelingt nur selten. Verschiedene Antikörper-ELISAs stehen für die Serologie zur Verfügung. Die in der Veterinärdiagnostik tätigen Privatlabore und veterinärmedizinischen Untersuchungseinrichtungen in den Bundesländern können die Diagnostik durchführen oder vermitteln.