



Arbeitskreis Wildbiologie an der Justus-Liebig-Universität Gießen e. V.



Genetische Charakterisierung von Wildschweinpopulationen zur Unterstützung der Rückverfolgbarkeit und Abschätzung lokaler Ausbreitungstendenzen nach ASP- Ausbrüchen

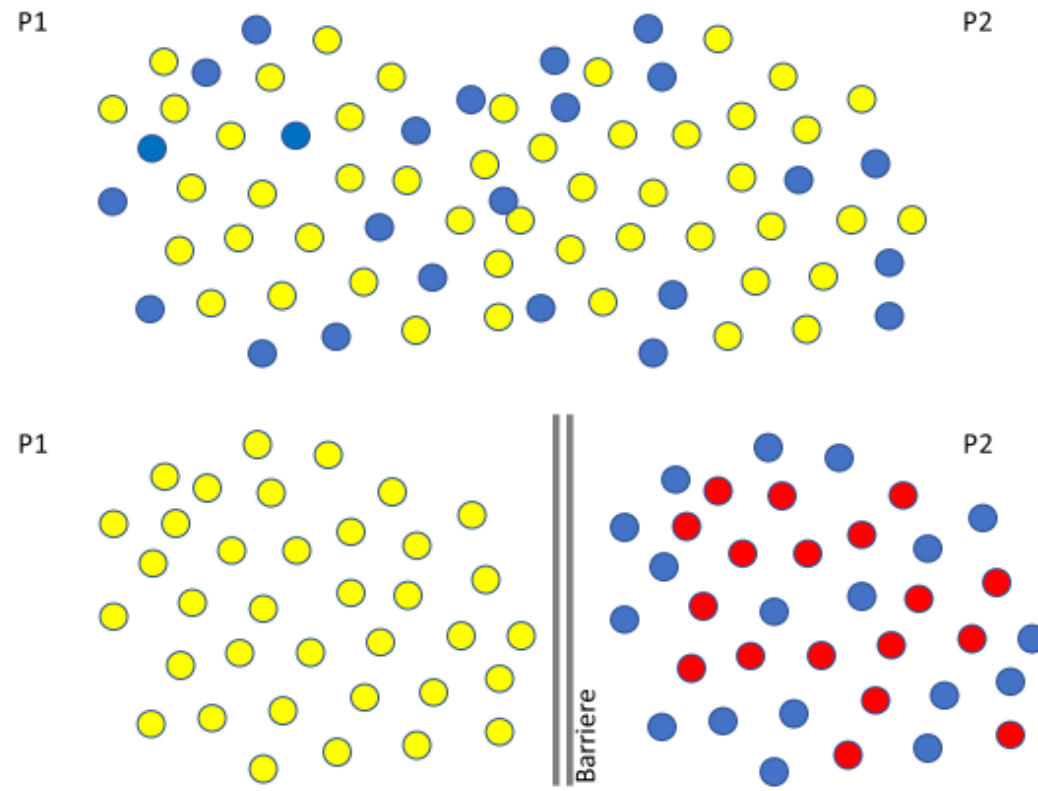
Gerald Reiner

Klinik für Schweine – Bestandsbetreuung und molekulare Diagnostik

ASP-Ausbruch beim Schwarzwild

- **Wo kommt die Seuche her? Tracing back**
 - Wo kommt das aufgefundene Tier her?
 - Hat sich die Seuche dort bereits verbreitet?
- **Wo geht die Seuche hin? Tracing forward**
 - Sind verbundene Populationen bereits betroffen?
 - Wahrscheinlichster Ausbreitungsbeginn und -richtung (Zaunbau)
 - Quantifizierung der Barrierewirkung (z.B. Autobahnen)
- **Analyse des Seuchenzugs auch ohne Variabilität des Virus**
- **Hypothese: Je stärker der Austausch zwischen zwei Populationen:**
 - Desto höher deren genetische Übereinstimmung
 - Desto höher die Chance auf Ausbreitung der ASP

Genetische Variation zwischen Populationen beschreibt deren Konnektivität



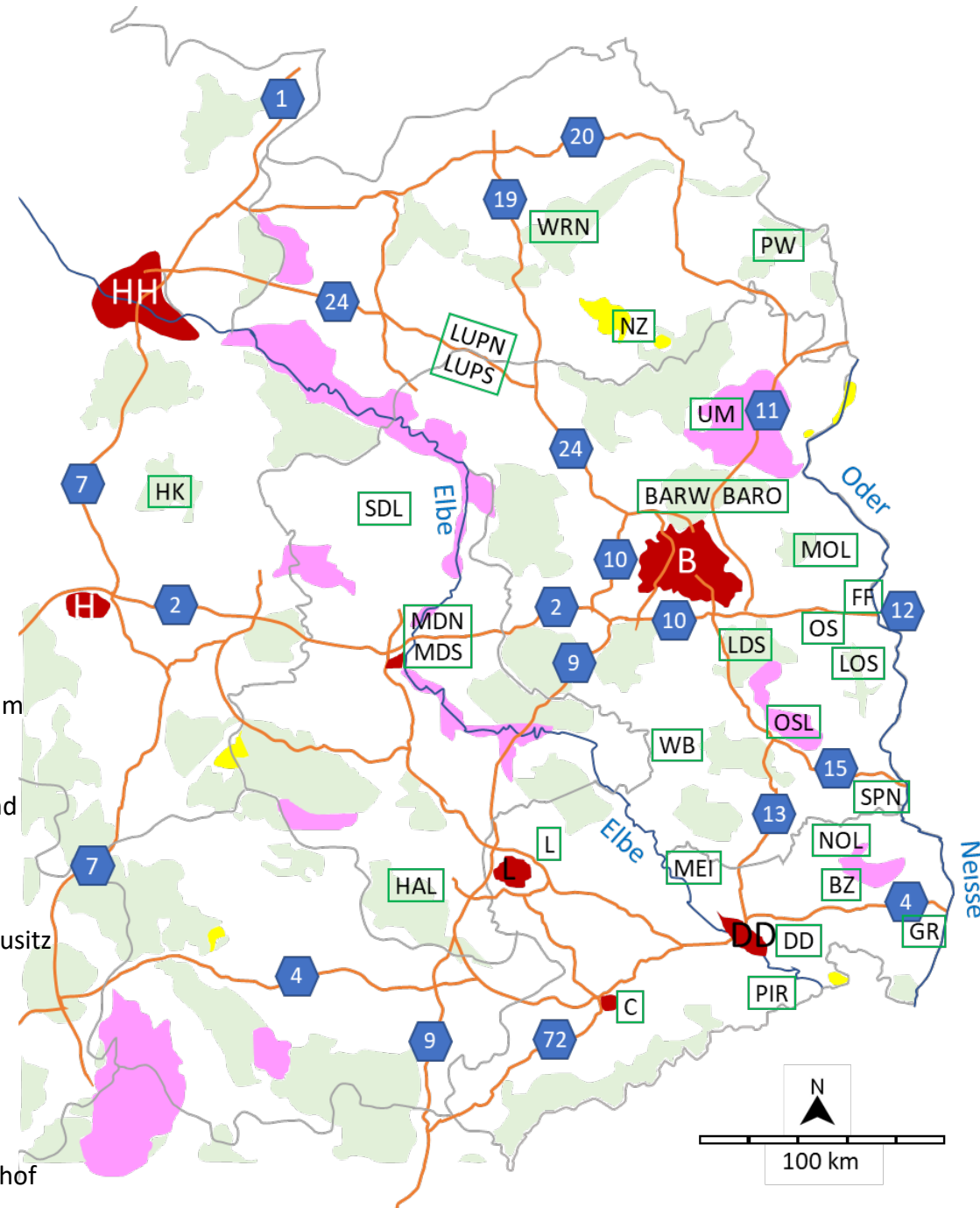


Genetic differentiation of wild boar populations in a region affected by African swine fever

Uta Simon¹ · K Gerhards¹ · S Becker¹ · H Willems¹ · V Friedrichs² · JH Forth² · S Calvelage² · S Blome² · Gerald Reiner¹

- 1262 Wildschweine
- 31 Gebiete, 10 ASP-positiv
- Mai 2020-Mai 2022
- Proben, DNA und Virusgenotypen Dr. Blome, FLI
- Genomanalyse Schwarzwild: 12 Microsatelliten-Genmarker
- Populationsgenetische Analysen
- Populationsdifferenzierung STRUCTURE, BAPS, TESS
- Quantifizierung der genetischen Differenzierung
➔ Konnektivitätsanalyse

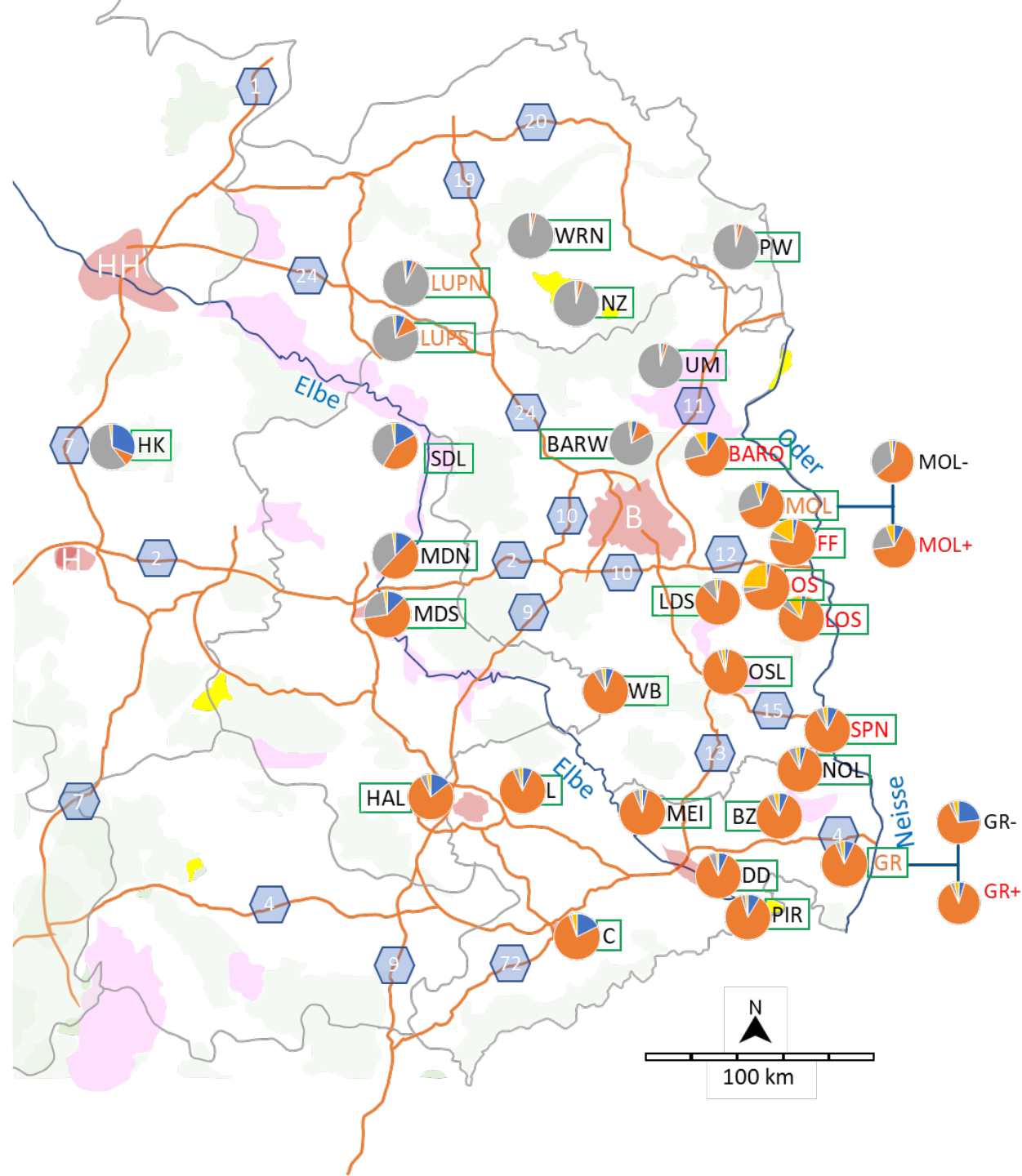
BAR Barnim
BZ Bautzen (BZ)
C Chemnitz
DD Dresden
EH Eisenhüttenstadt
FF Frankfurt/Oder
GR Görlitz
HAL Halle
HK Bergen
L Grimma, Leipzig
LDS LKR Dahme-Spree
LOS Dahme-Spreewald
LUP Ludwigslust-Parchim
MD Magdeburg
MEI Meißen
MOL Märkisch Oderland
NOL Oberlausitz
NZ Neustrelitz
OS Oder/Spree
OSL Oberspreewald/Lausitz
PIR Sächsische Schweiz
PW Jägerbrück
SDL Stendal
SPN Spree-Neiße
UM Uckermark
WB Wittenberg
WRN Waren, Hubertushof



Differenzierung der Populationen

- TESS

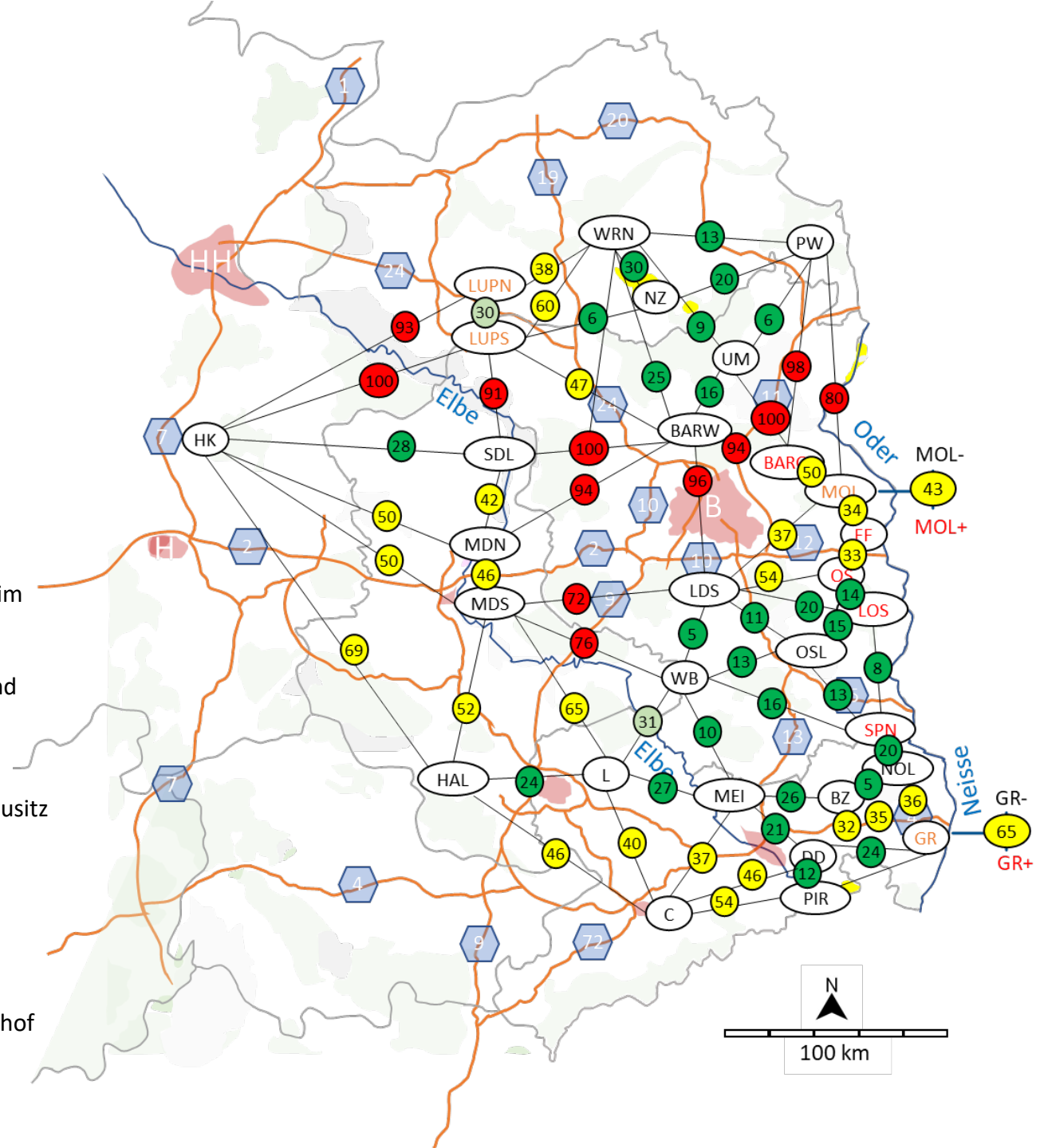
- BAR Barnim
- BZ Bautzen (BZ)
- C Chemnitz
- DD Dresden
- EH Eisenhüttenstadt
- FF Frankfurt/Oder
- GR Görlitz
- HAL Halle
- HK Bergen
- L Grimma, Leipzig
- LDS LKR Dahme-Spree
- LOS Dahme-Spreewald
- LUP Ludwigslust-Parchim
- MD Magdeburg
- MEI Meißen
- MOL Märkisch Oderland
- NOL Oberlausitz
- NZ Neustrelitz
- OS Oder/Spree
- OSL Oberspreewald/Lausitz
- PIR Sächsische Schweiz
- PW Jägerbrück
- SDL Stendal
- SPN Spree-Neiße
- UM Uckermark
- WB Wittenberg
- WRN Waren, Hubertushof



Quantifizierung der Konnektivität

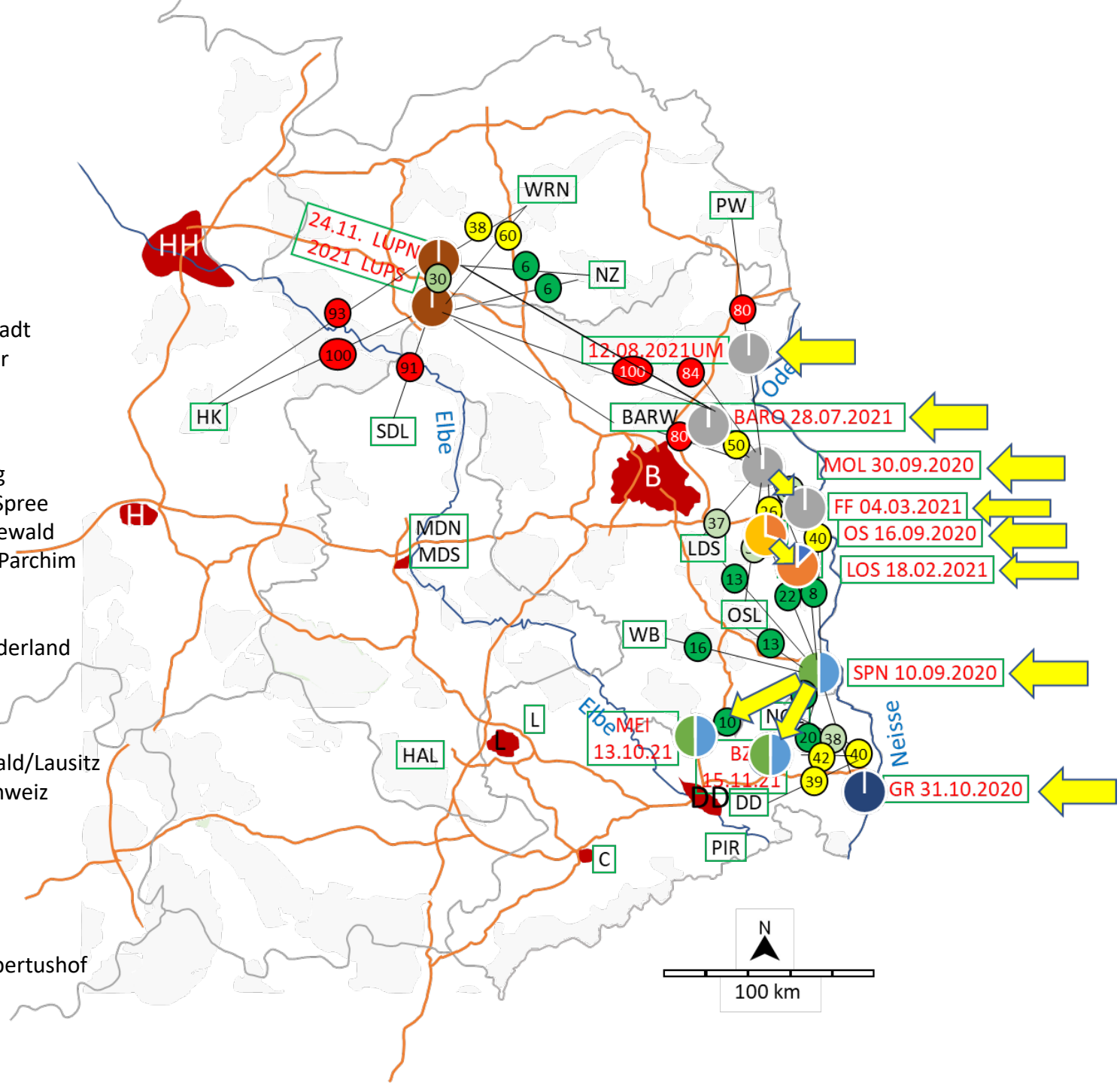
- Zusammenfassung
 - STRUCTURE
 - BAPS
 - TESS

BAR Barnim
BZ Bautzen (BZ)
C Chemnitz
DD Dresden
EH Eisenhüttenstadt
FF Frankfurt/Oder
GR Görlitz
HAL Halle
HK Bergen
L Grimma, Leipzig
LDS LKR Dahme-Spree
LOS Dahme-Spreewald
LUP Ludwigslust-Parchim
MD Magdeburg
MEI Meißen
MOL Märkisch Oderland
NOL Oberlausitz
NZ Neustrelitz
OS Oder/Spree
OSL Oberspreewald/Lausitz
PIR Sächsische Schweiz
PW Jägerbrück
SDL Stendal
SPN Spree-Neiße
UM Uckermark
WB Wittenberg
WRN Waren, Hubertushof

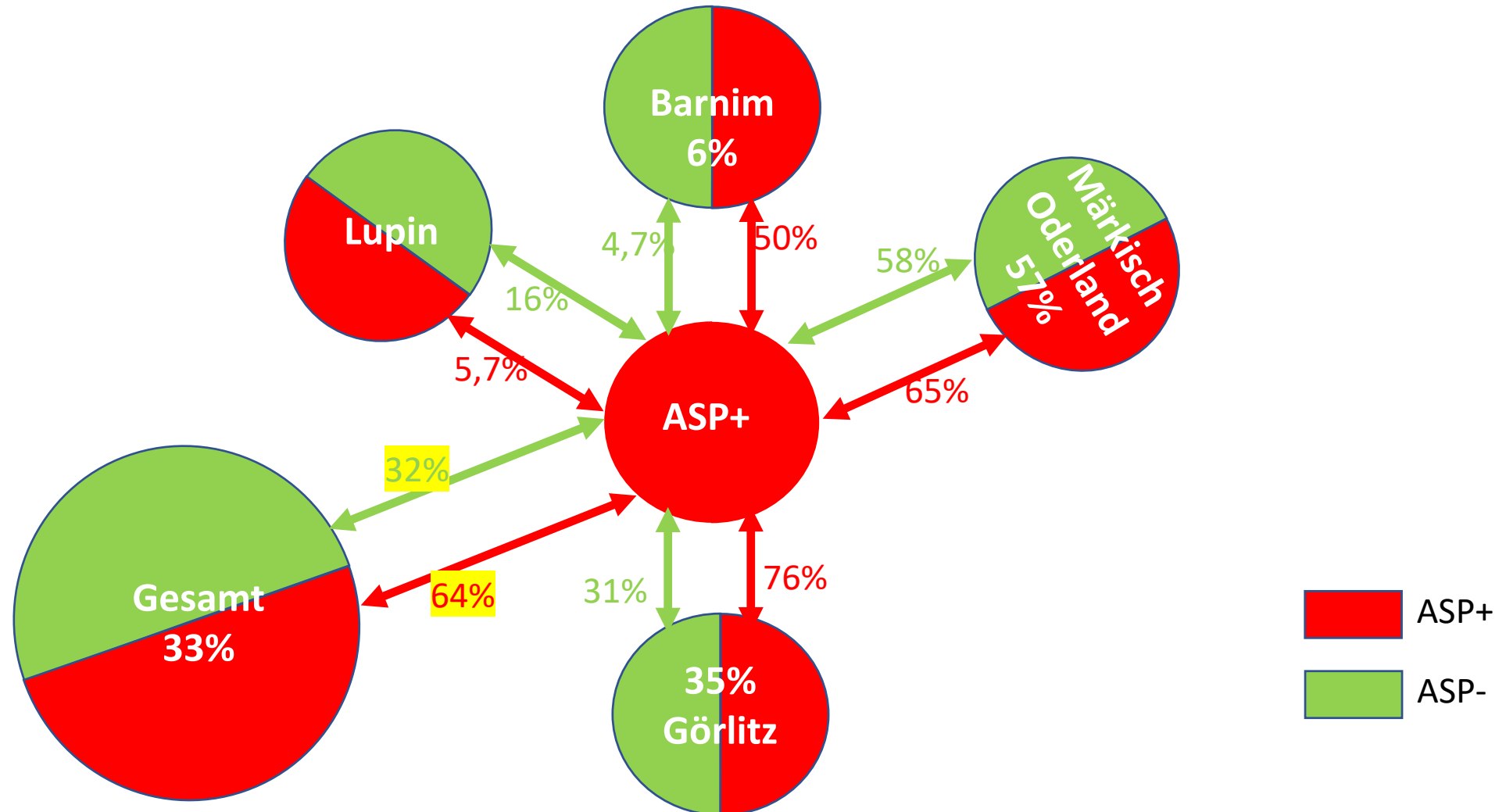


Analyse des Seuchenzugs

- BAR Barnim
- BZ Bautzen (BZ)
- C Chemnitz
- DD Dresden
- EH Eisenhüttenstadt
- FF Frankfurt/Oder
- GR Görlitz
- HAL Halle
- HK Bergen
- L Grimma, Leipzig
- LDS LKR Dahme-Spree
- LOS Dahme-Spreewald
- LUP Ludwigslust-Parchim
- MD Magdeburg
- MEI Meißen
- MOL Märkisch Oderland
- NOL Oberlausitz
- NZ Neustrelitz
- OS Oder/Spree
- OSL Oberspreewald/Lausitz
- PIR Sächsische Schweiz
- PW Jägerbrück
- SDL Stendal
- SPN Spree-Neiße
- UM Uckermark
- WB Wittenberg
- WRN Waren, Hubertushof



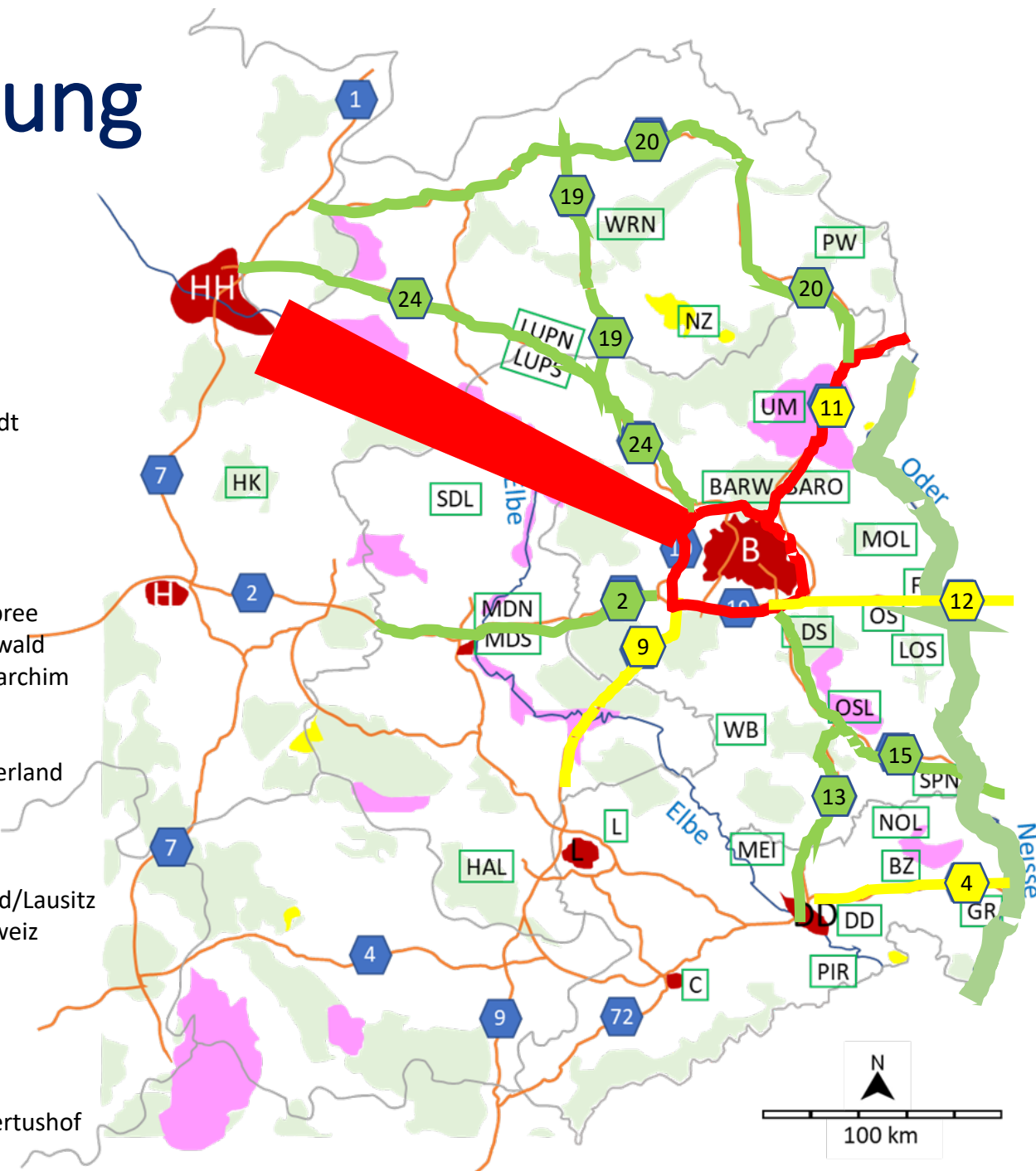
Genetische Übereinstimmung zwischen ASP-negativen und ASP-positiven Wildschweinen



Genetische Differenzierung durch zB Autobahnen

- A11 → 70,3 % ($P=3,2 \times 10^{-7}$)
- Elbetal → 66,8 % ($P=8,0 \times 10^{-5}$)
- A12 → 43,2 % ($P<0,05$)
- A4 → 24,0 % ($P<0,05$)
- A9 → 25,0 % ($P=0,05$)
- A2 → << 5% (n.s.)
- A13 → << 5% (n.s.)
- A15 → << 5% (n.s.)
- A19 → << 5% (n.s.)
- A20 → << 5% (n.s.)
- A24 → << 5% (n.s.)
- ODER/NEISSE 0

BAR Barnim
 BZ Bautzen (BZ)
 C Chemnitz
 DD Dresden
 EH Eisenhüttenstadt
 FF Frankfurt/Oder
 GR Görlitz
 HAL Halle
 HK Bergen
 L Grimma, Leipzig
 LDS LKR Dahme-Spree
 LOS Dahme-Spreewald
 LUP Ludwigslust-Parchim
 MD Magdeburg
 MEI Meißen
 MOL Märkisch Oderland
 NOL Oberlausitz
 NZ Neustrelitz
 OS Oder/Spree
 OSL Oberspreewald/Lausitz
 PIR Sächsische Schweiz
 PW Jägerbrück
 SDL Stendal
 SPN Spree-Neiße
 UM Uckermark
 WB Wittenberg
 WRN Waren, Hubertushof



Schlussfolgerungen

- **Landesweite Charakterisierung möglich**
 - Erhebliche Barrieren: Elbetal, Berlin, A11
 - Deutliche Barrieren: A12, A4, A9
 - Absolute Konnektivität: Elbetal längs, MVP, Südosten (A12-A4)
 - Ständiger Neueintrag aus Polen (ASP+ ähnlicher zu ASP+ als zu ASP-)
 - LUPIN: Eintrag durch Menschen (keine genet. Übereinstimmung + andere Virusvariante)
- **Ausbreitungsprognose**
 - Gebiete hoher genetischer Identität: Hohes Ausbreitungsrisiko
 - Genetisch differenzierte Gebiete (Barriere) = weniger Austausch, geringeres Ausbreitungsrisiko
 - Bislang wurde keine identifizierte Barriere von ASP überschritten
- **Virusgenotypen**
 - Goldstandard zur Validierung der Ausbreitungsprognose
 - Ausbreitungsprognose auch anwendbar ohne Virusgenotypen (falls isolierter Eintrag, z.B. HE, RLP, BW)
- **Ausbreitungsrisiko zwischen Regionen ~ ihrer genetischen Übereinstimmung**

Ausblick

- Möglichkeit für andere Bundesländer
 - Prognostische Karten der Wildschweinkonnektivität
 - Genetische Wildschweinedatenbank

➔ Tracing forward, tracing back

➔ Unterstützung der Bekämpfung (Zaun, Zone)

- Praxiseinsatz:

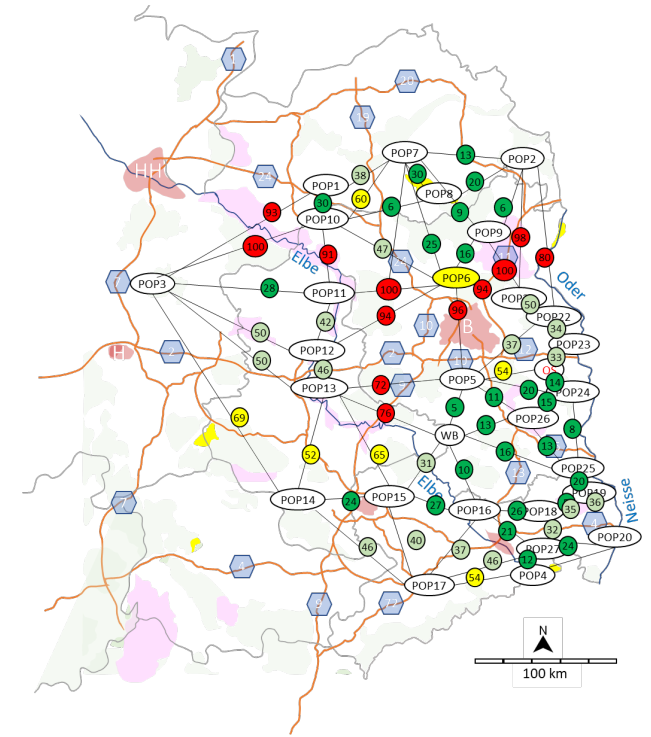
- Höhere Beprobungsdichte
- Höhere Markerdichte (SNPs)
- Probenmaterial Fallwild!



GAT CTT GAA CTA



Pop1: GAT CTT GCC CTA
 Pop2: GAA CTT GCC CTA
 Pop3: GAT GTT GCC CTA
 Pop4: GAT CCT GCC CTA
 Pop5: CAT CTT GCC CTA
 Pop6: GAT CTT GAA CTA
 Popn: GAT CTT GCC CTT



Danksagung



- Frau Dr. Sandra Blome, FLI
- Uta Simon, Hermann Willems, Katharina Gerhards, Sabrina Becker, Schweineklinik
- Dr. Friedrichs, Dr. Forth, Dr. Calvelage, FLI
- Veterinäruntersuchungsämter, Bundeswehr

Danke für Ihre Aufmerksamkeit

