

lischen Kollegen und verschiedenen wissenschaftlichen Institutionen in Deutschland mit dem Ziel, den Zusammenhang zwischen der JTK und den neu entdeckten Viren auch in Deutschland unter die Lupe zu nehmen (siehe „Die Brieftaube“ Nr. 4, 2019). Dabei konnten wir nachweisen, dass Rotaviren bei Tauben in Deutschland (und auch in unseren Nachbarländern) schon seit Langem weit verbreitet sind. Bei der Untersuchung von archiviertem Probenmaterial konnten wir das RVA sogar in Proben aus dem Jahr 2000 nachweisen. Eine genauere genetische Untersuchung der bei Tauben gefundenen Virusstämme zeigte, dass diese alle sehr eng miteinander verwandt sind und innerhalb des RVA-Genotyps G18P[17] eine eigene, offenbar an die Taube angepasste Gruppe bilden. Innerhalb dieses „Taubentyps“ des RVA konnten wir jedoch verschiedene Linien unterscheiden, von denen die meisten irgendwann plötzlich auftraten, für einige Jahre nachweisbar blieben und dann von neu auftretenden Stämmen abgelöst wurden. Die letzte größere Welle neuer Tauben-RVA-Stämme traf Europa im Jahr 2017 und diese Stämme wiesen in Teilen ihres Erbguts große Ähnlichkeit mit dem RVA-Stamm auf, der in Australien die dramatischen Ausbrüche mit Todesraten von bis zu 50 % zu verantworten hatte. Be-

zeichnenderweise beobachten wir seit 2017 auch in Europa vermehrt schwere Verläufe der JTK.

Noch wichtiger als die genetische Untersuchung der RVA-Stämme war für uns jedoch der Vergleich der Untersuchungsergebnisse von Proben kranker und gesunder Tauben. Dabei zeigte sich, dass ein klarer Zusammenhang zwischen dem Auftreten der Symptome der JTK und der RVA-Infektion besteht: Je ähnlicher der Verlauf und die Anzeichen einer beobachteten Erkrankung denen der JTK waren, desto häufiger konnten wir in diesen Fällen auch das RVA nachweisen. In für die JTK absolut typischen Verläufen waren große RVA-Mengen in mehr als 90 % der Fälle nachweisbar, während bei gesunden Tauben oder bei anderen Krankheitsbildern, wie z. B. Atemwegserkrankungen, Salmonellosen oder Paramyxovirosen, nur in Ausnahmefällen größere RVA-Mengen gefunden werden konnten. Den zeitlichen Zusammenhang zwischen JTK und RVA-Infektion konnten wir auch in zwei Feldstudien in den Jahren 2018 und 2019 bestätigen. In den beiden Studien haben jeweils 25 Züchter von Frühjahr bis Herbst regelmäßig Kotproben von ihren Jungtauben für die RVA-Untersuchung gesammelt und uns den Gesundheitszustand ihrer Tauben mitgeteilt. Die RVA-Infektion und die

JTK traten dabei fast immer gleichzeitig auf.

Diese Beobachtungen lieferten bereits deutliche Hinweise darauf, dass es sich bei dem Taubentyp des RVA um den lange gesuchten Erreger der JTK handeln könnte. Als Beweis reichten sie alleine jedoch nicht aus, denn dafür war zusätzlich die Auslösung der Krankheit unter kontrollierten Bedingungen in einem Infektionsversuch notwendig. Ein solcher Versuch wurde inzwischen am FLI durchgeführt und die Ergebnisse sollen hier beschrieben werden.

Aufbau des Infektionsversuchs

Der Versuch wurde mit 20 gesunden jungen Brieftauben durchgeführt, die von einem Schlag mit regelmäßiger veterinärmedizinischer Betreuung stammten. Die Tauben waren frei von Salmonellen, Kokzidien, Würmern, dem Taubencircovirus 1 (PiCV-1), Adenoviren und natürlich auch dem RVA. Nach einer Eingewöhnungszeit von vier Wochen wurden die inzwischen drei Monate alten Tiere in drei Gruppen aufgeteilt und getrennt voneinander in isolierten Räumen untergebracht. Die Gruppen B und C mit jeweils acht Tieren erhielten zu Versuchsbeginn eine hohe Dosis von im Labor vermehrtem Virus direkt in den Kropf injiziert. Die vier Tiere der Gruppe A

Gruppe	Tauben	RVA-Isolat	Erklärung
A	4	-	uninfizierte Kontrollgruppe
B	8	DR-5	„alte“ RVA-Linie (2015a), leichter JTK-Ausbruch
C	8	DR-7	„neue“ RVA-Linie (2017a), schwerer JTK-Ausbruch (15% Tote)

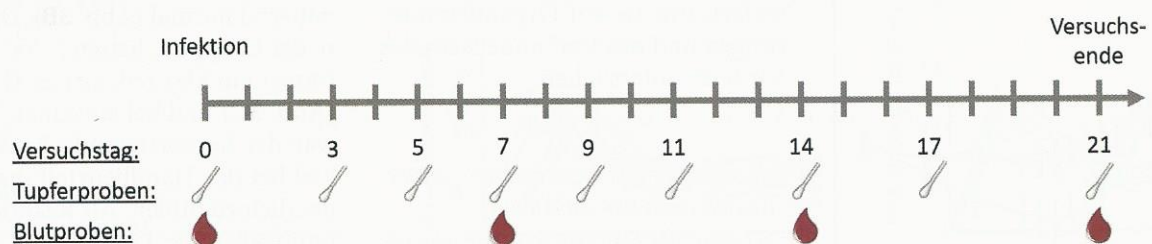


Abbildung 1. Versuchsaufbau.

20 Jungtauben wurden in drei Gruppen aufgeteilt. Die Gruppen B und C wurden mit zwei verschiedenen RVA-Stämmen aus unterschiedlich schweren JTK-Ausbrüchen direkt in den Kropf infiziert. Gruppe A wurde nicht infiziert. Die Tauben wurden täglich auf Krankheitsanzeichen untersucht und die Futteraufnahme gemessen. In regelmäßigen Abständen wurden Proben zur Untersuchung auf Rotaviren genommen. Nach 21 Tagen wurde der Versuch beendet.