

# PRRS – neue Gefahr aus Osteuropa?

Die enorme Anpassungsfähigkeit des PRRS-Virus macht seine Bekämpfung so schwierig. Droht jetzt ein neuer Erregerschub aus Osteuropa?

Dr. Hendrik Nienhoff vom Schweinegesundheitsdienst Niedersachsen berichtet.\*

Neue PRRS-Subtypen gelangen von Ost- nach Westeuropa. Bieten die vorhandenen Impfstoffe ausreichend Schutz?



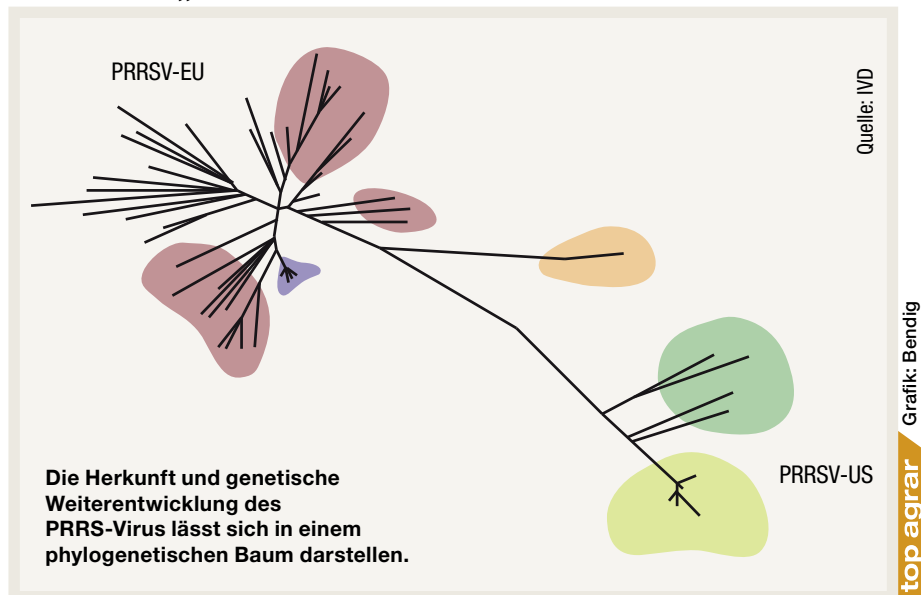
Foto: Heil

**A**uch 20 Jahre nach dem Auftreten der ersten PRRS-Symptome in Deutschland und 18 Jahre nachdem der erste Impfstoff zugelassen wurde, bereitet das Virus in Westeuropa noch immer enorme Probleme. Immer wieder treten PRRSV-bedingte Atemwegserkrankungen im Flatdeck und in der Mast auf, oder es kommt zu Spätaborten und zur Geburt lebensschwacher Ferkel.

Die Schäden, die das Virus verursacht, sind immens. Wissenschaftler gehen in den USA von einem jährlichen Verlust in Höhe von 560 Mio. US-Dollar aus. Dabei wurden die erhöhten Ferkelverluste, die geringeren täglichen Zunahmen in Aufzucht und Mast sowie die Kosten für aufwendige Impfprogramme und die Behandlungskosten für Begleitinfektionen berücksichtigt.

**Wirken die Impfstoffe noch?** Einer der Gründe, warum das PRRS-Virus so schwer zu bekämpfen ist, ist seine enorme Wandlungs- und Anpassungsfähigkeit. Es gibt inzwischen mehrere genetische Typen wie z. B. den US- und den EU-Stamm und eine Vielzahl von Subtypen des Erregers. Angesichts dieser Vielfalt kommen bei Schweinehaltern und Tierärzten daher immer öfter Zweifel auf, ob die eingesetzten Impfstoffe überhaupt noch wirksam sind. Sie investieren daher viel Geld in Laboruntersuchungen in der Hoffnung, Hinwei-

## Aktueller „Stammbaum“ des PRRS-Virus



se für die Wahl des zu verwendenden Impfstoffes zu bekommen.

Tatsache ist, dass es dank moderner Analyseverfahren wie der Polymerase-Ketten-Reaktion (PCR) und der Gensequenzierung (siehe Kasten auf Seite S 14) inzwischen möglich ist, sehr präzise Informationen über die Herkunft des Virus zu erhalten. Mithilfe der PCR kann man z. B. zwischen dem europäischen (Typ 1) und dem amerikanischen (Typ 2) Genotyp unterscheiden. Und durch die genetische Sequenzierung lässt sich bestimmen, um welchen Subtyp es sich handelt. Dazu wird die Reihenfolge der Basenpaare in einem bestimmten Genabschnitt bestimmt,

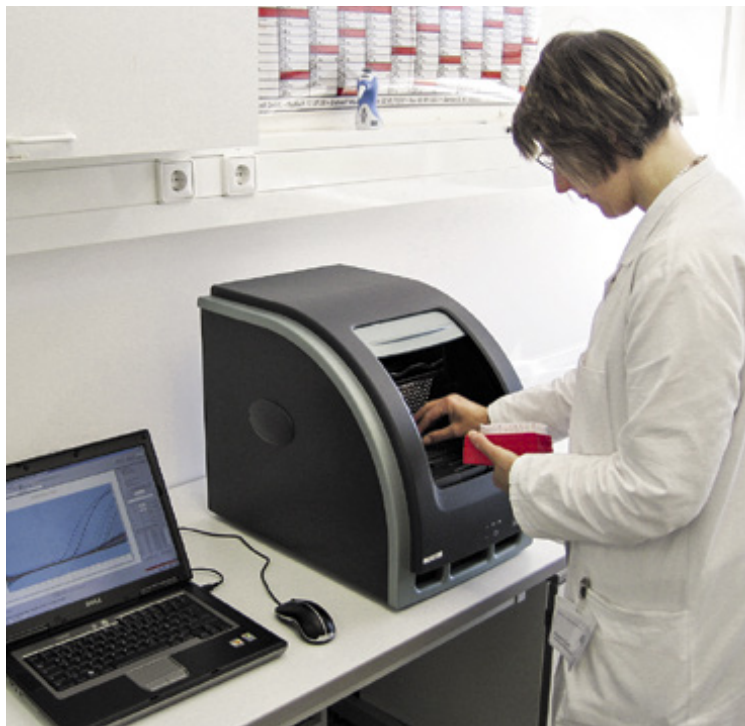
dem sogenannten ORF 5. Anschließend wird die Abstammung des Erregers in Form eines Stammbaums dargestellt. Virologen sprechen vom sogenannten phylogenetischen Baum (siehe Übersicht).

Auf diese Weise kann der Verwandtschaftsgrad gefundener Virus-Isolate bestimmt werden. So lässt sich feststellen, ob es sich um einen ganz neuen Virustyp handelt oder ob der Erreger weitgehend identisch ist mit Virusstämmen, die bereits bekannt sind.

**Neue Subtypen aus Osteuropa:** Die Sequenzierung weltweit gefundener Isolate hat ergeben, dass inzwischen

\*) Basierend auf einem Vortrag von Prof. Dr. Thomasz Stadejek, Universität Warschau





Durch genetische Sequenzierung kann im Labor bestimmt werden, zu welchem Subtyp das gefundene PRRS-Virus gehört.



Fotos: Heil, IVD

Wirkt der eingesetzte Impfstoff noch? Viele Schweinehalter und Tierärzte sind verunsichert.

sowohl der europäische PRRS-Typ (Typ 1) als auch der amerikanische Genotyp (Typ 2) über nahezu den gesamten Globus verteilt sind.

Für den europäischen Typ 1 existieren weitergehende Auswertungen: Während in West- und Zentraleuropa (Polen, Tschechien, Ungarn) vornehmlich Stämme des EU-Subtyps 1 kursieren, existiert in Litauen ein Subtyp 2, der abstammungstechnisch sehr weit von den anderen Stämmen entfernt ist.

Weitere EU-Subtypen wurden in Weißrussland gefunden, sodass man zurzeit davon ausgeht, dass vom europä-

ischen PRRS-Genotyp insgesamt vier Subtypen existieren. Die in West- und Zentraleuropa, Asien und Amerika gefundenen EU-Stämme sind sich dagegen sehr ähnlich.

Für den US-Virustyp wurden bisher nicht so viele Subtypen gefunden, es wird aber auch nicht so intensiv danach gesucht.

**Falsch-negative Ergebnisse:** Die große Vielzahl vorhandener Subtypen erschwert die Diagnostik. Denn nicht alle Virusstämme werden von allen PCRs erfasst. Dadurch können unter

Umständen positive Herden fälschlicherweise als negativ eingestuft werden. Und das wiederum kann bedeuten, dass Erreger aus diesen Beständen (z. B. in Weißrussland) unerkannt nach Westeuropa verschleppt werden.

Etliche PRRS-Forscher empfehlen daher, mehrere PCR-Nachweisverfahren miteinander zu kombinieren, um auf diese Weise eine höhere Sicherheit zu erreichen. Denn es ist vermutlich nur eine Frage der Zeit, bis sich die osteuropäischen Varianten des PRRS-Virus auch bei uns in Westeuropa ausbreiten. Welche Konsequenzen dies für die

## Hat der ELISA-Test ausgedient?

Das Standardverfahren bei der PRRS-Diagnostik ist nach wie vor der ELISA-Test. Denn dieses Antikörper-Nachweisverfahren hat sich bewährt. Es ist robust, einfach und zudem auch preiswert.

Der ELISA kann jedoch nur nachweisen, ob die untersuchten Schweine überhaupt jemals Kontakt mit dem PRRS-Erreger hatten. Er kann nicht unterscheiden, ob die Tiere mit dem Feld- oder dem Impfvirus Kontakt hatten und ob es sich dabei um den europäischen oder den amerikanischen Virustyp handelte.

Auch der Infektionszeitpunkt kann aus der Höhe und dem Verlauf der Titer nicht sicher abgeleitet werden. Denn ein Langzeitversuch hat gezeigt, dass die Blutwerte selbst nach einer einmaligen Infektion mit dem PRRS-Virus bis zu 200 Tage lang im deutlich positiven Bereich bleiben.

Dennoch behält der ELISA im Rahmen der Routinediagnostik eine große Bedeutung. Zumal er inzwischen in der dritten Auflage vorliegt und die Zahl der falsch-positiven Befunde deutlich zurückgegangen ist. Das erhöht die Sicherheit für Monito-

ringprogramme bei Zuchtunternehmen und Besamungsstationen.

Im Gegensatz zum ELISA-Test bietet die Polymerase-Ketten-Reaktion (PCR) die Möglichkeit, dass PRRS-Virus direkt nachzuweisen. Wer darüber hinaus wissen will, ob es sich um eine Feldinfektion oder eine Reaktion auf das Impfvirus handelt, kann dazu eine Gensequenzierung durchführen lassen, bei der das Erbgut des Erregers dargestellt wird. Oder er gibt eine sogenannte DV-PCR in Auftrag. Per Sequenzierung lassen sich auch die Subtypen voneinander unterscheiden.

## Schnell gelesen

- Auch 20 Jahre nach Auftreten der ersten Symptome bereitet das PRRSV große Probleme.
- Grund ist die enorme Wandlungs- und Anpassungsfähigkeit des Erregers.
- In Osteuropa kursieren inzwischen zahlreiche Subtypen des EU-Typs.
- Wie gut die vorhandenen Impfstoffe gegen diese Subtypen wirken, ist ungewiss.
- Die Sequenzierung eignet sich zwar zur exakten Erreger-Bestimmung, erleichtert aber nicht die Auswahl des richtigen Impfstoffs.

hiesige Schweineproduktion hätte, ist unklar. Denn bislang gibt es keinerlei Informationen darüber, wie wirksam die derzeit verfügbaren Impfstoffe gegen die osteuropäischen Subtypen sind. Erste Ergebnisse aus Forschung und Praxis deuten darauf hin, dass der osteuropäische Virustyp sehr viel virulenter ist als der westeuropäische Subtyp 1.

### US-Feldstämme in der EU?

Bis vor wenigen Jahren ging man außerdem davon aus, dass es sich bei den Virusisolaten des US-Stamms, die gelegentlich in deutschen Beständen gefunden werden, um Abkömmlinge des eingesetzten US-Impfstammes handelt, die sich im Feld „verselbstständigt“ haben.

Inzwischen konnte man dank PCR-Verfahren und Sequenzierung jedoch nachweisen, dass auch Feldstämme des US-Typs in Europa unterwegs sind. Ungarn, die Slowakei und Rumänien gelten als Reservoir für diese Typ 2-Feldstämme.

Alle diese Ergebnisse zeigen, dass es in Europa inzwischen ein sehr komplexes PRRS-Geschehen gibt, dass sich mit der einfachen Formel „EU = Feldstamm und US = Impfstamm“ nicht erklären lässt, sondern eine genaue Analyse erfordert.

**Womit impfen?** In der Hoffnung, durch die Sequenzierung des gefundenen Isolates einen Hinweis darauf zu bekommen, ob man

im eigenen Bestand besser den EU- oder den US-Impfstamm einsetzt, haben in den letzten Jahren viele Landwirte und Tierärzte teure Sequenzierungen in Auftrag gegeben. Denn je enger der Verwandtschaftsgrad von Feld- und Impfvirus, desto intensiver ist vermutlich auch die Schutzwirkung durch den verwendeten Impfstoff.

Doch diese Hoffnung ist leider doch nicht berechtigt. Denn bei der PRRS lässt eine Sequenzierung keinerlei Aussagen darüber zu, wie gut der betreffende Impfstoff vor einer Infektion schützt. Eine Sequenzierung um den passenden Impfstoff auszuwählen, macht daher also keinen Sinn.

Eine Sequenzierung ist jedoch immer dann sinnvoll, wenn eine bis dahin PRRS-negative Herde plötzlich infiziert wird und man wissen will, woher der Erreger stammt.

Hilfreich ist die Sequenzierung auch dann, wenn in einer PRRS-positiven und durch Impfung bisher stabilen Herde plötzlich wieder ein klinisches PRRS-Geschehen auftritt. Hier kann man dann über die Sequenzierung prüfen, ob ein anderer bzw. neuer Virusstamm für das Geschehen verantwortlich ist. Das setzt allerdings voraus, dass der bis dahin in der Herde zirkulierende Stamm ebenfalls sequenziert wurde. Denn sonst fehlt die Vergleichsmöglichkeit.