

Ist das Alter ein Risikofaktor für eine Infektion mit dem Bovinen Herpesvirus Typ-1 (BoHV-1)?

Jonas Brock^{1,2}, Martin Lange¹, Maria Guelbenzu², Jamie Tratalos³, David Graham², Simon More³, Hans-Hermann Thulke¹

¹Helmholtz Centre for Environmental Research, Deutschland; ²Animal Health Ireland, Carrick-on-Shannon, Co., Leitrim, Ireland; ³Centre for Veterinary Epidemiology and Risk Analysis, UCD School of Veterinary Medicine, University College Dublin; jonas.brock@ufz.de

Das Alter ist ein Risikofaktor für eine Infektion mit dem Bovinen Herpesvirus Typ-1. Diese Aussage findet man in zahlreichen Studien zur Übertragungsdynamik des hoch kontagiösen Rindervirus (z.B. Boelaert et al., 2005; Hage et al., 2003; O'Grady et al., 2011; van Schaik et al., 1998; Woodbine et al., 2009). Bisher wurde allerdings nie untersucht, ob dieses Muster eine echte epidemiologische Kausalität widerspiegelt, oder auf ein begrenztes Studiendesign zurückzuführen ist.

In diesem Vortrag widmen wir uns dieser Forschungslücke und stellen Ergebnisse einer retrospektiven Datenanalyse vor. Bei einer Gesamtbetrachtung der uns zur Verfügung stehenden Seroprävalenzdaten zeigte sich tatsächlich ein altersabhängiger Trend. Ältere Tiere neigten im Schnitt häufiger dazu, den Infektionsmarker in sich zu tragen. Die genauere Analyse des diagnostischen Profils jeder einzelnen Herde führte jedoch auf ein widersprechendes Bild.

Die untersuchten Serologiedaten aus der irischen Surveillance zeigen, dass BoHV-1-Ausbrüche in geschlossenen Rinderherden zeitlich beschränkte Episoden darstellen. Dabei werden alle auf dem Bestand gestandenen Rinder, altersunabhängig, erfasst, d.h. nahe 100%ige Serokonversion in allen Altersklassen. Weiterhin sind Herden erkennbar, deren Seroprävalenzprofile zwischen genau zwei benachbarten Alterskohorten einen steilen Sprung aufweisen, also von marginaler zu nahezu vollständiger Durchseuchung. Mit Hilfe eines individuen-basierten Modells zeigen wir, wie sich der starke Anstieg mit der Zeit durch die Alterskohorten bewegt, nachdem die aktive Viruszirkulation im Bestand zum Erliegen gekommen ist. Damit wird deutlich, dass Seroprävalenzprofile mit einem sprunghaften Anstieg sowohl über den aktuellen epidemiologischen Status eines Bestandes informieren als auch über die Zeit seit dem Ende des letzten Ausbruchs. Bei der oben besprochenen Aggregation gehen beide Kennzahlen verloren und stattdessen wird fälschlicherweise ein kontinuierlicher Alterstrend gezeigt.

Das in der Literatur häufig erwähnte altersabhängige Risikoniveau einer BoHV-1 Infektion wird durch unsere Studie nicht gestützt und ist sehr wahrscheinlich ein Artefakt ungünstiger Datenauswertung. Wir zeigen wie serologische Herdenprofile zu IBR effektiver genutzt werden können, um den Durchseuchungsgrad einer Population zu erfassen.