

Identifikácia a analýza významných a menej známych vírusov na farmách ošípaných a u diviakov na Slovensku

*Vilček, Š., Jacková A., Slíž I., Vlasáková M., Mandelík R., Molnár L.
Univerzita veterinárskej medicíny a farmácie v Košiciach*

Napriek tomu, že na oficiálnej web stránke ŠVPS SR nie sú v ostatných rokoch evidované vírusové nákazy svíň, Slovensko je pripravené zachytiť KMO, AMO, Aujeszkeho chorobu, PRRS, PED analýzou vzoriek v referenčných laboratóriách na VÚ vo Zvolene. Naše pracovisko je orientované na výskum v oblasti genetickej identifikácie a analýzy niektorých známych a menej známych vírusov u ošípaných a diviakov na Slovensku. V rámci tohto výskumu boli identifikované početné zvieratá infikované vírusmi. Našou úlohou bolo zistiť vzťah vírusových izolátov zo Slovenska k izolátom identifikovaným v iných regiónoch Európy a sveta.

Virus porcinného reprodukčného a respiračného syndrómu (PRRSV) spôsobuje značné ekonomické straty v chovoch ošípaných. Genetická analýza PRRSV izolátov detegovaných na viacerých farmách ošípaných ukázala že na nich cirkulujú izoláty špecifické pre danú farmu. Všetky izoláty boli geneticky typizované ako PRRSV typ 1 (PRRSV-1), podobne ako väčšina izolátov zo západnej Európy. Jeden izolát pochádzajúci z farmy na južnom Slovensku bol typizovaný ako PRRSV-2. Takéto izoláty typicky cirkulujú v oblasti Severnej Ameriky a sú tiež využívané pri príprave niektorých PRRSV vakcín. V Európe sa vyskytujú sporadicky. Izolát zistený na Slovensku bol odlišný od vakcinačných kmeňov. Na druhej strane bol tento izolát veľmi podobný izolátu, ktorý bol detegovaný v Maďarsku, ale smer prenosu infekcie nebolo možné presne určiť. Najzaujímavejší bol objav dvoch identických izolátov z jednej farmy na južnom Slovensku, ktoré vykazovali atypickú dĺžku ORF7 oblasti vírusového genómu. Keďže typická dĺžka ORF7 proteínu pre západoeurópske PRRSV-1 izoláty je 128 aminokyselín, tieto dva slovenské izoláty predstavujú najdlhší ORF7 zložený zo 132 aminokyselín, ktorý bol doteraz detegovaný u PRRSV-1 izolátov nie len v Európe, ale aj na svete. Prekvapujúce je zistenie, že u infikovaných ošípaných neboli pozorované žiadne atypické klinické príznaky.

Detekcia PRRSV u diviakov je doteraz pomerne zriedkavo popísaná vo vedeckej literatúre. Analýza 129 lymfatických uzlín diviakov odstrelených na východnom Slovensku potvrdila infekciu dvoch zvierat s PRRSV-1. Pôvod infekcie nebolo zistené, ale významné je zistenie, že izoláty neboli totožné s izolátmi zistenými u domácich ošípaných. Genetická analýza potvrdila ich blízky vzťah k vakcinačnému kmeňu Porcilis, ktorý sa využíva na vakcináciu proti PRRS na našom území.

Ďalším významným vírusom infikujúcim ošípané je *porcinný cirkovírus typ 2 (PCV2)*, ktorý spôsobuje podstavový syndróm chradnutia prasiat (PMWS). Naše štúdie naznačili, že až u 64,2% vzoriek odobratých zo zvierat z 28 fariem ošípaných s pozorovanými klinickými príznakmi PMWS bol identifikovaný PCV2. Prekvapujúce je pozorovanie, že vakcinácia proti PMWS spôsobila nie len výraznú elimináciu PCV2 v chovoch, ale zároveň viedla k signifikantnému zníženiu vírusových ko-infekcií (PRRSV a iných vírusov). Tento fenomén sa dá vysvetliť posilnením imunity u vakcinovaných zvierat.

U diviakov z rôznych oblastí Slovenska bolo zistené 43,8% infikovaných jedincov, všetky bez zjavných klinických príznakov. Genetická analýza vírusových izolátov potvrdila, že vírusy z domácich ošípaných a diviakov sú veľmi podobné. Typizácia izolátov na genetickej úrovni potvrdila, že patria do fylogenetických skupín PCV2a a PCV2b, podobne ako izoláty cirkulujúce v západnej Európe.

Ďalšie štúdie boli zamerané na *vírus hepatitídy E* (HEV). Hoci HEV bol často potvrdený u ošípaných, klinické príznaky u infikovaných zvierat neboli pozorované. Predbežné genetické štúdie naznačili, že izoláty patria do genotypu 3 (HEV3), t.j. genotypu, ktorý bol zistený aj u ľudských pacientov v Európe. HEV izoláty zo Slovenska vytvorili osobitnú fylogenetickú vetvu odlišnú od izolátov z ostatných štátov Európy. Naše ďalšie úsilie bude orientované na skúmanie zoonotického potenciálu HEV.

Nový *porcinný parvovírus typ 3* (PPV3, hokovírus) bol identifikovaný zo 194 analyzovaných jedincov u 19,1 % diviakov. Zaujímavé je, že vírusové izoláty zo Slovenska boli zoskupené do odlišnej fylogenetickej skupiny ako izoláty zo susedných európskych štátov a štátov západnej Európy. Infikované zvieratá nevykazovali žiadne špecifické klinické príznaky. Aká je úloha vírusu u infikovaných diviakov doteraz nie je známe.

Naše predbežné analýzy klinických vzoriek ošípaných s využitím moderných molekulovo-genetických testov nepotvrdili výskyt *PEDV* a *TGEV* na farmách ošípaných na východnom Slovensku.

Prezentované výsledky boli získané v rámci riešenia projektov: International Visegrad Fund (<http://visegradfund.org/home/>) ID: 21510133, VEGA grant č. 1/0342/14, Centrum excelentnosti INFEKTZOON (ITMS: 26220120002) a MediPark Košice (ITMS: 26220220185).

