

Zeitschrift: Schweizer Archiv für Tierheilkunde SAT : die Fachzeitschrift für Tierärztinnen und Tierärzte = Archives Suisses de Médecine Vétérinaire ASMV : la revue professionnelle des vétérinaires

Band: 140 (1998)

Heft: 9

Artikel: Klassische Schweinepest 1993 in der Schweiz : molekular-epidemiologische Charakterisierung der Virusisolate

Autor: Hofmann, M. / Bossy, S.

DOI: <https://doi.org/10.5169/seals-591864>

Nutzungsbedingungen

Die ETH-Bibliothek ist die Anbieterin der digitalisierten Zeitschriften. Sie besitzt keine Urheberrechte an den Zeitschriften und ist nicht verantwortlich für deren Inhalte. Die Rechte liegen in der Regel bei den Herausgebern beziehungsweise den externen Rechteinhabern. [Siehe Rechtliche Hinweise.](#)

Conditions d'utilisation

L'ETH Library est le fournisseur des revues numérisées. Elle ne détient aucun droit d'auteur sur les revues et n'est pas responsable de leur contenu. En règle générale, les droits sont détenus par les éditeurs ou les détenteurs de droits externes. [Voir Informations légales.](#)

Terms of use

The ETH Library is the provider of the digitised journals. It does not own any copyrights to the journals and is not responsible for their content. The rights usually lie with the publishers or the external rights holders. [See Legal notice.](#)

Download PDF: 17.11.2024

ETH-Bibliothek Zürich, E-Periodica, <https://www.e-periodica.ch>

Klassische Schweinepest 1993 in der Schweiz: molekular-epidemiologische Charakterisierung der Virusisolate

M. Hofmann und S. Bossy

Zusammenfassung

Die Nukleotidsequenz der 5' nicht translatierten Region (5'NTR) des Klassischen Schweinepest-Virus (KSPV)-Genoms von Isolaten der fünf 1993 in der Schweiz aufgetretenen Seuchenausbrüche wurde mittels RT-PCR und anschliessender Direktsequenzierung der amplifizierten cDNA vergleichend analysiert. Die Nukleotidsequenzdaten wurden mit anderen KSPV-Stämmen verglichen und zur Erstellung eines phylogenetischen Stammbaumes verwendet. Stammbäume von unterschiedlich langen Teilen der 5'NTR wurden miteinander verglichen. Es konnte gezeigt werden, dass alle Schweizer Isolate nahe verwandt waren mit anderen KSPV-Stämmen, die seit 1990 in Europa für Schweinepestausbürche verantwortlich waren. Zwei der Schweizer Isolate liessen sich nicht von einem Virusstamm unterscheiden, der 1993 in Österreich aus von China importiertem Wildschweinefleisch isoliert worden war. Das Risiko der Einschleppung der Klassischen Schweinepest, das von der Verfütterung von ungenügend erhitzten Speiseabfällen und dem Import von Wildschweinefleisch ausgeht, wird diskutiert.

Schlüsselwörter: Klassische Schweinepest – molekulare Epidemiologie – Genomanalyse – 5'NTR

Einleitung

Die Klassische Schweinepest (KSP), auch bekannt unter dem Namen Europäische Schweinepest, ist eine hochansteckende Viruskrankheit, die ausschliesslich Haus- und Wildschweine befällt. Die KSP ist bis heute die wichtigste Tierseuche der Schweine in Europa und verursacht gegenwärtig vor allem in Deutschland und den

Molecular epidemiological analysis of classical swine fever virus isolates from the 1993 disease outbreaks in Switzerland

RT-PCR followed by direct nucleotide sequencing of the amplified cDNA was carried out to analyse most of the 5' nontranslated region (5'NTR) of classical swine fever virus (CSFV) isolates from the five 1993 disease outbreaks in Switzerland. Sequence data were compared to other CSFV strains, and dendrograms were constructed in order to determine the phylogenetic relationship of the Swiss virus strains. Dendrograms formed by the analysis of different parts of the 5'NTR were compared. It was shown that all Swiss isolates were related to other CSFV strains involved in disease outbreaks in Europe in the 1990s. Two of the isolates were indistinguishable from a CSFV strain isolated from wild boar meat imported from China into Austria in 1993. The risk of introducing classical swine fever by improperly treated swill and, in particular by importing wild boar meat is discussed.

Key words: classical swine fever virus – molecular epidemiology – genome analysis – 5'NTR

Niederlanden wieder massivste wirtschaftliche Verluste. Da die Krankheit in Wildschweinen oft einen nur milden klinischen Verlauf zeigt (Depner et al., 1995), kann das Virus während langer Zeit in Wildschweinebeständen persistieren. Impfversuche in Endemiegebieten haben bis heute nicht zur Eliminierung des KSP-Virus (KSPV) geführt (Kaden et al., 1996).

Während der Tierhandel, speziell das Verstellen von infi-

Ausbruch	Monat	Ort	Anzahl betroffene Schweine	Art des Ausbruchs	vermutete Einschleppungsquelle
1/93	Juni	Trubschachen BE	857	primär	Abfallfütterung
2/93	Okt.	Herrenschwanden BE	90	primär	Abfallfütterung
3/93/1	Nov.	Kerzers FR	11	primär	Abfallfütterung
3/93/2	Dez.	Kerzers FR	10	sekundär	Tierhandel
4/93	Dez.	Burgdorf BE	221	primär	Abfallfütterung

Tabelle 1: Übersicht über die fünf 1993 in der Schweiz aufgetretenen Ausbrüche von KSP

zierten Schweinen, am häufigsten für die Ausbreitung der Krankheit, das heisst für Sekundärausbrüche verantwortlich ist, konnte in den letzten Jahren wiederholt gezeigt werden, dass die Verfütterung von KSPV-kontaminierten, nicht ausreichend erhitzten Speiseabfällen das Hauptrisiko für das Auftreten neuer Primärausbrüche darstellt (Büttner und Kaden, 1997; Ruttli, 1997).

1993 traten in der Schweiz vier Primärausbrüche von KSP auf (Tab. 1), nachdem die Krankheit während 20 Jahren nie aufgetreten war. Der erste Fall wurde im Juni in Trubschachen (Kanton Bern) diagnostiziert; das entsprechende KSPV-Isolat erhielt die Bezeichnung 1/93. Der zweite Ausbruch betraf im Oktober einen Mastbetrieb in Herrenschwanden (Kanton Bern) (Isolat 2/93). Ein dritter Fall wurde im darauffolgenden Monat in Kerzers (Kanton Fribourg) entdeckt (3/93/1). Dieser führte infolge Tierhandel im Dezember zu einem Sekundärausbruch in derselben Gemeinde (3/93/2). Der bis heute letzte Ausbruch von KSP wurde im Dezember in Burgdorf (Kanton Bern) festgestellt (4/93). Obwohl die vier Primärausbrüche innerhalb eines kurzen Zeitraums auftraten, ergaben epidemiologische Abklärungen keinerlei Hinweise auf einen Zusammenhang; die einzige Gemeinsamkeit stellte die Verfütterung von Speiseabfällen, die auf allen vier Betrieben praktiziert wurde, dar. Die Vermutung lag nahe, dass KSPV-kontaminiertes Fleisch in den Abfällen die Infektionsquelle war; dessen Herkunft konnte jedoch in keinem Fall eruiert werden. Eine mittels monoklonaler Antikörper durchgeführte antigenetische Typisierung der Isolate ergab, dass 1/93 und 4/93 nicht unterscheidbar waren und gleichzeitig ein ähnliches Reaktionsmuster zeigten wie der 1990 in Deutschland isolierte KSPV-Stamm «Flandern 90» (Kosmidou et al., 1995; R. Ahl, pers. Mitt.). 2/93 und 3/93/1 waren unter sich wiederum nicht unterscheidbar, bildeten aber eine bis dato unbekannt neue Gruppe von KSPV (Kosmidou et al., 1995).

1995 beschrieben Krassnig et al. die Isolierung eines KSPV aus tiefgefrorenem, aus China importiertem Wildschweinefleisch. Auch dieses Isolat liess sich mittels monoklonaler Antikörper nicht von den Schweizer Isolaten 2/93 und 3/93/1 unterscheiden (R. Ahl, pers. Mitt.).

Ausgehend von dieser antigenetischen Identität wurde daraufhin der genetische Verwandtschaftsgrad mittels Nukleotidsequenzbestimmung gewisser Teile des viralen Genoms eruiert, da schon früher gezeigt werden konnte, dass diese Methode eine feinere Virusstamm-Unterscheidung erlaubt (Lowings et al., 1996). Die Sequenzbestimmung eines 116 Nukleotide (nt) umfassen-

den Fragmentes der 5' nicht translatierten Region (5'NTR) des Virusgenoms erlaubt sowohl eine Abgrenzung von KSPV von anderen Pestiviren als auch eine grobe Unterteilung in verschiedene Genotyp-Gruppen (Hofmann et al., 1994). Um jedoch eine feinere Unterteilung in Subtypen zu erhalten (Lowings et al., 1996) und möglicherweise die bis dahin nicht voneinander unterscheidbaren Isolate 1/93 und 4/93 respektive 2/93 und 3/93/1 differenzieren zu können (Hofmann, 1996), wurde eine Methode zur Sequenzbestimmung der fast ganzen 5'NTR entwickelt und für die Analyse aller fünf Schweizer Isolate sowie einer grösseren Anzahl weiterer KSPV-Stämme verwendet.

Material und Methoden

Die KSPV-Isolate 1/93, 2/93, 3/93/1, 3/93/2 und 4/93 wurden auf PK15-Zellen aus Organen (Tonsillen, Lymphknoten) von Schweinen der KSP-Ausbrüche in Trubschachen, Herrenschwanden, Kerzers und Burgdorf isoliert. Das Isolat SP10549/13, welches aus tiefgefrorenem Wildschweinefleisch aus China isoliert worden war (Krassnig et al., 1995), wurde freundlicherweise von R. Krassnig, Bundesanstalt für Viruseuchenbekämpfung, Wien, zur Verfügung gestellt. Die KSPV-Stämme VRI2277, c4D (Lowings et al., 1996), Hannover 907, Alfort/Tübingen, Alfort/187, Brescia, CAP und Baker A (Hofmann et al., 1994) wurden zu Vergleichszwecken mitgeführt.

Die RNA für die Reverse Transkription mit nachfolgender Polymerase-Kettenreaktion (RT-PCR) wurde mittels Trizol (Gibco BRL) aus Zellkultur-Überständen extrahiert. Die RT-PCR wurde mit den beiden Primern CSFR411 (Downstream-Primer, bindet an nt 411–433 des Genoms von KSPV Alfort/187 [Ruggli et al., 1996]) und CSFL001 (Upstream-Primer, entspricht den 5'terminalen 21 nt von Alfort/187) durchgeführt. Das amplifizierte 433-nt-PCR-DNA-Fragment wurde anschliessend mittels «Cycle Sequencing» und einem Sequenzierautomaten direkt sequenziert, und zwar unter Verwendung der drei IRD41-markierten Primer CSFR408 (nt 408–431, antisense), CSFR119 (nt 119–136, antisense) und CSFL072 (nt 72–88, sense). Für die vergleichende Sequenzanalyse wurden die nt 22 bis 376 des RT-PCR-Produktes, welche der ganzen 5'NTR mit Ausnahme der ersten 21 nt entsprechen, verwendet. Die ermittelten Sequenzdaten wurden in der GenBank Sequenzdatenbank deponiert (Accession Numbers AF045068 [1/93], AF045069 [2/93], AF045070 [3/93/1], AF045071 [3/93/2], AF045068 [4/93]).

Resultate

Die Sequenzdaten der für die vorliegende Arbeit verwendeten KSPV-Stämme wurden ausgehend von min-

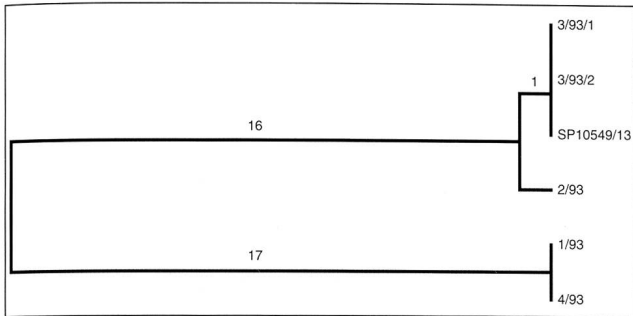


Abbildung 1: Verwandtschaftsgrad der fünf Schweizer KSPV-Isolate und des Wildschweinefleisch-Isolates SP10549/13 aus China. Das Dendrogramm wurde aufgrund der Sequenzdaten von 355 nt der 5'NTR des viralen Genoms erstellt. 3/93/1, 3/93/2 und SP10549/13 wiesen eine identische Sequenz auf, während 2/93 um 1 nt abwich. 1/93 und 4/93 waren unter sich wiederum gleich, unterschieden sich aber von den anderen 3 Isolaten um 17 nt. Die Anzahl der nt-Differenzen ist angegeben

destens zwei unabhängigen RT-PCRs bestimmt, um PCR-Artefakte auszuschliessen.

Der Vergleich der Sequenzen der fünf Schweizer KSPV-Isolate zeigte, dass 3/93/1 und 3/93/2 unter sich identisch waren und sich überdies nicht von der Sequenz des chinesischen Wildschweine-Isolates SP10549/13 unterschieden; andererseits wichen sie an einer einzigen Position von 2/93 ab (T statt C). 1/93 und 4/93 waren unter sich wiederum nicht differenzierbar, unterschieden sich aber im Vergleich zu SP10549/13 um 17 nt. Ein aufgrund der ermittelten Sequenzdaten erstellter phylogenetischer Stammbaum (Abb. 1) zeigte klar, dass die Isolate 2/93, 3/93/1, 3/93/2 und SP10549/13 innerhalb des gleichen Astes gruppiert waren, welcher der Genotyp-Subgruppe 2.1 entsprach, wenn für die Erstellung des Stammbaumes Daten von weiteren, schon früher charakterisierten Virusstämmen mit einbezogen wurden (Abb. 2a). In die gleiche Subgruppe eingereiht wurden auch Isolate, die Anfang der neunziger Jahre in Deutschland und Holland gefunden wurden, sowie ein 1986 in Malaysia isoliertes KSPV (Lowings et al., 1996; Hofmann, unveröffentlicht). Diese Gruppe stimmte weitgehend mit dem antigenen Reaktionsmuster des Typs «Schweinfurt 93» überein (Kosmidou et al., 1995; Greiser-Wilke et al., 1997). Die beiden Isolate 1/93 und 4/93 hingegen,

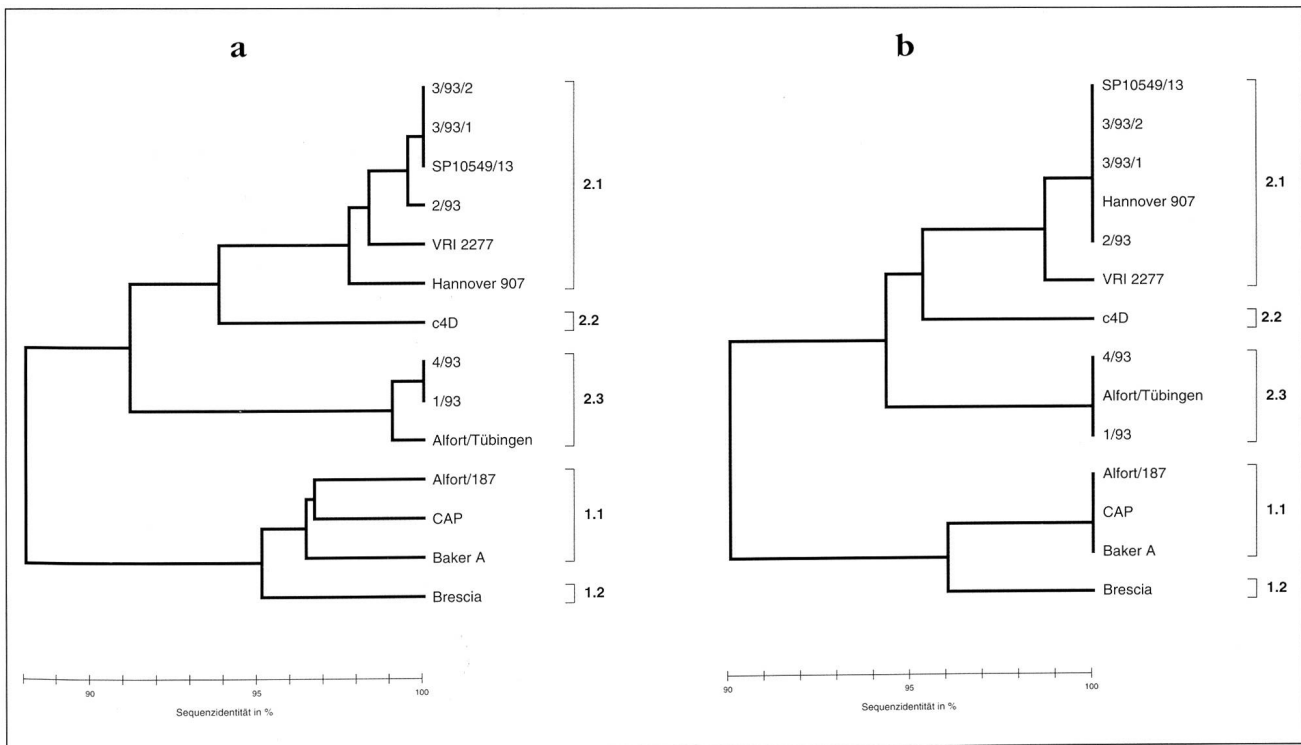


Abbildung 2: Vergleich des Differenzierungsvermögens der beiden phylogenetischen Stammbäume basierend auf dem Sequenzvergleich von 355 nt (a) respektive 116 nt (b) der 5'NTR des KSPV-Genoms. Zwar erlaubten beide Dendrogramme eine Klassifizierung der untersuchten Virusstämmen in die fünf kürzlich vorgeschlagenen Genotyp-Subgruppen 1.1, 1.2, 2.1, 2.2 und 2.3 (Lowings et al., 1996), jedoch konnten einige der in (b) identisch erscheinenden Virusstämmen in (a) klar differenziert werden (z.B. 2/93 und 3/93/1 oder Alfort/187, CAP und Baker A). Der Grad der Sequenzkonservierung, der in beiden analysierten Genomfragmenten ähnlich hoch war (88% respektive 90%), ist auf einer Skala angegeben. Die horizontale Distanz in den Dendrogrammen widerspiegelt den genetischen Verwandtschaftsgrad der Virusstämmen

welche unter sich nicht unterscheidbar waren, wurden aufgrund ihrer deutlichen Sequenzunterschiede zu den übrigen Schweizer Isolaten in eine andere Subgruppe, nämlich 2.3, eingeteilt (Abb. 2). Diese umfasst die meisten in den letzten Jahren in Europa aufgetretenen Isolate und entspricht dem antigenen Reaktionsmuster des Typs «Flandern 90» (Kosmidou et al., 1995).

Ein Vergleich des Stammbaumes, der aufgrund der 355 in der vorliegenden Arbeit analysierten Nukleotide erstellt wurde (Abb. 2a), mit einem Stammbaum aus dem Vergleich eines kürzeren, für eine frühere Arbeit verwendeten 116-nt-Genomfragmentes (Abb. 2b) ergab keine wesentlichen Unterschiede. Beide Dendrogramme zeigten die selbe Unterteilung in die zwei Genotyp-Gruppen 1 und 2 sowie in die jeweiligen Subgruppen. Hingegen war das Differenzierungsvermögen des längeren Genomfragmentes dem kürzeren deutlich überlegen, und nur das 355-nt-Fragment liess eine Unterscheidung von 2/93 und 3/93/1 zu.

Diskussion

Obwohl schon früher gezeigt werden konnte, dass ein 116-nt-Fragment der (im allgemeinen hochkonservierten) 5'NTR sich zur Charakterisierung von unbekanntem Pestiviren eignet (Hofmann et al., 1994), wurde in der vorliegenden Arbeit versucht, durch Sequenzanalyse eines Grossteils der 5'NTR auch nahe verwandte KSPV-Isolate differenzieren zu können. Bis heute konnten 87 KSPV-Stämme und -Isolate erfolgreich mit dieser Methode differenziert werden, auch solche, die sich im früher benutzten 116-nt-Fragment nicht unterschieden (wie z. B. Alfort/187, CAP und BakerA oder 2/93 und 3/93, siehe Abb. 2). Überraschenderweise liess die Analyse der 5'NTR sogar eine ähnlich gute Differenzierung zu, wie sie durch Sequenzierung von Genomsegmenten mit höherer Variabilität, wie beispielsweise im E2-Gen (Lowings et al., 1996) oder im ns5B-Bereich (Vilcek et al., 1996) möglich ist. Das unterschiedliche Differenzierungsvermögen der beiden 5'NTR-Fragmente war um so erstaunlicher, da der Anteil an konservierten Sequenzen bei beiden Fragmenten etwa gleich hoch war (88% respektive 90%, siehe Abb. 2). Aufgrund dieser Ergebnisse bietet sich die Sequenzanalyse der 5'NTR für molekular-epidemiologische Abklärungen an, wie beispielsweise die Unterscheidung, ob es sich bei einer Serie von neuen KSP-Ausbrüchen um Sekundärausbrüche handelt oder ob verschiedene Virusstämme in das Seuchengeschehen involviert sind.

Die beiden Schweizer KSPV-Isolate 3/93/1 und 3/93/2 liessen sich nicht voneinander differenzieren, obwohl mehrere andere Genomsegmente analysiert wurden (Daten nicht gezeigt). Dies stellt eine Bestätigung für die Resultate der epidemiologischen Abklärungen im Felde dar, wo gezeigt wurde, dass es sich beim Fall 3/93/2 um einen Sekundärausbruch handelte, verursacht durch das Verstellen von KSPV-infizierten Schweinen aus dem Betrieb 3/93/1. Die Tatsache, dass 3/93/1 sich auch nicht

von SP10549/13, das in Österreich aus chinesischem Wildschweinefleisch isoliert worden war, unterscheiden liess, lässt vermuten, dass die beiden Isolate einen gemeinsamen Ursprung hatten. Es ist ohne weiteres möglich, dass gewisse Mengen desselben KSPV-kontaminierten Wildschweinefleisches auch in die Schweiz importiert worden waren und via die Verfütterung von ungenügend erhitzten Speiseabfällen den KSP-Ausbruch 3/93/1 auslösten.

Fleisch von KSPV-infizierten Wild- oder Hausschweinen stellt ein ständiges Risiko dar für das erneute Auftreten von KSP-Seuchenfällen. Dies wird durch folgende Tatsachen bestätigt: KSPV wurde in den letzten Jahren mehrfach aus tiefgefrorenem Schweinefleisch isoliert (Krassnig et al., 1995) und dies, obwohl KSPV in Muskelfleisch nur sehr unzuverlässig nachgewiesen werden kann (Thür und Hofmann, 1998, im Druck). Im weiteren stellt die Verfütterung von ungenügend erhitzten Speiseabfällen in Europa bis heute die Hauptinfektionsquelle für neue Primärausbrüche dar (Büttner und Kaden, 1997; Ruttli, 1997). Es konnte beispielsweise gezeigt werden, dass der riesige Seuchenzug, der im vergangenen Jahr in Holland zu Tierverlusten in der Grössenordnung von 9 Millionen Schweinen führte, durch die Verfütterung von nicht inaktivierten Speiseabfällen in einem einzigen Schweinebetrieb in Deutschland bedingt war (Greiser-Wilke, 1997; Stegeman et al., 1997). Aus dieser Erkenntnis heraus sollte ein Import von Wildschweinefleisch nur bewilligt werden, falls das Herkunftsgebiet nachweislich frei von KSP ist. Weiter muss mit Nachdruck auf die Bedeutung der gesetzlich vorgeschriebenen korrekten Hitzebehandlung von Speiseabfällen, die zur Verfütterung an Schweine bestimmt sind, hingewiesen werden (Tierseuchenverordnung, Art. 41 bis 45). Ein sorgfältiges serologisches Monitoring von KSP in Gebieten, wo Wildschweine zu kommerziellen Zwecken gejagt werden, drängt sich auf, da eine Routinekontrolle von importiertem Wildschweinefleisch weder zuverlässig noch praktikabel ist (Krassnig et al., 1995; Thür und Hofmann, 1998, im Druck).

Es wurde in den letzten Jahren mehrfach gezeigt, dass verschiedene KSPV-Stämme in Europa zirkulieren, die immer wieder zu Seuchenausbrüchen führen (Greiser-Wilke, 1997). Daher ist es nicht klar, ob das Isolat 2/93, welches nahe verwandt ist mit 3/93/1, von einem gemeinsamen Ursprung stammt oder ob beide Virusstämme unabhängig in die Schweiz gelangten. Für die letztere Erklärung spricht die Tatsache, dass die beiden Schweizer Isolate sehr nahe verwandt sind mit Isolaten von zeitlich und geographisch verschiedenen KSP-Ausbrüchen in Deutschland und Holland.

Auch die beiden Isolate 1/93 und 4/93 liessen sich nicht unterscheiden. Man könnte vermuten, dass 1/93 die Quelle für den Ausbruch 4/93 darstellte. Dagegen spricht jedoch, dass die beiden Fälle im Abstand von sechs Monaten auftraten. Im übrigen waren diese beiden Isolate ihrerseits sehr nahe verwandt zu KSPV-Isolaten, die von Ausbrüchen in Deutschland, Frankreich und Italien stammten, gehörten aber aufgrund der analysierten Ge-

nomsequenz eindeutig einer anderen Gruppe an als 2/93 und 3/93/1 (Abb. 2). Es muss daher auch in diesen beiden Fällen davon ausgegangen werden, dass viruskontaminiertes Fleisch auf verschiedenen Wegen, aber möglicherweise von einer gemeinsamen Quelle, in die Betriebe gelangte, wo es infolge auch dort praktizierter Abfallfütterung zu den erwähnten KSP-Ausbrüchen führte. Dies würde auch den grossen zeitlichen Abstand zwischen den Ausbrüchen 1/93 und 4/93 erklären, da KSPV in viruskontaminiertem tiefgefrorenem Fleisch während langer Zeit infektiös bleibt (Mahnel und Mayr, 1974).

Zusammenfassend zeigt die vorliegende Arbeit, dass die vergleichende Nukleotidsequenzbestimmung gewisser Fragmente des KSPV-Genoms ein wertvolles Werkzeug für epidemiologische Abklärungen darstellt. Die Analyse der hier beschriebenen Seuchenausbrüche untermauert einmal mehr die Bedeutung der Speiseabfallverfütterung als wichtigster Risikofaktor für die Einschleppung von KSP in ein Gebiet, das lange Zeit frei von dieser Seuche war. Infolge des zunehmenden weltweiten Handels mit Tieren und Tierprodukten wird dieser Risikofaktor in Zukunft noch wichtiger werden.

Literatur

Büttner M., Kaden V. (1997) Country report on classical swine fever - Germany. Report Annu. Meeting Nat. Swine Fever Lab., Vienna, Austria, 16-17 June 1997, p 12.

Peste porcine classique 1993 en Suisse: caractérisation moléculaire-épidémiologique des souches virales

La séquence de nucléotides de la 5' région non traduite (5'NTR) du génome du virus de la peste porcine classique (VPPC) des cinq souches isolées lors de l'apparition en 1993 de l'épizootie en Suisse, ont été à l'aide de la RT-PCR et finalement du séquençage direct du cDNA amplifié, mis en comparaison. Les résultats ont été comparés avec d'autres souches de VPPC et présentés sur un arbre phylogénétique sur lequel différentes longueurs de fragments de la 5'NTR ont pu être parallèlement analysées. Il a pu être démontré que toutes les souches Suisse sont très proches d'autres qui ont été depuis 1990 la cause d'épizooties en Europe. Deux ne se laissent pas différencier du virus qui a été isolé en Autriche en 1993 provenant de viande de sanglier importée de Chine. Le risque de transmission de la peste porcine par les restes d'aliments insuffisamment cuits et lors de l'importation de viande de sanglier est discuté.

Depner K.R., Müller A., Gruber A., Rodriguez A., Bickhardt K., Liess B. (1995) Classical swine fever in wild boar (*Sus scrofa*) - experimental infections and viral persistence. Deut. Tierärztl. Wochenschr. 102, 381-384.

Greiser-Wilke I. (1997) Molecular characterisation of recent European CSFV isolates. Report Annu. Meeting Nat. Swine Fever Lab., Vienna, Austria, 16-17 June 1997, pp 36-37.

Greiser-Wilke I., Depner K., Moennig V. (1997) The CSF virus database at the CRL. Report Annu. Meeting Nat. Swine Fever Lab., Vienna, Austria, 16-17 June 1997, pp 20-21.

Hofmann M.A., Brechtbühl K., Stäuber N. (1994) Rapid characterization of new pestivirus strains by direct sequencing of PCR-amplified cDNA from the 5' noncoding region. Arch. Virol. 139, 217-229.

Hofmann M. (1996) Molecular epidemiology of CSF: Isolate Switzerland III/93 is closely related to a virus strain isolated from chinese wild boar meat in Austria. Report Annu. Meeting Nat. Swine Fever Lab., Alghero, Sardinia, Italy, 3-5 June 1996, pp 29-30.

Kaden V., Kiupel H., Dedek J., Wolf P., Krey M., Kranz R., Scurig U. (1996) Oral immunization of wild boars against classical swine fever in Mecklenburg-Western Pomerania. Situation one year after beginning of immunization. Report Annu. Meeting Nat. Swine Fever Lab., Alghero, Sardinia, Italy, 3-5 June 1996, pp 40-41.

Kosmidou A., Abl R., Thiel H.J., Weiland E. (1995) Differentiation of classical swine fever virus (CSFV) strains using monoclonal antibodies against structural glycoproteins. Vet. Microbiol. 47, 111-118.

Krassnig R., Schuller W., Heinrich J., Werfring F., Kalas P., Frubirth M. (1995) Isolation of hog cholera virus (HCV) in imported frozen meat of wildboars. Deut. Tierärztl. Wochenschr. 102, 56.

Lowings P., Ibata G., Needham J., Paton D. (1996) Classical swine fever virus diversity and evolution. J. Gen. Virol. 77, 1311-1321.

Mahnel H., Mayr A. (1974) Schweinepest. VEB Gustav Fischer Verlag, Jena, pp 23-29.

La peste suina classica in Svizzera nel 1993: caratterizzazione molecolare-epidemia degli isolati del virus

La sequenza dei nucleotidi della regione 5' non tradotta (5'NTR) del genoma del virus della peste suina classica (VPSC) degli isolati dei cinque focolai epidemici di peste suina classica verificatisi nel 1993 è stata analizzata comparativamente tramite RT-PCR e sequenziazione diretta del cDNA amplificato. I dati della sequenza dei nucleotidi sono stati comparati con altri ceppi di VPSC e usati per la produzione di un albero genealogico filogenetico. Alberi genealogici di segmenti di diverse lunghezze del 5' NTR sono stati confrontati tra di loro. Si è potuto dimostrare che tutti gli isolati di origine svizzera erano strettamente imparentati con altri ceppi di VPSC che dal 1990 sono causa in Europa dei diversi scoppi epidemici di peste suina. Due degli isolati svizzeri non si differenziavano dal ceppo di virus che era stato isolato nel 1993 in Austria da carne di cinghiale importata dalla Cina. È discusso il rischio di importazione della peste suina classica, causato da foraggio derivato da resti alimentari riscaldati insufficientemente e da importazione di carne di cinghiale.

Ruggli N., Tratschin J.-D., Mittelbolzer C., Hofmann M. A. (1996) Nucleotide sequence of classical swine fever virus strain Alfort/187 and transcription of infectious RNA from stably cloned full-length cDNA. J. Virol. 70, 3478-3487.

Ruttili D. (1997) Country report on classical swine fever - Italy. Report Annu. Meeting Nat. Swine Fever Lab., Vienna, Austria, 16-17 June 1997, p 13.

Stegeman A., Elbers A., de Smit A., Terpstra C., Moormann R., van Oirschot J. (1997) Country report on classical swine fever - The Netherlands. Report Annu. Meeting Nat. Swine Fever Lab., Vienna, Austria, 16-17 June 1997, p 14.

Tbür B., Hofmann M. A. (1998), Detection of CSFV in striated muscle from experimentally infected pigs. J. Virol. Meth, im Druck.

Vilcek S., Stadejek T., Ballagipordany A., Lowings J. P., Paton D. J., Belak S. (1996) Genetic variability of classical swine fever virus. Virus Res. 43, 137-147.

Korrespondenzadresse: Dr. M. Hofmann, Institut für Viruskrankheiten und Immunprophylaxe, CH-3147 Mittelhäusern. E-mail: martin.bofmann@ivi.admin.ch

Manuskripteingang: 24. November 1997
In vorliegender Form angenommen: 28. Januar 1998

Dank

Die Autoren danken C. Griot für die kritische Durchsicht des Manuskriptes und A. Schenini für das Verfassen der italienischen Zusammenfassung. Diese Arbeiten wurden vom Bundesamt für Veterinärwesen und vom Bundesamt für Bildung und Wissenschaft (Projekt Nr. 93.0312) unterstützt.

Alles rund ums Röntgen für die Tierpraxis

Das BENNETT-Veterinär-Röntgensystem

Röntgengeneratoren mit Organprogramm für Tiere.
100-kHz-HOCHFREQUENZ-Generatoren mit 37,5 kW Leistung.
Nur bei uns: direkt ab normaler Steckdose 220 V.

- Entwicklungsmaschinen oder Handtankentwicklung.
- Dunkelkammerausrüstung (Kassetten, Verstärkerfolien, Bleischürzen, Strahlenschutzartikel).
- Markenröntgenfilme und Chemie für das schmale Budget.
- SERVICE für Ihre Entwicklungsmaschine oder Tankentwicklung.

Jetzt aktuell:

- Zustandsprüfungen (Qualitätsprüfung) laut BAG und GST zu günstigen Preisen.

MED-Service AG, Reggenschwilerstrasse 28, 9402 Mörschwil
Tel. 071 866 22 07, Fax 071 866 15 87

>Ihr Partner rund ums Röntgen in der Tierpraxis<

VETMIX

Medizinalvormischungen bestehend aus Wirksubstanzen mit einem indifferenten Excipients verdünnt. **IKS registriert.**

- Vorteile :
- leichte Beimischung in jedes Futter
 - günstige Preise

CHLORAMPHENICOL Palmitat 20%	Nr.	41860
CHLORTETRACYCLIN HCL 20%	Nr.	41862
CHLOR-TETRA PLUS "S"	Nr.	52310
COLISTIN Sulfat 300	Nr.	51337
GENTAMICIN Sulfat 2%	Nr.	51433
GRISEOFULVIN 10%	Nr.	51311
NEOMYCIN Sulfat 20%	Nr.	41864
SULFADIMIDIN Na 20%	Nr.	41866
"666" (SULFA + TRIMETHOPRIM)	Nr.	42466

CASE POSTALE

1522 LUCENS

Tél. 021 906 85 39

IZOVAL SA