Hämorrhagische Krankheit

Engl.: *Rabbit hemorrhagic disease* (RHD), *rabbit viral haemorragic disease* (RVHD)

Das RHD-Virus ist ein Calicivirus (*Caliciviridae*) der Gattung *Lagovirus*, welches bei Europäischen Kaninchen (*O. cuniculus*) die Hämorrhagische Kaninchenkrankheit (RHD) auslöst. Die Krankheit wurde erstmals 1984 in China beschrieben und gilt heute in mehreren Ländern als endemisch.[1)]

AGES[2)]



Impfempfehlungen für Kleintiere der StIKo Vet des Friedrich-Loeffler-Instituts (FLI)

Auswirkungen auf Wildkaninchen-Populationen

Queney *et al*., 2000[3)] untersuchten genetische Auswirkungen eines RHD-Ausbruchs im Jahr 1995 und des damit verbundenen Rückgangs der Populationsgröße einer Wildkaninchen-Population, die sich nahe Paris (Frankreich) angesiedelt hatte. Die Population war seit Anfang der 1980er-Jahre durch regelmäßige Schätzungen der Populationsgröße und DNA-Analysen (1982, 1994 und 1996) intensiv überwacht worden.
Analysiert wurden die Variation von mitochondrialer DNA, sowie von 6 Allozym- und 8 Mikrosatelliten-Loki, um folgende Aspekte zu bewerten: (1) die genetische Vielfalt, (2) Veränderungen der Allelfrequenzen und (3) die effektive Populationsgröße.

Obwohl die Seuche zu hohen Sterblichkeitsraten führte (etwa 88 % bei Alttieren und 99 % bei Jungtieren), wurde in der Folge kein Rückgang der genetischen Vielfalt festgestellt. Eine Einwanderung in das überwachte Gebiet konnte ausgeschlossen werden. Als Hauptursache für den ausbleibenden Verlust an genetischer Vielfalt wurde die Größe der verbleibenden Population (≈50 Individuen) und deren Wachstumsrate (Fortpflanzung), bzw. die nur kurze Dauer des Flaschenhalses identifiziert.
Die beobachteten zeitlichen Veränderungen der Allelfrequenzen waren am ehesten mit genetischer Drift und Stichprobenfehlern zu erklären.
Mit dem verwendeten Ansatz (Waples 1989) lag die geschätzte effektive Populationsgröße N_e nahe an der in der Bestandserhebung ermittelten Populationsgröße (361–451 gegenüber 373 für den Zeitraum 1982–1994; 52–63 gegenüber 52 für den Zeitraum 1994–1996) und unterschied sich signifikant vor und nach dem Ausbruch der Tierseuche.

Laiho, 2021[4)]

---

4 1 336

1)
Abrantes, J., van Der Loo, W., Le Pendu, J., & Esteves, P. J. (2012). Rabbit haemorrhagic disease (RHD) and rabbit haemorrhagic disease virus (RHDV): a review. Veterinary research, 43(1), 12.
2)

https://www.ages.at/mensch/krankheit/krankheitserreger-von-a-bis-z/haemorrhagische-krankheit-der-kaninchen-rhd

3)

Queney, G., Ferrand, N., Marchandeau, S., Azevedo, M., Mougel, F., Branco, M., & Monnerot, M. (2000). Absence of a genetic bottleneck in a wild rabbit (Oryctolagus cuniculus) population exposed to a severe viral epizootic. Molecular Ecology, 9(9), 1253-1264.

4)

Laiho, E. (2021). Genetic diversity of the Helsinki area rabbits before and after the 2016 rabbit haemorrhagic disease epidemic. Master's thesis, University of Helsinki, Faculty of Biological and Environmental Sciences, Finland.

From:
https://www.wikikanin.de/ - **Wikikanin**

Permanent link:
https://www.wikikanin.de/doku.php?id=krankheiten:haemorrhagische_krankheit&rev=1783027363

Last update: **2026/07/02 23:22**