

Porcine Circoviren bei Wildschweinen in Deutschland – Sequenzvariation und Verbreitung

Sebastian Knell, Ingo Haack, Barbara Hertrampf, Hermann Willems und Gerald Reiner

Einleitung

Porcine Circoviren vom Typ II (PCV2) zählen heute weltweit zu den wirtschaftlich bedeutendsten Krankheitserregern beim Schwein. PCV1 gilt hingegen als apathogen. PCV2 ist ubiquitär verbreitet und ätiologisch an der Entstehung einer Reihe von Krankheitsbildern, wie dem PMWS, dem PDNS, proliferativen Pneumonieformen und Fruchtbarkeitsproblemen beteiligt. Ferkel im Alter zwischen 8 und 16 Wochen sind besonders gefährdet, doch besteht nur ein geringer Zusammenhang zwischen Infektion und Erkrankung. Die Ursachen, die zum Ausbruch spezifischer PCV2-assoziiierter Krankheitsbilder führen, sind erst in Ansätzen bekannt. Neben spezifischen auslösenden Faktoren könnte dabei auch die Variabilität des Virus selbst eine Rolle spielen. Auch Fragen der Übertragung zwischen Herden und der Reservoirbildung sind von großem epidemiologischem Interesse.

Diesen Fragen sollte daher - unter besonderer Berücksichtigung des Wildschweins - nachgegangen werden. Dabei galt es insbesondere die Prävalenzen von PCV-Infektionen bei Wildschweinen der deutschen Bundesländer zu beschreiben und die Variabilität der PCV2-Isolate zu untersuchen.

Material und Methoden

In der Jagdsaison 2004/2005 wurden hierzu 744 Proben (jeweils Lymphknoten, Lunge, Milz, Tonsillen) von 186 Wildschweinen aus 18 Jagdrevieren in Deutschland gesammelt. PCV1- und 2-spezifische DNA-Abschnitte wurden mittels „nested“-PCR amplifiziert. Ein die Antigenität von PCV2 determinierender Sequenzabschnitt wurde vergleichend sequenziert. Die Verbreitung der Varianten wurde mittels ARMS-PCR untersucht.



Abb. 1: Herkunft der Proben.

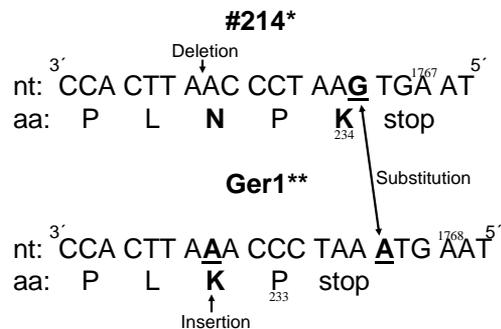
Ergebnisse und Diskussion

Die Prävalenzen für PCV1 und PCV2 betragen insgesamt 34,4 und 67,2%. Sie variierten in den einzelnen Bundesländern zwischen 9 und 62% (PCV1), bzw. 40 und 87% (PCV2) (Tab. 1). Die vergleichende Sequenzierung ergab Hinweise auf zwei unterschiedliche PCV2-Subtypen (Abb. 2), von denen einer mehr mit europäischen, der andere mehr mit chinesischen PCV2-Isolaten von Hausschweinen übereinstimmte. Die PCV2 Prävalenzen waren deutlich höher als erwartet. Der „chinesische“ PCV2 Subtyp konnte lediglich in einem Gürtel vom Saarland, über Rheinland-Pfalz, Hessen, Baden-Württemberg und Bayern nachgewiesen werden. Um die Bedeutung dieser Ergebnisse für die Hausschweine-Populationen abschätzen zu können sollen diese in einem zweiten Schritt der Studie Berücksichtigung finden.

Tabelle 1: Verbreitung von PCV1 und PCV2 bei Wildschweinen in Deutschland

Bundesland	PCV1 [%]	PCV2 [%]
Baden-Württemberg	9,1	54,5
Bayern	26,7	80,0
Berlin	50,0	75,0
Brandenburg	46,7	86,7
Hessen	47,1	76,5
Niedersachsen	44,4	72,2
Mecklenburg-Vorpommern	20,0	40,0
Nordrhein-Westfalen	13,3	46,7
Rheinland-Pfalz	26,4	68,4
Saarland	26,3	63,2
Sachsen	40,0	70,0
Sachsen-Anhalt	12,5	75,0
Schleswig-Holstein	62,5	75,0
Thüringen	16,7	66,7
Durchschnitt	34,4	67,2

ORF2-Terminus



*: „chinesische“ Variante

** : typisches Hausschweine-Isolat aus Deutschland

Abb. 2: Sequenzvariation am N-Terminus von ORF2 bei den PCV2 Isolaten

Tabelle 2: Verteilung von PCV1 und PCV2 in Einzelgeweben positiver Schweine.

Gewebe	PCV1 positiv [%]	PCV2 positiv [%]
Tonsillen	26,6	70,4
Milz	46,9	93,6
Lunge	21,9	75,2
Lymphknoten	59,4	75,2

Danksagung

Diese Arbeit wird unterstützt durch die Deutsche Forschungsgemeinschaft (DFG).