

## FAQ

# Epizootische Virusdiarrhoe bei Schweinen



# 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.

## 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).

## Gibt es die PED derzeit auch in Deutschland?

Vor dem Hintergrund der besorgniserregenden Verläufe in den USA wurden kürzlich einige Fälle explosionsartig auftretender wässriger Diarrhoe in Mastbetrieben detailliert untersucht. Diese Krankheitsgeschehen gingen mit einer hohen Erkrankungsrate der Tiere einher, Todesfälle waren jedoch in den

betroffenen Altersklassen (vorwiegend 30-90 kg) selten. Es konnte bestätigt werden, dass es sich um PED handelte. Die beteiligten Viren wurden eingehend charakterisiert um der Frage nachzugehen, ob es sich um Virusstämme handelte, die solch verheerende Folgen in jüngeren Tieren haben könnten, wie die US-amerikanischen.

## Haben wir die hochvirulenten PEDV-Stämme in Deutschland?

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

- 1) es handelt sich nicht um die klassischen europäischen PEDV-Stämme der letzten Jahrzehnte,
- 2) es existiert eine deutliche Abgrenzung zu den hochvirulenten US-amerikanischen Stämmen,
- 3) eine hohe Ähnlichkeit besteht jedoch mit einem weniger virulenten Stamm, der ebenfalls in den USA 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 veterinärmedizinischen Untersuchungseinrichtungen in den Bundesländern können die Diagnostik durchführen oder vermitteln.