

LEVÉL A SZERKESZTŐSÉGHEZ

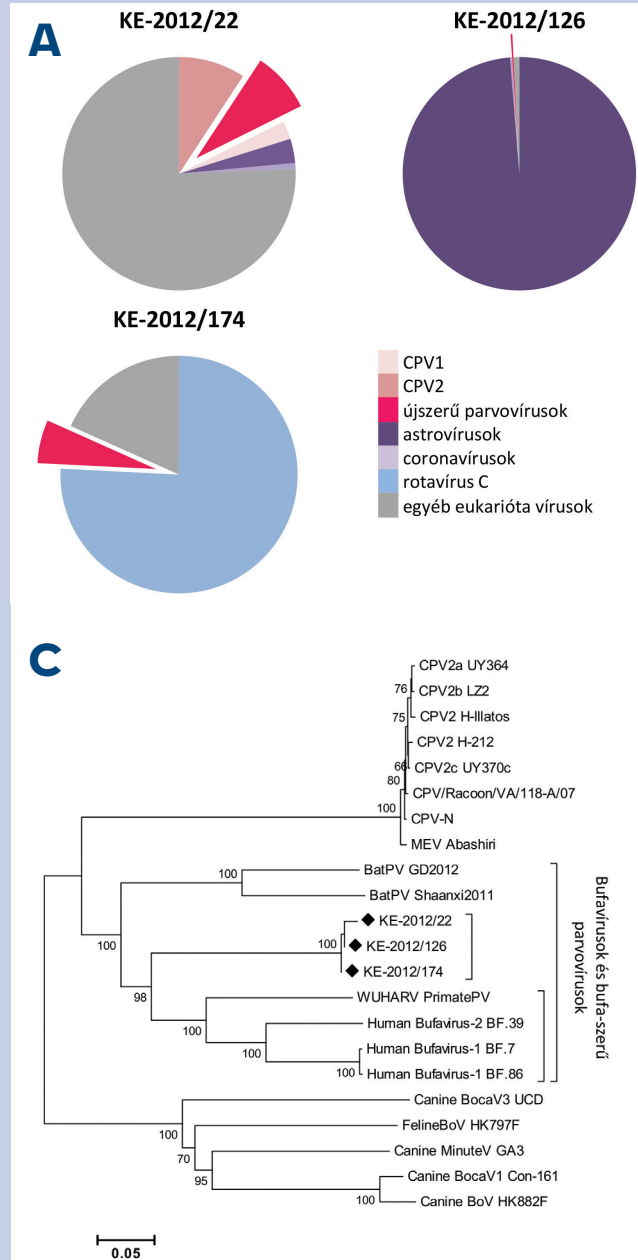
Új parvovírus menhelyi kutyákban

Tisztelt Szerkesztőség!

A *Parvoviridae* családba tartozó vírusok különféle kórformákat idéznek elő háziállatainkban. Kutyákban a *Bocaparvovirus* és a *Protoparvovirus* nemzetségbe tartozó vírusok okozhatnak változatos kórképeket. A bocaparvovírusok közé tartozó kutya parvovírus 1 (más néven kutya-minutevírus) vemhes állatok embrióiban magzatkárosító hatású lehet, míg fiatal egyedeknél neurológiai, légúti és bélrendszeri tüneteket idézhet elő. Néhány újabban leírt kutya bocaparvovírust légúti megbetegedéssel ill. májgyulladással hoznak kapcsolatba. A *Protoparvovirus* nemzetségbe tartozó kutya parvovírus 2 (CPV-2) által okozott kórképet (ti. parvovirusos enteritist) először a hetvenes évek végén írták le. A CPV-2 súlyos, vérzéses vékonybélgyulladást okoz, ellene élő attenuált vírust tartalmazó vakcinát használunk. Az eredetileg leírt vírustól időközben új antigénvariánsok (CPV-2a, CPV-2b, CPV-2c) alakultak ki.

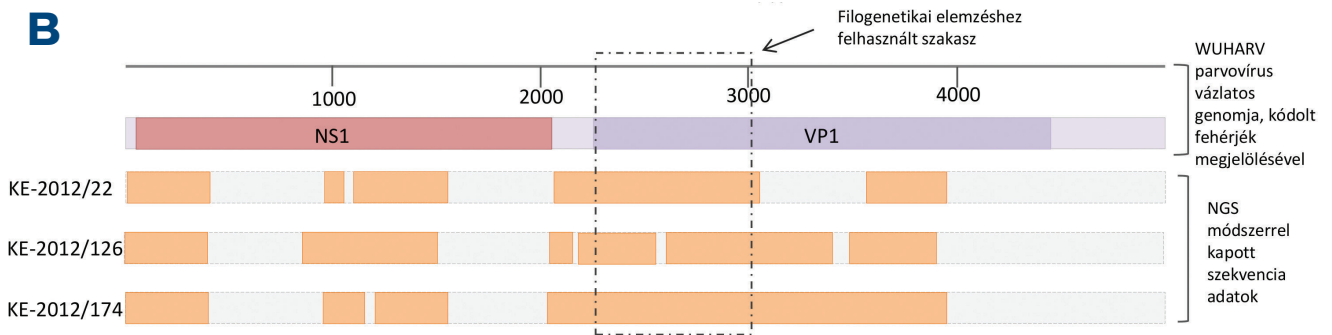
Az elmúlt években a molekuláris módszerekkel végzett víruskimutatás érzékenysége jelentősen nőtt, ami részben az újabb módszerek széles körű elterjedésének is köszönhető. Az újgenerációs szekvenáláshoz (next generation sequencing, NGS) kapcsolódó módszereket előszeretettel használják ma a vírusvadászok ismeretlen és újszerű vírusok, valamint ismert vírusok hagyományos módszerekkel ki nem mutatható variánsainak azonosítására is. Az MTA ATK ÁOTI 'Új kórokozók' Lendület csoport kutatási programjának egyik célkitűzése a vírus-metagenomikai módszereknek az állatorvosi diagnosztikába történő integrálása.

Kutatócsoportunk nemrég számolt be a MÁL hasábjain (MIHALOV-KOVÁCS és mtsai, 2014, 136. 661-670) menhelyi kutyák enterális kórképeiből hagyományos molekuláris technikák alkalmazásával kimutatott vírusok sokféleségéről. Időközben a minták egy részét vírus-metagenomikai módszerekkel is feldolgoztuk annak érdekében, hogy további, az enterális kórképek kialakításáért felelőssé tehető vírusokat is azonosítsunk. Összesen 33 egyed 37 bélsár mintáját vizsgáltuk ezzel a megközelítéssel és három fiatal állat bélsármintájában szokatlan, a humán bufavírusokra és az azokkal rokon denevér parvovírusokra hasonló szekvenciákat azonosítottunk szekvencia homológia kereséssel (Ábra, A panel). Mindhárom kutya



ÁBRA. Metagenomikai módszerrel kimutatott vírusok szekvenciáinak gyakorisága három kutya bélsármintájában

egy év alatti volt, kettő közülük még kölyökkorú, három hónapnál fiatalabb; ez a két kölyökkutya hasmenés tüneteit is mutatta. A szekvenciaadatok rendezésével és ismételt szekvenálásokkal sikerült a három mintából nagyobb genomi szakaszok szekvenciáját meghatározni (Ábra, B panel). A kapott szekvenciaadatokkal elvégzett filogenetikai vizsgálatok arról árulkodtak, hogy az újonnan azonosított parvovírusok sem a már jól ismert kutya protoparvovírusokkal, sem a bocaparvovírusokkal nem mutattak közeli rokonságot (Ábra, C panel).

B

A T. Szerkesztőségnek címzett levelünkkel elsőként a MÁL olvasóit szeretnénk volna tájékoztatni egy új, kutyákban eddig nem ismert bufavírus-szerű parvovírus hazai előfordulásáról. A bufavírusokat első ízben 2012-ben hasmenéses gyermekek székletéből mutatták ki vírus-metagenomikai módszerekkel. Ezt követően genetikailag heterogén bufavírus-szerű ágenseket azonosítottak egyéb főemlősökben, cickányokban és denevérekben. A vírus gazdaspektruma, kórokozó-

képessége és a fertőzés lefolyása még nem minden elemében tisztázott, taxonómiai helyzete bizonytalan. Mivel a kutyákban azonosított különféle parvovírusok kóroki szerepét bizonyos esetben sikerült már igazolni, ennek az új, bufavírus-szerű kórokozónak a lehetséges szerepét a hasmenéses kórkép hátterében érdemes lesz alaposabban kivizsgálni.

**Mihalov-Kovács Eszter,
Tuboly Tamás, Bányai Krisztián**