

Vergleich des Erregerspektrums bei an Durchfall erkrankten und klinisch gesunden Absetzferkeln auf ökologisch wirtschaftenden Ferkelerzeugerbetrieben

Werner, C.¹, Sundrum, A.¹, Göbel, A.¹, Eisenberg, T.², Zschöck, M.²

Keywords: Absetzerdurchfall, Diagnostik, Escherichia coli, Virulenzfaktorgene

Abstract

Postweaning diarrhoea (PWD) is a multi-factorial disease demanding an accurate diagnosis to identify the farm-specific causes. The detection of presented pathogens and enterotoxins in weaners with PWD is an essential part of diagnostic measures. The objective of this study was to identify their presence in comparison to clinically healthy weaners within the same group. Faecal swabs were taken from clinically healthy piglets and piglets suffering from PWD on six organic sow farms, respectively. Laboratory analyses include micro- and molecular biological examinations. Different strains of Escherichia coli were detected to a high degree in most of the weaners. There was no significant difference between healthy and diseased piglets neither in relation to the presence of pathogens nor in relation to the associated enterotoxins ($p > 0.05$). It is concluded that the identification of pathogens and their virulence genes provides only little diagnostic information when striving for appropriate preventive measures.

Einleitung und Zielsetzung

Der Durchfallkomplex der Absetzferkel (postweaning diarrhoea = PWD) stellt eine weltweit verbreitete Faktorenkrankheit in der Schweineproduktion dar, die aufgrund hoher Mortalitätsraten, geringer Zunahmen und erhöhter Therapiekosten große ökonomische Verluste verursachen kann (Fairbrother et al. 2005). Als Ursache der Erkrankung kommen Kombinationen diverser Faktoren wie das Vorkommen spezifischer Pathogene, schneller Futterwechsel, eine geringe Futteraufnahme nach dem Absetzen, unzureichende Hygiene oder zu frühes Absetzen in Betracht (Madec et al. 1998). Obwohl die Ferkel in ökologisch wirtschaftenden Ferkelerzeugerbetrieben generell erst mit ca. 6 Wochen abgesetzt werden, treten auch auf diesen Betrieben vermehrt Probleme mit PWD auf (Sundrum et al. 2010). Da die Anwendung von Antibiotika in der ökologischen Tierhaltung durch die Verordnung (EG) Nr. 834/2007 limitiert ist, muss der Fokus bei der Bekämpfung von PWD vorrangig auf der Implementierung von prophylaktischen Maßnahmen liegen. Dafür ist die Erfassung der betriebsspezifischen Schwachstellen unerlässlich. Ein nicht unerheblicher Teil der Diagnosestellung des PWD-Komplexes beruht auf der Kenntnis der vorhandenen Pathogene, die mit dem Krankheitsbild in Verbindung gebracht werden.

Ziel dieser Studie war es, die Pathogene sowie deren mögliche Enterotoxine zu identifizieren und mit den Stämmen aus Proben von gesunden Absetzferkeln der gleichen Gruppe zu vergleichen, um Aussagen über deren Bedeutung als ursächliches Agens treffen zu können.

¹ Universität Kassel, Fachbereich Ökologische Agrarwissenschaften, Fachgebiet Tierernährung und Tiergesundheit, Nordbahnhofstr. 1a, 37213 Witzenhausen, Deutschland, cwerner@uni-kassel.de

² Landesbetrieb Hessisches Landeslabor, Abteilung Veterinärmedizin, Schubertstr. 60, 35392 Gießen, Deutschland, Peter-Michael.Zschoeck@lhl.hessen.de

Material und Methoden

In die Untersuchungen, die im Frühjahr und Herbst 2010 durchgeführt wurden, wurden Absetzferkel von 6 ökologisch wirtschaftenden Ferkelerzeugerbetrieben in Deutschland einbezogen, die seit geraumer Zeit über Probleme mit PWD berichteten. Das Absetzalter der Ferkel betrug durchschnittlich $44,8 \pm 5$ Tage. Alle Tiere wurden in Gruppenhaltungssysteme mit Auslauf abgesetzt. Die Diagnostik des PWD-Komplexes wurde anhand einer Schwachstellenanalyse durchgeführt, welche eine standardisierte Erfassung und Auswertung von Leistungs- und Gesundheitsdaten, sowie von Aufzeichnungen über Hygienemanagement, Fütterungsregime und Medikamenteneinsatz beinhaltete. Um den Infektionsstatus der Tiere zu erfassen, fand neben einer klinischen Untersuchung der Absetzerguppen an beiden Terminen eine Beprobung von jeweils 5 durchfallkranken und gesunden Absetzern mittels rektaler Kottupferentnahme statt. Die Laboranalysen der Tupferproben umfassten mikrobiologische und molekularbiologische Untersuchungen auf *Escherichia (E.) coli*, *E. coli var. haemolytica*, Salmonellen sowie *Brachyspira hyodysenteriae*, *Brachyspira pilosicoli* und *Lawsonia intracellularis*. Alle isolierten *E. coli*-Stämme wurden mittels einer multiplex-PCR (Casey & Bosworth 2009) auf deren Gehalt an 5 Adhäsinen (F4, F5, F41, F6 und F18) und 4 Toxingenen (LT, STa-I, STb und Stx2e) untersucht. Zur Überprüfung auf einen Zusammenhang zwischen dem Auftreten von Toxinen von *E. coli* bzw. *E. coli var. haemolytica* und einer Durchfallerkrankung wurden die Daten unter Anwendung von SPSS Statistics 17 mittels Chi-Quadrat-Test analysiert sowie das Zusammenhangsmaß Lambda berechnet.

Ergebnisse und Diskussion

In der Schwachstellenanalyse zeigten alle untersuchten Betriebe Defizite in den verschiedenen Managementbereichen, die allerdings zwischen den Betrieben stark variierten. Die meisten Risikofaktoren bezüglich Absetzerdurchfall wurden in den Bereichen Hygiene (34%), Management (30%) sowie Fütterung (20%) ersichtlich und bestätigten damit die Ergebnisse von Madec et al. (1998).

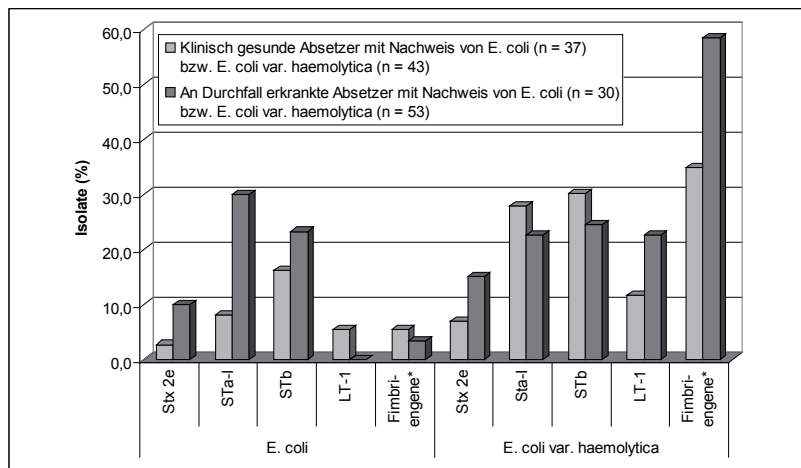
In der mikrobiologischen Untersuchung der Kottupferproben wurden zwar erwartungsgemäß überwiegend hämolytische und nicht-hämolytische *E. coli*-Kulturen isoliert, jedoch unabhängig vom Gesundheitsstatus der Ferkel ($p > 0,05$).

Alle anderen Pathogene, die mit dem Krankheitskomplex des Absetzerdurchfalls assoziiert werden, wurden nur sporadisch nachgewiesen (Tab. 1). Eine aktuelle Untersuchung (de la Fé Rodriguez et al. 2010) bestätigt die eigenen Ergebnisse in der Hinsicht, dass auch dort *E. coli*-Pathovaren als häufigster Erreger in Beständen mit PWD-Problematik isoliert wurden.

Tabelle 1: Mikrobiologische Befunde der Kottupferproben von klinisch gesunden und an Durchfall erkrankten Absetzferkeln

Pathogen	Klinisch gesunde Absetzferkel (n = 55)		An Durchfall erkrankte Absetzferkel (n = 63)	
	N	%	N	%
<i>E. coli</i>	37	67,2	30	47,6
<i>E. coli var. haemolytica</i>	43	78,2	53	84,1
<i>Salmonella sp.</i>	0	0	0	0
<i>Brachyspira hyodysenteriae</i>	0	0	0	0
<i>Brachyspira pilosicoli</i>	4	7,3	5	7,9
<i>Lawsonia intracellularis</i>	0	0	2	3,2

In der weiterführenden molekularbiologischen Untersuchung der isolierten *E. coli*- und *E. coli var. haemolytica*- Stämme wurden verschiedene Virulenzfaktorgene nachgewiesen (Abb. 1), die zwar in ihrer Verteilung bei gesunden sowie bei an Durchfall erkrankten Absetzern keine Unterschiede zeigten ($p > 0,05$), jedoch zwischen den Betrieben in ihrem Auftreten variierten.



*Fimbriengene: F4, F5, F41, F6 und F18

Abbildung 1: Verteilung der Virulenzfaktorgene von hämolyisierenden und nicht-hämolyisierenden *E. coli* in Abhängigkeit des Gesundheitsstatus der Absetzer

Auch Schierack et al. (2006) isolierten Virulenzfaktoren-tragende *E. coli*-Stämme aus Kotproben von gesunden Ferkeln, die in ähnlicher Häufigkeit auftraten wie in der eigenen Untersuchung. Sie schlussfolgern aus ihren Ergebnissen, dass auch diese Pathovaren trotz des Nachweises von Virulenzfaktoren zur normalen Darmflora von Schweinen gehören und ggf. aufgrund fehlender Genexpression nicht in jedem Fall zu einer Erkrankung führen.

Schlussfolgerungen

Der alleinige Nachweis von Pathogenen und deren Virulenzfaktoren reicht in der Diagnostik des Krankheitskomplexes 'Absetzerdurchfall' nicht aus, um effiziente Präventivmaßnahmen erarbeiten zu können. Für deren Erarbeitung sind Kenntnisse des Hygiene- und Fütterungsmanagements sowie deren Einfluss auf die intestinale Flora und assoziierte Magen-Darm-Erkrankungen erforderlich. Dafür steht die Entwicklung von entsprechenden Diagnoseinstrumenten auf einzelbetrieblicher Ebene im Vordergrund, die eine schnelle und angemessene Reaktion auf das Krankheitsgeschehen erlauben.

Danksagung

Die finanzielle Förderung der Untersuchungen erfolgte aus Mitteln des Bundesministeriums für Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz (BMELV) im Rahmen des ERA-net Programms (CoreOrganic) durch die Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung (BLE).

Literatur

- Casey T.A., Bosworth B.T. (2009): Design and evaluation of a multiplex polymerase chain reaction assay for the simultaneous identification of genes for nine different virulence factors associated with *Escherichia coli* that cause diarrhea and edema disease in swine. *J Vet Diagn Invest* 21: 25–30.
- De la Fé Rodriguez P.Y., Maroto L., Cruz E., Imberechts H., Butaye P., Goddeeris B., Cox E. (2010): Pathogens associated with the pre- and postweaning porcine diarrhea in Cuba. Proc. of the 2nd ESPHM conference, Hannover, Germany; p. 134.
- Fairbrother J.M., Nadeau E., Gyles C.L. (2005): *Escherichia coli* in postweaning diarrhea in pigs: an update on bacterial types, pathogenesis, and prevention strategies. *Anim Res Rev* 6: 17-39.
- Madec F., Bridoux N., Bounaix A., Jestin A. (1998) : Measurement of digestive disorders in the piglet at weaning and related risk factors. *Prev Vet Med* 35: 53-72.
- Sundrum A., Goebel A., Bochicchio D., Bonde M., Bourgoin A., Dietze K., Dippel S., Hegelund L., Leeb T., Lindgren K., Prunier A., Wiberg S. (2010). Health status in organic pig herds in Europe. Proc. of the IVPS conference, Vancouver, British Columbia, Canada.