

FKZ: 2813ERA074 (IUEPPR)

Summary

Under rapid detection of PPR in the field for early warning and prevention of outbreak objective, we have compared the sensitivity of published PPRV RT-PCR assays. Further, we have standardised the protocol for the next-generation sequencing of PPR virus, initial sequencing strategy has allowed for several PPRV genomes to be sequenced. Work was performed in an effort to develop cost-effective approach to sequence the whole genome of the PPRV with robust, simple, reliable methodology to obtain full genome sequences from original clinical material and cultured samples. In addition to full genome analysis, by carrying out partial N gene analysis of PPR viruses in different parts of world we have demonstrated the relationship of among viruses and the transboundary movements. To study the pathogenesis and transmission of PPR in sheep and goats, cattle and pigs, animal trials indicate that PPRV/Kurdistan/2011 is highly virulent and contagious particularly for European goat breeds, while the virulence and susceptibility is obviously lower for sheep. The study results indicate that cattle are dead-end hosts for PPRV as assumed previously. In addition, we could demonstrate that pigs of European breed may excrete PPRV that is infectious for goats and pigs. Accordingly, pigs are possible maintenance or spill over hosts for PPRV and might play an important role in the epidemiology of PPRV.

Zusammenfassung

Unter dem schnellen Nachweis von PPRV zur Frühwarnung und Verhinderung des Ausbruchsziele haben wir die Empfindlichkeit veröffentlichter PPRV-RT-PCR-Assays analysiert und verglichen. Darüber hinaus wurde das Protokoll für die Sequenzierung des PPRV mittels Next-generation sequencing (NGS) standardisiert und für PPRV optimiert. Die optimierte Sequenzierungsstrategie ermöglichte die Sequenzierung mehrerer vollständiger PPRV-Genome. Es wurde zudem daran gearbeitet, einen kostengünstigen weiter verbesserten Ansatz zur Sequenzierung des gesamten Genoms des PPRV mit einer robusten, einfachen und zuverlässigen Methode zu entwickeln, um weitere vollständige Genomsequenzen, aus klinischem Material wie auch kultivierten Proben, zu erhalten. Zusätzlich zur vollständigen Genomanalyse haben wir durch die Durchführung einer partiellen N-Genanalyse von PPRV in verschiedenen Teilen der Welt die Beziehung verschiedener Virusstämme in Abhängigkeit der grenzüberschreitenden Tierbewegungen gezeigt. Um die Pathogenese und Übertragung von PPR bei Schafen und Ziegen, aber auch Rindern und Schweinen zu untersuchen, wurden gezielt Tierversuche durchgeführt, die gezeigt haben, dass PPRV / Kurdistan / 2011 insbesondere für europäische Ziegenrassen hochvirulent und ansteckend ist, während die Virulenz und Anfälligkeit für Schafe offensichtlich geringer sind. Die Studienergebnisse belegten außerdem, dass Rinder Sackgassenwirte für PPRV sind, wie bereits zuvor vermutet. Darüber hinaus konnten wir aber auch zeigen, dass Schweine europäischer Rassen infektiöses PPRV ausscheiden und im Kontaktversuch auch wieder Ziegen und Schweine infizieren können. Dementsprechend können auch Schweine das Virus vermehren bzw. weitergeben und damit eine Rolle bei der Epidemiologie von PPRV spielen.