

Formulár ZK - Záverečná karta projektu

Riešiteľ: prof. Ing. Štefan Vilček, DrSc.	Evidenčné číslo projektu: APVV-20-019605
Názov projektu: Variabilita niektorých vírusových genómov, molekulová diagnostika a epizootológia aktuálnych nákaz zvierat	

Na ktorých pracoviskách bol projekt riešený:	Univerzita veterinárskeho lekárstva v Košiciach
Ktoré zahraničné pracoviská spolupracovali pri riešení (názov, štát):	Moredun Research Institute, Bush Loan, Penicuik, Edinburgh, Scotland, UK
	University of Veterinary Medicine, Viedeň, Rakúsko
	Indian Veterinary Research Institute, Bhopal, India

Udelené patenty alebo podané patentové prihlášky, vynálezy alebo úžitkové vzory vychádzajúce z výsledkov projektu:	
Publikácie (knihy, články, prednášky, správy a pod.) zhrňujúce výsledky projektu (uved'te i publikácie prijaté do tlače): Uvádzajte maximálne päť najvýznamnejších publikácií.	JACKOVÁ, A., NOVÁČKOVÁ, M., PELLETIER, C., AUDEVAL, C., GUENEAU, E., HAFFAR, A., PETIT, E., REHBY, L., VILČEK, Š.: The extended genetic diversity of BVDV-1: Typing of BVDV isolates from France. <i>Vet. Res. Commun.</i> , 32, 2008, 7-11.
	NOVÁČKOVÁ, M., JACKOVÁ, A., KOLESÁROVÁ, M., VILČEK, Š.: Genetic analysis of a bovine viral diarrhea virus 2 isolate from Slovakia. <i>Acta Virologica</i> 52, 2008, 161-166.
	HORNBERG, A., FERNANDEZ, S.R., VOGL, C., VILČEK, Š., MATT, M., FINK, M., KOFER, J., SCHOPF, K.: Genetic diversity of pestivirus isolates from Western Austria. <i>Vet. Microbiol.</i> 135, 2008, 205-213.
	PISTL, J., NOVÁČKOVÁ, M., JACKOVÁ, A., POLLÁKOVÁ, J., LEVKUT, M., VILČEK, Š.: First evidence of porcine circovirus 2 (PCV2) in Slovakia. <i>Dtsch. Tierartl. Woch. (DTW)</i> 116, 2009, 19-23.
	VILČEK, Š., WILLOUGHBY, K., NETTLETON, P.F., BECHER, P.: Genome sequence of a border disease virus strain isolated from a Pyrenean chamois. Programme and Proc. of 8th Int. Cong. of Veterinary Virology, Budapest, 23-26 August 2009, s. 236.
V čom vidíte uplatnenie výsledkov projektu:	V evolučnej virológii a v taxonómii vírusov, v diagnostických laboratóriách ŠVaPS SR, pri analýze epizootologickej situácie na úrovni farmy, regiónu, štátu, EÚ.

Charakteristika výsledkov

Súhrn výsledkov riešenia projektu a naplnenia cieľov projektu (max. 20 riadkov) - slovensky:

Sekvenovaním celého genómu pestivírusu izolovaného z uhynutého kamzíka v Pyrenejach sa zistilo, že RNA genóm je zložený z 12305 nukleotidov. ORF kódujúci proteín zložený z 3895 aminokyselín je ohraničený 5'-UTR, ktorý je dlhý 376 nt a 3'-UTR dlhým 232 nt. Fylogenetická analýza potvrdila, že kamzičí pestivírus bol typizovaný ako border disease vírus genotyp 4 (BDV-4).

Pri typizácii BVDV izolátov z Francúzska sme objavili nový subtyp BVDV-1I, čo rozširuje naše poznatky o diverzite pestivírusov. BVDV izoláty zo Slovenska sa zoskupili do 4 známych BVDV-1 subtypov. U hovädzieho dobytku sme na Slovensku potvrdili v Európe vzácny izolát BVDV-2b a u oviec po prvý krát na našom území BDV-3. BVDV izoláty z HD z Rakúska patria do 8 BVDV-1 subtypov, dva izoláty boli typizované ako BVDV-2 a jeden ako BDV. BVDV-1 izoláty z HD z Indie boli typizované ako BVDV-1b, u oviec bol potvrdený aj BVDV-2, u himalájskych jakov – BVDV-1, CSFV kmene padli do skupiny 1.1.

Po prvý krát sme dokázali výskyt PCV-2 u prasiat na Slovensku. Vírusové kmene boli typizované ako PCV-2b, kluster 1A a jeden izolát ako PCV-2a, kluster 2D. Analýza izolátov bovinného koronavírusu zo Slovenska a Rakúska urobená v S1 oblasti genómu ukázala, že izoláty sú si veľmi podobné. PRRSV izoláty zo Slovenska patria do EU genotypu 1, subtyp 1. U dvoch izolátov sme po prvý krát pozorovali extrémnu dĺžku ORF7 – 399 nt.

Na detekciu PCV-2 v klinických vzorkách sme vyvinuli nový diagnostický test na báze LUX PCR. Tento real-time PCR test detegoval už 20 vírusových partikul a bol špecifický pre PCV-2.

Uvedené výsledky sú užitočné pre štúdium evolúcie vírusov, pre rozvoj molekulovej epizootológie a pre skvalitnenie laboratórnej diagnostiky významných vírusových nákaz.

Všetky vytýčené ciele projektu boli splnené.

Súhrn výsledkov riešenia projektu a naplnenia cieľov projektu (max. 20 riadkov) - anglicky:

The sequencing of full genome for a pestivirus isolated from dead Pyrenean chamois revealed that RNA genome is composed of 12305 nucleotides. The ORF encoding a polyprotein which is composed of 3895 amino acids is flanked with 376 nt of 5'-UTR and 232 nt of 3'-UTR. Phylogenetic analysis confirmed that the chamois pestivirus was typed as border disease virus genotype 4 (BDV-4).

The analysis of French BVDV isolates led to the discovery of new BVDV subtype – BVDV-1I, suggesting higher diversity of pestiviruses. BVDV isolates from Slovakia were grouped into 4 well-known BVDV-1 subtypes. In Slovakia, BVDV-2b isolate, which is rare in Europe, was also identified in cattle. In addition, BDV-3 was identified in Slovak sheep for the first time. BVDV isolates from Austrian cattle segregated into eight BVDV-1 subtypes, two isolates were typed as BVDV-2, one isolate as BDV. Cattle BVDV-1 isolates from India were typed as BVDV-1b, BVDV-2 was confirmed in sheep, BVDV-1 in Himalayan yaks, CSFV isolates were typed as group 1.1.

PCV-2 was confirmed in Slovak pigs for the first time. Viral isolates were mostly typed as PCV-2b, cluster 1A, one isolates as PCV-2a, cluster 2D. The genetic analysis of bovine coronavirus isolates originating from Slovakia and Austria carried out in S1 genomic region indicated that the isolates were very similar. PRRSV isolates from Slovakia belong to EU genotype 1, subtype 1. The extreme length polymorphism of ORF7 - 399 nt – was observed in two PRRSV isolates.

A new diagnostic assay based on LUX PCR was developed for the detection of PCV-2 in clinical samples. The assays detected 20 viral particles and it was specific for PCV-2.

Presented results are useful for study of virus evolution, development of molecular epidemiology and better laboratory diagnosis of significant virus infections.

Podpisom záverečnej karty riešiteľ vyjadruje svoj súhlas so zverejnením údajov v nej uvedených.

Podpis zodp. riešiteľa:

Dátum: 29. 9. 2009

Podpis štatutárneho zástupcu:

Pečiatka: