



ONDERZOEK DOOR DE JAREN HEEN

Hoe doorgronden we het PRRS-virus?

Tegenwoordig weten we dat PRRS wereldwijd voorkomt en dat de controle ervan lastig is. Hoe anders was dat in de jaren 80, voordat het virus een naam kreeg. Qua diagnostiek is er veel gebeurd de afgelopen decennia. Hoe was het vroeger en waar staan we nu? U leest het hier!

Eind jaren 80 werden uitbraken met abortus, luchtwegklachten, verminderde groei en verhoogde uitval gerapporteerd in de Verenigde Staten. De oorzaak hiervan was in eerste instantie onduidelijk en moeilijk te achterhalen. Toen eind 1990 in Duitsland vergelijkbare uitbraken werden gemeld ging het hard. In vier jaar tijd werden er 3.000 uitbraken gerapporteerd in Europa. Ook in Azië kwamen de symptomen op. In 1991 werd in Lelystad het virus ontdekt dat verantwoordelijk was voor de problemen: het Lelystadvirus. Het eerder onbekende RNA-virus kreeg wereldwijd de naam Porcine Reproductive and Respiratory Syndrome (PRRS).

Zoektocht van het vaststellen

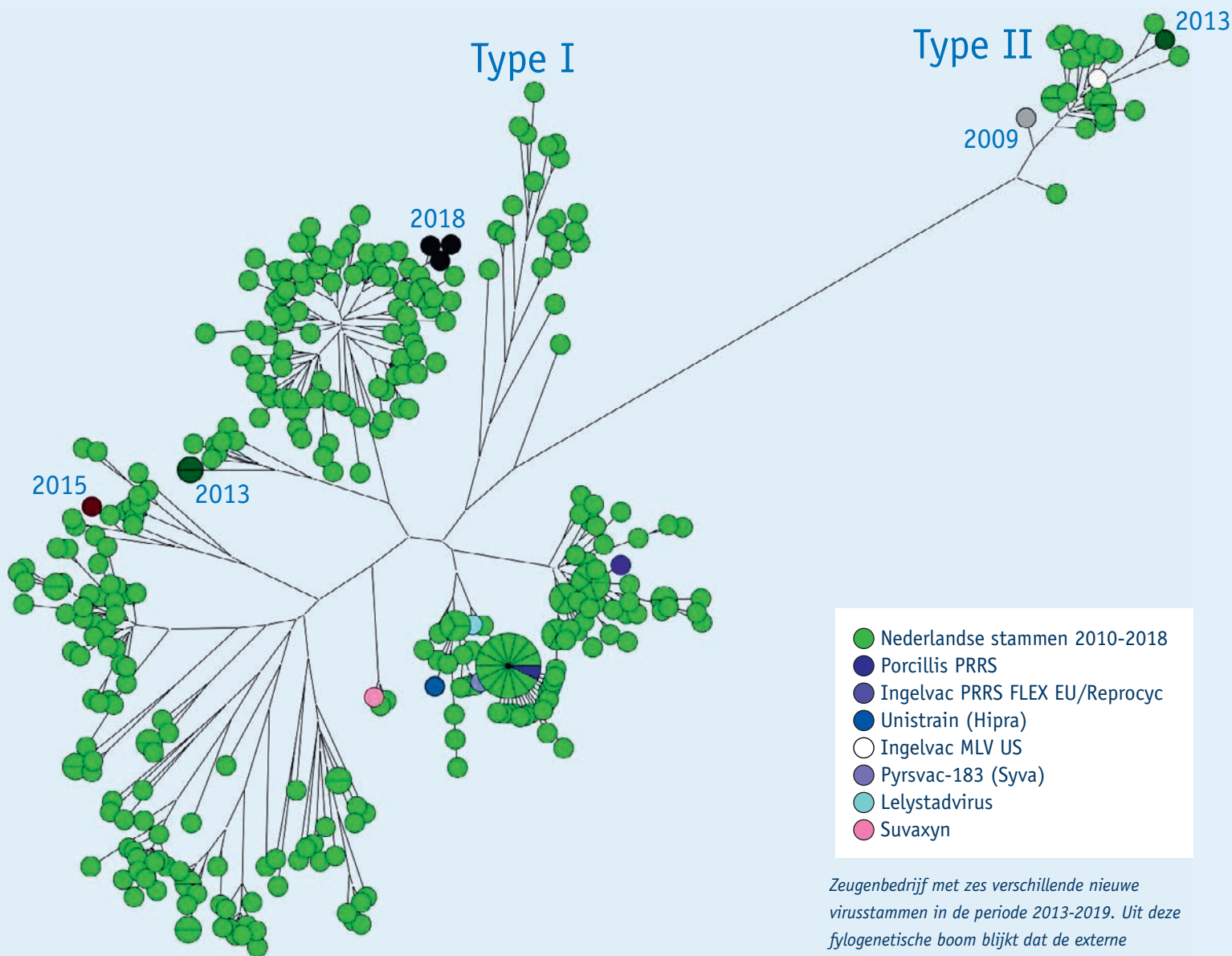
Ook nu komen we PRRS regelmatig tegen. Het virus speelt mogelijk een rol op elk bedrijf met vruchtbaarheidsproblemen of luchtwegklachten. Het blijft altijd gissen, want op basis van klinische verschijnselen is het niet mogelijk om onderscheid te maken tussen een PRRS-infectie en andere mogelijke oorzaken. Bij een luchtweginfectie kunnen bijvoorbeeld influenza, *Mycoplasma hyopneumoniae* en APP een rol spelen. Of neem vroeggeboortes, die kunnen veroorzaakt zijn door relatief grote tomen, heftige stress voor de geboorte, maar ook door bepaalde beer-zeugcombinaties. Zo heeft elk verschijnsel een rits met mogelijke oorzaken. Het vaststellen van PRRS is dus best een zoektocht. En om het nog ingewikkelder te maken: regelmatig komen infecties met het PRRS-virus en andere ziekteverwekkers gelijktijdig voor.

Meebewegen met verandering

Om meer duidelijkheid te krijgen over het virus, is er in de loop der jaren veel onderzocht. Van laboratoriumonderzoek tot sectie van een aantal dieren met typische klinische verschijnselen; het is allemaal nodig om de diagnose PRRS te kunnen stellen. Hoewel we tegenwoordig, anders dan in de jaren 80, weten waar we naar op zoek zijn en weten in welke dieren we het virus kunnen terugvinden, blijft een juiste beoordeling van het gevonden virus een uitdaging. Iets wat het namelijk moeilijk maakt, is dat het genetisch materiaal van een RNA-virus (zoals het PRRS-virus) constant een beetje verandert, er treedt zelfs uitwisseling op van grotere stukken van het genetisch materiaal, ook tussen vaccin- en veldvirussen. Hierdoor ontstaan in feite nieuwe virussen met andere eigenschappen, bijvoorbeeld meer of minder ziekteverwekkend. Ook de testen moeten hierin meebewegen, anders kunnen ze het virus niet meer vinden.

Typeren van het virus

Deze genetische veranderingen maken het onderzoek naar PRRS-virussen niet altijd makkelijker, maar geven ons wel belangrijke aanwijzingen voor de controle en monitoring van PRRS-infecties op een bedrijf. Met de onderzoeksmogelijkheden die we nu hebben, is het niet alleen mogelijk om de aanwezigheid van het virus aan te tonen, maar kan het gevonden virus ook worden getypeerd. De eerste stap in het typeren is het aantonen van het PRRS-virus met een PCR-test. Hierbij wordt monstermateriaal (variërend van buikvocht en speeksel tot een Eswab) onderzocht. Wordt het virus hierin aangetoond? Dan kan het met behulp van een sequentie-analyse verder worden getypeerd.



Zeugenbedrijf met zes verschillende nieuwe virusstammen in de periode 2013-2019. Uit deze fylogenetische boom blijkt dat de externe biosecurity aandacht verdient.

Tijdens deze analyse wordt het RNA van het virus bekeken, waarna het met speciale software vergeleken wordt met andere bekende PRRS-virussen. Dit kunnen bijvoorbeeld vaccinvirussen of eerder op het bedrijf aangetoonde PRRS-virussen zijn. Het vergelijken van deze virussen noemen we ook wel een fylogenetische vergelijking. Het plaatje dat gemaakt wordt op basis van deze vergelijking heet een fylogenetische boom (figuur 1). De lengte van de 'takken' en afstand tussen de bolletjes (virussen) laat de verwantschap zien tussen verschillende virusstammen. Hierbij geldt: hoe groter de afstand, hoe minder verwant de virussen zijn. De fylogenetische boom geeft belangrijke aanwijzingen voor de controle van de PRRS-infectie op het bedrijf. Was het virus al bekend op het bedrijf? Dan is het belangrijk om iets te doen aan interne biosecurity. Is het een 'nieuw' virus? Dan heeft de externe biosecurity aandacht nodig.

Focus op monitoring

Langzaam maar zeker weten onderzoekers het virus steeds beter te doorgronden. De focus in de diagnostiek naar het PRRS-virus verschuift steeds meer van onderzoek bij klinische uitbraken naar monitoring om de actuele status van het bedrijf te bewaken. Op deze manier wordt vroegtijdig ontdekt dat er een nieuw virus op het bedrijf (of op buurbedrijven) circuleert en dat dat een mogelijk risico oplevert. En zo kunnen we preventief te werk gaan. Het onderzoek naar PRRS heeft zich altijd ontwikkeld en zal dat ook blijven doen. Zo wordt de fylogenetische vergelijking momenteel gebaseerd op een klein gedeelte van het virus; nieuwe technieken maken het in de toekomst wellicht mogelijk het complete genetisch materiaal van het virus te analyseren.



BENT U BENIEUWD NAAR DE PRRS-STATUS OP UW BEDRIJF?

WWW.GDDIERGEZONDHEID.NL/PRRS