

Porcine Epidemic Diarrhoea (PED)



Die **Porzine Epizootische Diarrhoe (PED)** oder **Epizootische Virus Diarrhoe (EVD)** ist eine durch Coronaviren verursachte Durchfallerkrankung von Schweinen, die besonders bei jungen Ferkeln mit einer hohen Sterblichkeitsrate einhergehen kann.

Weitere Bezeichnungen für diese Infektionskrankheit sind Epidemic Viral Diarrhoea (EVD) und aktuell in der amerikanischen Literatur „Novel Swine Enteric Coronavirus Disease (SEDC).

Für dieses Virus sind nur Schweine empfänglich; für den Menschen oder andere Haustiere besteht keine Ansteckungsgefahr.

Verbreitung

Durchfallerkrankungen, die denen von PED ähneln, wurden erstmals 1971 in England bei Mastschweinen beobachtet und verbreiteten sich danach in mehreren europäischen Ländern. Berichte dazu gibt es aus Belgien (1978), der Tschechischen Republik (1993), Ungarn (1996) sowie auch aus Deutschland, Frankreich, Holland und Schweiz. Danach gab es in Europa kaum - und wenn dann nur vereinzelt - Krankheitsausbrüche. In einer in Österreich durchgeführten Studie von Möstl et al. (1990) konnte kein Hinweis auf das Vorkommen von PED in der österreichischen Schweinepopulation gefunden werden.

Im Zeitraum 2005 – 2006 wurde in Italien in 63 Herden die Infektion nachgewiesen. Ab 2000 und anhaltend bis in die Gegenwart wird von PED Ausbrüchen in Korea, China, Thailand und anderen asiatischen Ländern berichtet. Seit 2010 haben in diesen Ländern die Ausbrüche mit hohen Todesfällen bei Ferkeln stark zugenommen. 2013 traten erste Fälle von PED in den US-Bundesstaaten Iowa und Minnesota auf. Innerhalb kurzer Zeit wurden weitere Ausbrüche in der gesamten USA, in Kanada, Mexiko und in den Zentralamerikanischen Staaten registriert. Diese Ausbrüche gehen mit großen wirtschaftlichen Einbußen einher, die einerseits auf Erkrankungen und

Todesfälle bei Schweinen, aber auch auf Handelsrestriktionen zurückzuführen sind.

Bei der molekulargenetischen Untersuchung des Virus konnte eine neue Variante des PED-Virus (PEDV) in Amerika und Asien nachgewiesen werden, die scheinbar virulenter ist als das ursprünglich in den 1980-er Jahren in Europa isolierte Virus. Zusätzlich wurde im Zuge der genetischen Analysen ein neues Coronavirus (Deltacoronavirus) detektiert, das möglicherweise am Krankheitsgeschehen ebenfalls mitbeteiligt ist.

Deutschland:

Zuletzt wurden mehrere akute Ausbrüche in Deutschland zunächst bei Mastschweinen, nun aber auch bei Saugferkeln gemeldet. Dabei war die Mortalität bei den Mastschweinen gering, bei den Saugferkeln jedoch bis zu 70 %. Alle bisher vorhandenen Sequenzierungen aus den akut in Deutschland aufgetretenen Fällen zeigen eine hohe genetische Übereinstimmung zu der weniger stark pathogenen Variante der in den USA aufgetretenen Stämme.

Österreich:

Kurz vor Weihnachten 2014 wurde auch in Österreich in einem Betrieb bei Mastschweinen mit deutscher Herkunft im Durchfallkot PEDV an der AGES, IVET Mödling, nachgewiesen. Eine Sequenzanalyse erbrachte gegenüber den in Deutschland nachgewiesenen Stämmen eine 100%ige Übereinstimmung im S1-Gen. Die betroffenen Tiere zeigten für 2-3 Tage verminderte Fresslust und Durchfall. Todesfälle traten nicht auf.

Krankheitssymptome

Die klinische Ausprägung der Krankheitssymptome und deren Verlauf sind stark vom Alter der betroffenen Tiere und der Immunitätslage der Herde abhängig und werden folgendermaßen beschrieben:

Hatten die Tiere einer Herde bis zur Viruseinschleppung keinerlei Kontakt mit dem Virus (*sogenannte naive oder vollempfängliche Herde*) zeigen sich folgende Symptome bei **Saugferkeln** (1-28 Lebenstage): Es erkranken nahezu 100 % der Tiere mit Erbrechen; die Ferkel haben akuten wässrigen Durchfall. Infolge des starken Flüssigkeitsverlustes und der daraus folgenden Azidose (Blutübersäuerung) können 50-80 % der Ferkel verenden. Sind die Tiere bereits älter, so verenden wesentlich weniger Tiere (1-3 %). Symptome von Durchfall und Appetitlosigkeit können bei Schweinen aller Altersstufen inklusive Zuchtsauen beobachtet werden. Hat die Herde das akute Krankheitsgeschehen überwunden (*sogenanntes endemisches Krankheitsgeschehen*), so normalisieren sich die Leistungen der Tiere wieder annähernd und es kommt nur mehr gelegentlich zu Durchfällen bei älteren bzw. abgesetzten Ferkeln (3.-6. Lebenswoche).

Inkubationszeit

Die Ansteckung erfolgt durch virushältigen Kot über die sogenannte faecal-orale Infektionsroute. Nach experimenteller Infektion können die ersten Krankheitsanzeichen bereits nach 36 Stunden auftreten. Wird der Erreger in eine naive Herde eingeschleppt, sind die typischen Krankheitsanzeichen innerhalb von 4-5 Tagen sichtbar.

Prävention

Da das Virus vorwiegend durch infizierte Schweine, Kot oder mit Kot verunreinigten Gegenständen (Gülle, Schuhe, Transportfahrzeuge) übertragen wird, ist auf die Einhaltung strenger Biosicherheits- bzw. Hygienemaßnahmen wie Reinigung und Desinfektion kontaminierter Stallungen, Gegenstände und Transportmittel zu achten. Im Zentrum stehen natürlich Vorsichtsmaßnahmen, insbesondere bei der Verbringung von Tieren aus betroffenen Stallungen oder Regionen in nicht betroffene Länder und Regionen. In Asien und Amerika gibt es bereits Impfstoffe, deren Wirksamkeit allerdings kontroversiell diskutiert wird.

Diagnose

Aufgrund der klinischen Symptome in einer Herde kann nur eine Verdachtsdiagnose geäußert werden, die durch eine entsprechende Laboruntersuchung bestätigt werden muss. Mittels moderner molekularbiologischer Methoden (PCR) ist eine rasche und zuverlässige Diagnostik zur Abklärung von Verdachtsfällen möglich.

Folgende Probenmaterialien eignen sich zur Diagnostik:

- Kot von akut erkrankten lebenden Tieren
- oder Darminhalt und Darmgewebe (Dünndarm, Dickdarm) von verendeten Tieren.

Der Kot sollte gekühlt (4 °C) möglichst innerhalb der ersten 24 h nach Auftreten der Diarrhoe genommen werden. Da Darmgewebe relativ rasch autolytisch wird, sollten die Organproben bzw. verendeten Tiere möglichst rasch und gekühlt ins Labor gebracht bzw. versandt werden.

Differentialdiagnose

Differentialdiagnostisch sind verschiedene andere Durchfallerreger auszuschließen:

Bakterielle Infektionen durch: *Escherichia coli*, *Clostridium perfringens*, Salmonellen

Virale Infektionen durch: das Virus der Transmissiblen Gastroenteritis (TGE), Rotaviren, Circoviren vom Typ2 (PCV-2), das Virus der Klassischen Schweinepest (KSP) und der Afrikanischen Schweinepest (ASP)

siehe auch [Transmissible Gastroenteritis \(TGE\)](#)

Parasitenbefall: Kokzidien

Untersuchungslabor

Die Untersuchung auf PED-Virus bzw. andere Coronaviren erfolgt am AGES Institut für Veterinärmedizinische Untersuchungen Mödling.

Proben bzw. verendete Ferkel sind direkt an das AGES Institut in Mödling einzusenden bzw. können auch am AGES Institut für Veterinärmedizinische Untersuchungen Linz abgegeben werden.

siehe auch [Untersuchungspaket / Saugferkeldurchfall: Schwerpunkt Bakterien und Viren](#)

Kontaktadresse

Agentur für Gesundheit und Ernährungssicherheit
Institut für Veterinärmedizinische Untersuchungen

Mödling

Robert Kochgasse 17
2340 Mödling
Tel.: +43 (0) 50555 38112
Email: vetmed.moedling@ages.at

Linz

Wieningerstraße 8
4020 Linz
Tel.: +43 (0) 50555 45111
Email: vetmed.linz@ages.at

Weitere Informationen

<http://www.aasv.org/> - Includes PED Quick Facts from AASV

<http://www.efsa.europa.eu/en/ahawwqs/docs/PEDandPDCoV.pdf>

<http://www.efsa.europa.eu/de/efsajournal/doc/3877.pdf>

Weiterführende Literatur

Chen, Q.; Li G, Stasko J, Thomas JT, Stensland WR, Pillatzki AE, Gauger PC, Schwartz KJ, Madson D, Yoon KJ, Stevenson GW, Burrough ER, Harmon KM, Main RG, Zhang J (2014): Isolation and characterization of porcine epidemic diarrhea viruses associated with the 2013 disease outbreak in US swine. *J. Clin. Microbiol.* 52(1):234-243.

Dea, S.; Vaillancourt, J.; Elazhary, Y.; Martineau, G.P. (1985): An outbreak of diarrhea in piglets caused by a coronavirus antigenically distinct from Transmissible Gastroenteritis Virus. *Can vet. J.* 26:108-111.

Hanke, D., Jenckel, M, Petrov, A., Ritzmann, M., Stadler, J., Akimin, V., Blome, S., Pohlmann, A., Schirrneier, H., Beer, M., Höper, D. (2015): Comparison of Porcine Epidemic Diarrhea Viruses from Germany and the United States, 2014. *Emerg. Infect. Dis.* 21(3), DOI: 10.3201/eid2103.141165

Harris. H. (2014): PEDv awakened a sleeping giant in North America. *Pig progress* 30 (3): 28-29.

Li, W.; Li, H.; Liu, Y.; Pan, Y.; Deng, F.; Song, Y., Tang, X.; He, Q. (2012): New variants of Porcine Epidemic Diarrhea Virus, China 2011. *Emerg. Infect. Dis.* 18(8):1350-1353.

Lowe, J.; Gauger, Ph.; Harmon, K.; Zhang, J.; Connor, J.; Yeske, P.; Loula, T.; Levis, I.; Dufresne, L.; Main, R. (2014): Role of Transportation in Spread of Porcine Epidemic Diarrhea Virus infection, United States. *Emerg. Inf. Dis.* 20(5):872-874.

Martelli, P.; Lavazza, A.; Nigrelli, A.D.; Merialdi, G.; Alborali, L.G.; Paensert, M.B. (2008): Epidemic of diarrhea caused by porcine epidemic diarrhea virus in Italy. *Vet. Record* 162:307-310.

Marthaler, D.; Raymond, L.; Jiang, Y.; Collins, J.; Rossow, K.; Rovira, A. (2014): Rapid detection, Complete Genome Sequencing, and Phylogenetic Analysis of Porcine Deltacoronavirus. *CDC* 20(8):1-5.

Möstl, K.; Callebaut, P.; Horvath, E.; Pensaert, M. (1989): Erhebungen über Porcine Coronaviren in Österreich, I. Teil: TEGV und das TEGV-verwandte respiratorische Coronavirus der Schweine. *Wien, Tierärztl. Mschr.* 76:395-400.

Möstl, K.; Horvath, E.; Bürki, F. (1990): Erhebungen über Porcine Coronaviren in Österreich, II.

Teil: Porcine Epidemic Diarrhea-Virus (PEDV) der Schweine. Wien, Tierärztl. Mschr. 77:10-18.

Pan, Y.; Tian, X.; Li, W.; Zhou, Q.; Wang, D.; Bi, Y.; Chen, F.; Song, Y. (2012): Isolation and characterization of a variant porcine epidemic diarrhea virus in China. *Virology Journal* 9:195-204.

Shibata, I.; Tsuda, T.; Mori, M.; Ono, M.; Sueyoshi, M.; Uruno, K. (2000): Isolation of porcine epidemic diarrhea virus in porcine cell cultures and experimental infection of pigs of different ages. *Vet. Microbiol.* 72:173-182.

Song, D.; Park, B. (2012): Porcine epidemic diarrhea virus: a comprehensive review of molecular epidemiology, diagnosis, and vaccines. *Virus genes* 44:167-175.