

MAGYARORSZÁGI RANAVÍRUS IZOLÁTUMOK GENETIKAI DIVERZTÁSÁNAK VIZSGÁTA

Farkas Szilvia¹, Doszpoly Andor¹, Borzák Réka¹, Bányai Krisztián¹, Juhász Tamás²

¹MTA, Agrártudományi Kutatóközpont, Állatorvos-tudományi Intézet, Budapest

²Nemzeti Élelmiszer-biztonsági Hivatal, Állategészségügyi Diagnosztikai Igazgatóság, Budapest

Kivonat

Az *Iridoviridae* családon belül a *Ranavirus* nemzetség jelenleg ismert tagjai alacsonyabb rendű gerincesek, halak, hüllők és kétéltűek kiemelkedő fontosságú, gyakran akut, szisztémás megbetegedést és tömeges elhullást okozó vírusai közé tartoznak. Törpeharcsákban (*Ameiurus nebulosus*) a betegség gyakran igen súlyos formában jelentkezik, kórbonctani/kórszövettani vizsgálattal a vesékben és a lépben elhalások, a kopolyútkban, a bőrben valamint a belső szervekben vérzések figyelhetők meg.

Ranavirus fertőzöttséget már több alkalommal igazoltuk hazai mintákban vírusizolálással, valamint vírus specifikus diagnosztikai PCR-rel törpeharcsák vérzékes szindrómájával és fokozott elhullásával kapcsolatban. A Magyarországon cirkuláló törzsek tanulmányozása, pontos azonosítása céljából két izolátum (13051/2012 és 14612/2012) teljes genom szekvenciájának meghatározását tűztük ki célul. A vírusokat EPC és BF-2 permanens sejtvonalakon szaporítottuk el, majd a sejtenyészet fagyasztása és felolvasztása után, a sejtekből kiszabaduló vírus részecskéket PEG 6000 oldat segítségével koncentráltuk. A vírus DNS tisztítását követően a mintát előkészítettük új-generációs szekvenálásra. A szekvenálást 316 csip segítségével végeztük Ion Torrent új-generációs szekvenáló berendezéssel (Ion Personal Genome Machine_ [PGMTM], Life Technologies). A kapott adatokat CLC Bio szoftverrel dolgoztuk fel (<http://www.clcbio.com>).

A nukleotid szekvenciák elemzése során 99,7 és 99,9 % azonosságot állapítottunk meg az általunk vizsgált törzsek és a GénBankban elérhető Európai törpeharcsa vírusa (ECV; JQ724856) között. Sikerült azonosítanunk valamennyi az ECV-ben is megtalálható ORF-et. A genom szekvenciák között a legnagyobb fokú variabilitást a neurofilament triplet H1-szerű fehérjét kódoló szakaszán figyelhattunk meg, mely lehetővé teszi a vírusok azonosítását egyazon vírus fajon belül, a rokonsági viszonyok megállapítását, valamint járványtani nyomkövetését.

Támogatás: KTIA-AIK-12-1-2013-0017. sz. szerződés, Lendület program, valamint PD104315 OTKA pályázat.