

Záverečná karta projektu

Názov projektu Evidenčné číslo projektu **APVV-15-0415**

Viróm gastrointestinálneho traktu ošípaných a diviakov: Identifikácia a analýza vírusových agensov

Zodpovedný riešiteľ **prof. Ing. Štefan Vilček, DrSc.**

Príjemca **Univerzita veterinárskeho lekárstva a farmácie v Košiciach**

Názov pracoviska, na ktorom bol projekt riešený

Katedra epizootológie, parazitológie a ochrany spoločného zdravia, Univerzita veterinárskeho lekárstva a farmácie v Košiciach

Názov a štát zahraničného pracoviska, ktoré spolupracovalo pri riešení

Žiadne zahraničné pracovisko sa signifikantne nepodieľalo na riešení tohto projektu

Udelené patenty/podané patentové prihlášky, vynálezy alebo úžitkové vzory, ktoré sú výsledkami projektu

Výsledky riešenia neboli chránené patentom.

Najvýznamnejšie publikácie (knihy, články, prednášky, správy a pod.) zhrňujúce výsledky projektu – uveďte aj publikácie prijaté do tlače

Publikované práce v CC časopisoch:

JACKOVÁ, A., SLÍŽ, I., MANDELÍK, R., ŠALAMÚNOVÁ, S., NOVOTNÝ, J., KOLESÁROVÁ, M., VLASÁKOVÁ, M., VILČEK, Š.: Porcine kobuvirus 1 in healthy and diarrheic pigs:

Genetic detection and characterization of virus and co-infection with rotavirus A. *Infection, Genetic and Evolution* 49, 73-77, 2017.

MANDELÍK, R., SARVÁŠ, M., JACKOVÁ, A., ŠALAMÚNOVÁ, S., NOVOTNÝ, J., VILČEK, Š.: First outbreak with chimeric swine enteric coronavirus (SeCoV) on pig farm in Slovakia – Lessons to learn. *Acta Vet. Hung.*, 66, 488-492, 2018.

ŠALAMÚNOVÁ, S., JACKOVÁ, A., MANDELÍK, R., NOVOTNÝ, J., VLASÁKOVÁ, M., VILČEK, Š.: Molecular detection of enteric viruses and genetic characterization of porcine astrovirus and sapovirus in domestic pigs from Slovakian farms. *BMC Vet. Res.*, 14, 313, 2018.

VILČEK, Š., ŠALAMÚNOVÁ, S., JACKOVÁ, A.: Genetic identification of astroviruses in wild boars. *J. Vet. Sci.*, 20, 91-94, 2019.

ŠALAMÚNOVÁ, S., JACKOVÁ, A., CSANK, A., MANDELÍK, R., NOVOTNÝ, J., BECKOVÁ, Y., HELMOVÁ, L., VILČEK, Š.: Genetic variability of pig and human rotavirus group A isolates from Slovakia. *Arch. Virol.*, 165, 463-470, 2020.

VILČEK, S.: SARS-CoV-2: Zoonotic origin of pandemic coronavirus. *Acta Virol.*, 64, 290-296, 2020.

Práce zaslané do CC časopisov:

JACKOVA, A., DUDASOVA, K., SALAMUNOVA, S., MANDELÍK, R., NOVOTNY, J.,

VILČEK, S.: A molecular survey and genetic diversity of Hepatitis E virus in domestic swine from Slovakia

V štádiu rozpracovania sú vedecké práce zamerané na analýzu HEV u diviakov

inhibíciu množenia rotavírusu A po pôsobení laktobacilov

analýzu enterálneho virómu prasiat metódou NGS

Odborné práce:

MANDELÍK, R., JACKOVÁ, A., ŠALAMÚNOVÁ, S., NOVOTNÝ, J., VILČEK, Š.: Identifikácia a analýza enterálnych vírusových agensov a ich podiel na vývoji hnačiek ošípaných.

Informačný spravodajca KVL SR č. 4/2017, s. 28-29.

ŠALAMÚNOVÁ, S., JACKOVÁ, A., VILČEK, Š.: Metódy typizácie a výskyt rotavírusov A u ľudí a ošípaných. Slov. Vet. Čas., 45, č. 1, 9-11, 2020

Najvýznamnejšie prezentácie na konferenciách (výber):

Vilček, Š., Jacková, A., Šalamúnová, S., Mandelík, R., Novotný, J., Blanchard, Y.: Are all enteric viruses infecting pigs associated with the development of diarrhoea?. J. Antivir. Antiretrovir, 9:3, p.47, 2017 (Suppl.). Abstract z 12th World Congress on Virology, Baltimore, USA, Oktober 15-17, 2017.

Jacková A., Šalamúnová S., Mandelík R., Novotný J., Molnár L., Vilček Š. Phylogenetic analysis of hepatitis E in domestic pigs and wild boars in Slovakia. 14th International Conference on Molecular Epidemiology and Evolutionary Genetics of Infectious Diseases, Barcelona, Spain, 6.-9. 11. 2018

Vilček, Š., Šalamúnová, A., Jacková, A.: Identification and typing of astroviruses in wild boars. Proceedings Vol. I. of 25th International pig Veterinary Society Congress, Chongqing, China, June 11-14, 2018, I-251, p. 187.

Šalamúnová S., Jacková A., Vilček Š. How many astroviruses infect wild boar? Abstract Book. 5th Congress of the European Association of Veterinary Laboratory Diagnosticians. Brussels, 14.-17. 10. 2018, s. 120.

Jacková A., Šalamúnová S., Molnár L., Vilček Š. Je zverina zdravotne bezpečná? Zborník príspevkov. Hygiene Alimentorum XXXIX: Zdravotná bezpečnosť a kvalita hydinového mäsa, vajec, produktov rybolovu a zveriny, Štrbské pleso, 16.-18. máj, s. 360-363. (príspevok v plnom znení)

Šalamúnová, S., Jacková, A., Csank, T.: Mandelík, R., Novotný, J., Becková, Z., Helmová, L., Vilček, Š.: Hľadanie fylogenetických vzťahov medzi porcinnými a humánnymi rotavírusovými izolátmi skupiny A. Zborník abstraktov 28. kongres ČSSM, 18.9. – 21.9. 2019, Tatranské Matliare, s. 139. ISBN 978-8 0-97 3 411-0-7.

Šalamúnová, S., Jacková, A., Csank, T.: Mandelík, R., Novotný, J., Becková, Z., Helmová, L., Vilček, Š.: Genetic typing of rotaviruses group A in domestic pigs and human patients. 13th EPIZOONE Manual Meeting, 26-28 August 2019, Berlin, P4, s. 165.

Jacková, A., Dudášová, K., Šalamúnová, S., Paraličová, Z., Sekula, J., Mandelík, R., Novotný, J., Vilček, Š.: Relationship searching of hepatitis E virus in domestic swine and human patients. ZONOSSES 2019, International Symposium on Zoonoses Research, 16-18 October 2019 Berlin, N12, s. 142.

Vilček, Š., Smoľak, D., Šalamúnová, S., Jacková, A., Szemeš, T.: Analysis of fecal virome in healthy and diarrheic pigs. 11th International Symposium of the World Association of Veterinary Laboratory Diagnosticians (ISWAVLD), 19. – 22 June 2019, Chang Mai, Thailand, s. 147 – 148.

Uplatnenie výsledkov projektu

Prioritné výsledky riešenia projektu na medzinárodnej a národnej úrovni nájdu uplatnenie vo virológii, epizootológii/epidemiológii a vo veterinárnej praxi. Poznatky o enterálnych vírusoch vyplňujú biele miesta na epizootologickej mape Európy a to rozšírením našich vedomostí o výskyte a genetickej povahe astrovírusov, sapovírusu, kobuvírusu u ošípaných a diviakov v oblasti strednej Európy. Podrobnejšia analýza ohniska nákazy spôsobeného chimerickým prasacím koronavírusom na Slovensku rozširuje poznatky o klinických príznakoch koronavírusovej nákazy u ošípaných, jej možnej eliminácii, ako aj vzťah tohto kmeňa k iným koronavírusom infikujúcich ošípané v Európe. Identifikácia a analýza zoonotických vírusov, ako je rotavírus A a vírus hepatitídy E naliehavo upozorňuje na ich možný prenos zo zvierat a ich potravinových produktov na človeka aj v našom geografickom regióne. Analýza enterálneho virómu prasiat poukázala na to, že nie vždy existuje vzťah medzi výskytom

enterálnych vírusov v enterálnom trakte a hnačkou. Výsledky zároveň navodzujú otázku, či prítomnosť enterálnych vírusov vždy zohráva iba negatívnu úlohu v zdraví zvierat. Dosiahnuté výsledky nájdu uplatnenie aj v pedagogickej praxi pri vzdelávaní veterinárnych lekárov a u zoonotických vírusoch aj pri osвете laickej verejnosti.

Súhrn výsledkov riešenia projektu a naplnenia cieľov projektu v slovenskom jazyku (max. 20 riadkov)

Ciele projektu, ktorý bol zameraný na identifikáciu a genetickú charakterizáciu enterálnych vírusov zdravých a hnačkujúcich prasiat a diviakov bol splnený. Porcinný astrovírus (PAstV), porcinný sapovírus (PSaV) a porcinný kobuvírus 1 (PKV-1) boli identifikované u zdravých a hnačkujúcich prasiat rôznych vekových skupín. Naproti tomu výskyt rotavírusu A (RVA) u ciciakov koreloval s vývojom hnačky (39% hnačkujúcich versus 9,2% u zdravých zvierat). Pri genetickej typizácii PAstV bolo u prasiat zo Slovenska identifikovaných všetkých päť genetických línií (PAstV-1 – PAstV-5), u diviakov len PAstV-2 a PAstV-4. Fylogenetická analýza chimerického koronavírusu (SeCoV) z ohniska na dvoch farmách ošípaných na Slovensku nepotvrdila príbuznosť SeCoV s PEDV z Maďarska. Porcinné izoláty RVA zo Slovenska patrili do genotypov G4, G5, G11 a G3, z P genotypov do P[6] a P[13], z G-P genotypov do G4P[6], G5P[6] a G5P[13]. U ľudských pacientov boli identifikované genotypy G3 a G1. Fylogenetická analýza nepotvrdila vzťah medzi slovenskými prasaciami a ľudskými RVA izolátmi. Avšak bola pozorovaná výrazná nukleotidová podobnosť niektorých prasacích RVA sekvencií zo Slovenska s humánnymi sekvenciami z Maďarska. HEV izoláty z ošípaných na Slovensku boli detegované u 17% vzoriek a to aj u prasiat presúvaných na bitúnok. Fylogenéza potvrdila genotyp HEV-3, ale analýza indikovala aj nový doteraz neznámy subtyp. V pečeni diviakov, ktorá je potravinová komodita, bol HEV (genotyp HEV-3) identifikovaný u 15 % analyzovaných vzoriek. V rektálnych výteroch ľudských pacientov suspektných na vírusovú hepatitídu E bol zistený HEV-3 genotyp, ale priamy vzťah k prasacím izolátom zo Slovenska nebol zistený. Pri analýze virómu metódou NGS bolo zistené široké spektrum vírusov u zdravých aj hnačkujúcich prasiat bez výraznejších rozdielov u zvierat rôznych vekových skupín.

Súhrn výsledkov riešenia projektu a naplnenia cieľov projektu v anglickom jazyku (max. 20 riadkov)

The aim of this project which was focused on the identification and genetic characterisation of enteric viruses of healthy and diarrheic pigs and boars was fulfilled. Porcine astrovirus (PAstV), porcine sapovirus (PSaV) and porcine kobuvirus (PKV-1) were identified in healthy and diarrheic pigs of different age. On the other hand, the occurrence of rotavirus A (RVA) correlated with the development of diarrhoea in piglets (39% in diarrheic versus 9.2% in healthy animals). Genetic typing of PAstV identified all five genetic lineages (PAstV – PAstV-5) in pigs originating from Slovakia, but PAstV-2 and PAstV-4 were found in boars only. Phylogenetic analysis of chimeric porcine coronavirus (SeCoV) on two pig farms in Slovakia did not confirm any relationship with PEDV in Hungary. Porcine RVA isolates from Slovakia were typed as genotypes G4, G5, G11 and G3, of P genotypes as P[6] and P[13], and of G-P genotypes as G4P[6], G5P[6] and G5P[13]. Human RVA isolates were identified as genotypes G3 and G1. Phylogenetic analysis did not reveal the relationship between Slovak porcine and human RVA isolates. However, significant nucleotide identity was observed between several porcine RVA sequences from Slovakia and human sequences from Hungary. A part of 17% HEV rectal swab samples were positive in pigs originating from Slovakia and virus was also confirmed in samples of animals sent to slaughter-house. The virus phylogeny in those samples revealed HEV-3 genotype but new subtype was also confirmed. HEV-3 was identified in 15% of boar liver samples (food commodity). HEV-3 genotype was also confirmed in rectal swab samples of human patients suspected of virus hepatitis E but direct relationship to pig isolates from Slovakia was not identified. The analysis of enteric virome in healthy and diarrheic pigs revealed a broad spectrum of viruses in healthy and diarrheic pigs. Not significant differences were found in most animals of different age.