

**Medienmitteilung, 19. Dezember 2018**

## **Ein Virus, das Schweizer Geschichte abbildet**

**Um die weltweit auftretende Rinderkrankheit BVD (Bovine Virusdiarrhö) in der Schweiz besser bekämpfen zu können, legten Forschende der Vetsuisse-Fakultät der Universität Bern eine Datenbank von BVD-Viren an. Dabei entdeckten sie, dass die zwei grössten Schweizer Rinderrassen von zwei unterschiedlichen Virentypen infiziert waren. Dank der Hilfe von Historikern fanden sie heraus, dass diese Verbreitung auf ein religiöses Machtgerangel im 15. Jahrhundert zurückgeht.**

«Der Blick über den Tellerrand war bei unserer Studie sehr ergiebig», sagt Ernst Peterhans, emeritierter Professor vom Institut für Virologie und Immunologie der Universität Bern. «Wir konnten zeigen, dass ein Konflikt wegen drei Päpsten die Verteilung von genetisch unterschiedlichen Viren beim Rindvieh beeinflusst hat.» Was ursprünglich als rein virologische Untersuchung begann, nahm eine überraschende Wendung und entwickelte sich zu einer Studie mit politischem und wirtschaftshistorischem Hintergrund.

Die Gruppe um Peterhans befasst sich seit über 25 Jahren mit der Bovinen Virusdiarrhö (BVD) und hat mitgeholfen, diese durch Grundlagenforschung und neue Diagnostik-Methoden zu bekämpfen. BVD ist eine Infektionskrankheit, die wegen ihrer sehr unterschiedlichen Symptome erst 1946 entdeckt und in der Schweiz 1964 erstmals nachgewiesen wurde. Sie kommt bei Rindern aller Arten weltweit vor und zählt zu den wirtschaftlich wichtigsten Infektionskrankheiten bei Nutztieren. Mit ihrer unkonventionellen Arbeit konnte die Forschenden um Peterhans zeigen, dass das Virus in der Schweiz seit mindestens 600 Jahren heimisch war.

### **Überraschung aus der Datenbank**

In der Schweiz ist die BVD heute nahezu ausgerottet, weltweit treten aber immer wieder Infektionen auf. Um die Quelle eines solchen Ausbruchs zurückzuverfolgen, gibt es die Methode der molekularen Epidemiologie: dabei können Sequenzen aus der Erbsubstanz der BVD-Viren analysiert und verglichen werden. «So lässt sich bestimmen, woher die Infektion stammt. Es handelt sich um eine Art Detektivspiel ähnlich 'Who dunnit?'», erklärt Peterhans. Um die Bekämpfung der Krankheit weiter zu verbessern, erstellten die Forschenden eine Datenbank mit den Gensequenzen von BVD-Viren, die in der Schweiz entdeckt wurden, und kombinierten diese mit detaillierten Daten der einzelnen Tiere, aus denen die Viren isoliert wurden. Diese Sammlung umfasst rund 7'500 einzelne Datensätze und ist die bisher weltweit grösste Datenbank dieser Art.

«Aus Neugier wollten wir wissen, ob zwischen dem genetischen Code der 7'500 untersuchten Viren und den Eigenschaften ihrer infizierten Wirtstiere Zusammenhänge existieren», sagt Peterhans. «Zu unserer Verblüffung fanden wir, dass zwei grosse Populationen der untersuchten Rinder mit jeweils zwei unterschiedlichen Unterarten – sogenannten Subgenotypen – von BVD-Viren infiziert waren». Eine Population bestand mehrheitlich aus Tieren der Fleckvieh-Rasse, die andere aus Tieren der Braunvieh-Rasse. Dies sind die zwei wichtigsten traditionellen Viehrassen der Schweiz. Die Fleckvieh-Rasse geht ursprünglich auf das Simmentaler-Vieh aus dem Berner Oberland zurück; Braunvieh hat seinen Ursprung in der Zentralschweiz. «Mit unseren Befund konnten wir erstmals eine Verbindung genetisch verschiedener BVD-Viren mit unterschiedlichen Viehrassen zeigen», sagt Peterhans.

### **Virus enthüllt Spuren von 600 Jahren Schweizer Geschichte**

Als die Forschenden die geografische Verbreitung der zwei Viehrassen in der Schweiz betrachteten, entwickelte sich ihre Forschung in eine neue Richtung. Die sogenannte «Brünig-Napf-Reuss-Linie» trennt die Schweiz in zwei volkskundlich unterschiedliche Teile. Der westliche Teil gehörte um das Jahr 900 zum Königreich Burgund, der östliche zum Herzogtum Schwaben. Braunvieh stammt aus der Innerschweiz im östlichen Teil, Fleckvieh aus dem Berner Oberland im westlichen Teil. Die heutige geographische Verbreitung der beiden Rassen geht auf historische Ereignisse zurück, die sich während einer grösseren Expansion der Alten Eidgenossenschaft im 15. und 16. Jahrhundert abspielten. Diese Verbreitung der beiden Rinderrassen entspricht weitestgehend der Verbreitung der jeweils zwei mit diesen Viehrassen assoziierten Subgenotypen des BVD-Virus.

«Interessant war diese Verteilung deshalb, weil wir damit erstmals einen Anhaltspunkt dafür hatten, dass die Verteilung der genetisch unterschiedlichen BVD-Viren indirekt durch historische Ereignisse bestimmt sein könnte», erklärt Peterhans. Indirekt deshalb, weil Menschen zwar die Verteilung von Haustieren unterschiedlicher Rassen bestimmen, aber kaum die Verteilung deren genetisch unterschiedlichen Viren.

### **Entwicklung einer «zweigeteilten» Viehzucht**

Durch die Zusammenarbeit mit einem auf Wirtschaftsgeschichte spezialisierten Historiker zeigte sich, dass zur Zeit des Königreichs Burgund und des Herzogtums Schwaben die Viehzucht auf die Alpen konzentriert war und die Ausdehnung auf die tieferliegenden Gebiete der Schweiz auf ein späteres historisches Ereignis zurückgeführt werden kann: Beim Konzil von Konstanz (1414-1418) versuchte der Deutsche König Sigismund den Konflikt zu lösen, der durch drei Päpste entstand, die gleichzeitig die Kirche führen wollten. Dabei kam es zwischen dem König und dem Österreichisch-Habsburgischen Herzog Friedrich IV zum Streit, weil der Herzog sich mit einem der drei Päpste verbündete – gegen den ausdrücklichen Willen des Königs. Der König bestrafte den Herzog, indem er die Eidgenossen aufforderte, dessen Stammland im Aargau zu besetzen. Dabei eroberten die Berner 1415 grosse Teile des Aargaus entlang der Aare und westlich der Reuss, die anderen Eidgenossen marschierten in die Gebiete östlich der Reuss ein. Durch diese und darauf folgende Eroberungen entstanden zwei grosse Gebiete, in welchen sich die Fleckvieh- und Braunviehrassen unabhängig voneinander ausbreiteten, und diese Verteilung blieb über Jahrhunderte bestehen. «Und so bewahrten sie jeweils auch 'ihren' BVD-Virentypus», sagt Peterhans.

Die Forschenden konnten so einerseits mit der Datenbank das ursprüngliche Ziel erreichen, BVD effizienter zu bekämpfen. Zudem erhielten sie neue Einsichten in das Verhalten der Viren in einer grossen Tierpopulation über einen sehr langen Zeitraum.

So kamen in der Studie, die im Journal PLOS One publiziert wurde, ganz unterschiedliche Gebiete zusammen: molekulare Virologie, Interaktion zwischen Viren und ihren Wirten, Immunologie, Epidemiologie, Viehzucht und insbesondere Geschichte. Mit dieser Arbeit ist für Peterhans klar: «Wissenschaft lässt sich oft nicht im Detail planen – ein scheinbar klar definiertes Projekt kann zu überraschenden Resultaten führen.»

**Angaben zur Publikation:**

Hanspeter Stalder, Claudia Bachofen, Matthias Schweizer, Reto Zanoni, Dominik Sauerländer, Ernst Peterhans: *Traces of History Conserved over 600 Years in the Geographic Distribution of Genetic Variants of an RNA Virus: Bovine Viral Diarrhea Virus in Switzerland*. PLOS ONE, 5. Dezember 2018, <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0207604>

**Kontaktperson:**

Prof. Dr. Ernst Peterhans  
Institut für Virologie und Immunologie der Universität Bern  
Tel. +41 79 678 88 30  
[ernst.peterhans@vetsuisse.unibe.ch](mailto:ernst.peterhans@vetsuisse.unibe.ch)