



Welke variant van het PRRS-virus circuleert er op mijn bedrijf?

Op een varkensbedrijf kan een infectie met het PRRS-virus worden aangetoond door middel van het vinden van antistoffen. Op die manier is alleen bekend of de varkens ooit in contact zijn geweest met het virus. De aanwezigheid van het virus zelf kan worden aangetoond met een PCR-test (polymerase chain reaction).

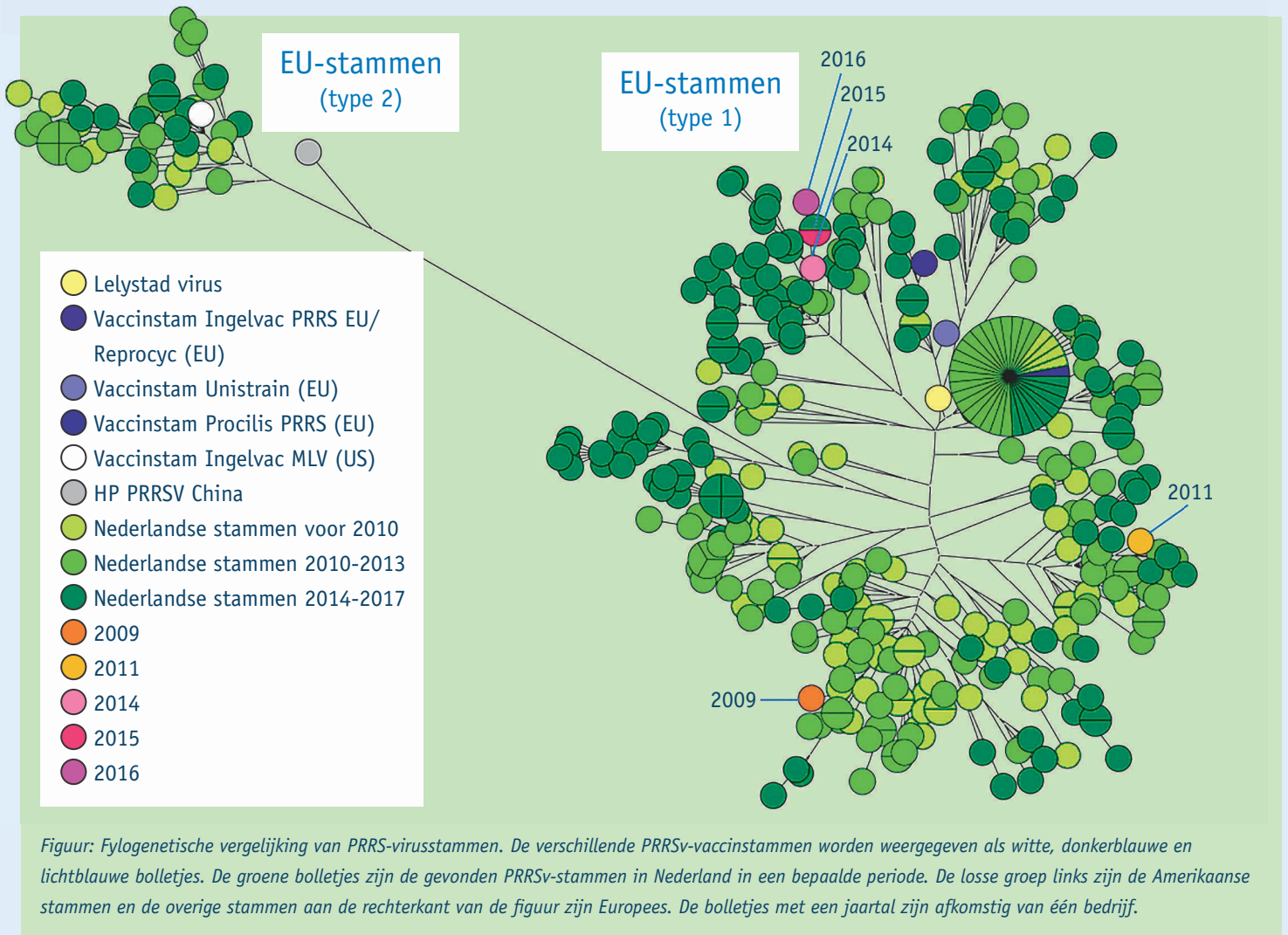
Op de uitslag van zo'n PCR zal niet alleen staan dat het virus is 'aangetoond', maar er wordt ook onderscheid gemaakt tussen de Europese (EU) en de Amerikaanse (US) PRRS-virusvariant.

Bij de aanpak van PRRS is het belangrijk om te weten welke virusstammen op het bedrijf circuleren. Niet alleen welk type virus (de Europese of Amerikaanse variant), maar ook of het om een veldvirus of een vaccinvirus gaat. Daarnaast kan de gevonden stam vergeleken worden met al eerder gevonden stammen op het bedrijf, om zo de ontwikkelingen in de tijd te volgen. Deze extra informatie is te verkrijgen door het uitvoeren van een sequentie-analyse en, op basis daarvan, het maken van een soort stamboom.

Wat is een sequentie-analyse?

DNA of RNA is het materiaal waarin de erfelijke informatie van een organisme is vastgelegd. Niet alleen van mensen en dieren, maar ook van bacteriën en virussen. DNA of RNA is opgebouwd uit lange strengen waarin vier verschillende bouwstenen (nucleotiden) zijn verwerkt. De volgorde van die bouwstenen is een soort streepjescode voor de productie van eiwitten. Die eiwitten vervullen allerlei biologische functies. De volgorde ('sequentie') van de bouwstenen in het DNA of RNA is uniek voor een bepaald organisme.

De sequentie van PRRS-virussen is te analyseren. Door de gevonden sequentie te vergelijken met verschillende referentiestammen, kan een uitspraak worden gedaan over welk virus gevonden is. Bij GD worden sequenties vergeleken met de vier Europese vaccinstammen, de Amerikaanse vaccinstam en met het in 1992 gevonden oorspronkelijke Lelystad-virus.



Als het geteste virus minder dan twee procent afwijkt van één van de referentiestammen, dan wordt het percentage van overeenkomst vermeld. Als de mate van overeenkomst met de referentiestam kleiner is dan 98 procent, dan wordt het gevonden virus als een veldvirus beschouwd. Overigens is de mate van overeenkomst tussen veldvirus en vaccinavirus nog geen maat voor de werking van het vaccin.

Wat kan ik nog meer met een sequentie-analyse?

Om de verwantschappen van virusstammen te bepalen, kan een stamboom gemaakt worden. De onderlinge genetische verschillen kunnen grafisch weergegeven worden waarbij de lengte van de lijnen tussen de bolletjes (individuele virussen) een maat is voor het verschil tussen die virussen (zie figuur).

Met kleuren kan aangegeven worden in welke periode de virussen zijn aangetoond. Op die manier is een beeld te vormen van de ontwikkelingen in de loop van de tijd. In de figuur is een

voorbeeld weergegeven. Uit de analyse van dit specifieke varkensbedrijf kon geconcludeerd worden dat in 2009, 2011 en 2014 drie verschillende nieuwe virussen op het bedrijf zijn binnengekomen. De gevonden virussen in 2015 en 2016 zijn echter zeer sterk verwant met het virus uit 2014. De conclusie is in dit geval dat de viruscirculatie binnen het bedrijf sinds 2014 nog niet tot staan is gebracht en dat de interne biosecurity verbeterd kan worden.

Conclusie

Door de analyse van de structuur van gevonden PRRS-virussen op een varkensbedrijf kan duidelijk gemaakt worden of een gevonden virus een veldvirus of een vaccinavirus is. Daarnaast is de ontwikkeling in de tijd te volgen.



MEER OVER PRRS

WWW.GDDIERGEZONDHEID.NL/DIERGEZONDHEID/

DIERZIEKTEN/INLEIDING-PRRS