

KIAULIŲ REPRODUKČINIO IR KVĖPAVIMO SINDROMO VIRUSO LIETUVIŠKŲ PADERMIŲ GENETINIAI SKIRTUMAI IR FILOGENETINĖ ANALIZĖ ORF5 IR ORF7 REGIONUOSE

Arūnas Stankevičius*,***, Marija Stankevičienė**, Juozas Pieškus*

* Imunologijos institutas, Molėtų pl. 29, LT ? 2021 Vilnius; tel. 8 5 246 92 49.

** Lietuvos veterinarijos akademija, Tilžės g. 18, LT ? 3022 Kaunas; tel. 8 37 34 61 43; el. paštas: marija@lva.lt

*** Lietuvos veterinarijos akademijos Veterinarijos institutas, Instituto g. 2, LT-4230 Kaišiadorys; tel. 8 346 6 06 91; el. paštas: arusta@one.lt

Santrauka. Lietuvos kiaulių reprodukcinių ir kvėpavimo sindromo viruso (KRKSv) patogeninių padermių ORF5 geno dalis ir visas ORF7 regionas buvo amplifikuotas atvirkštinės transkripcijos polimerazės grandininė reakcija ir nustatytos jų nukleotidų sekos. Jos netikėtai pasirodė labai skirtingos. Skirtingiausios šių dienų europinio tipo KRKSv nukleotidų sekos buvo iš dviejų Lietuvos ūkių, kurių nukleotidų identiškumas ORF5 srityje buvo vos 72,2%. Be to, skirtumas tarp lietuviškų padermių buvo toks pat didelis, kaip ir tarp kitų Europos virusinių padermių. Nors visos šiame darbe nustatytos nukleotidų sekos buvo aiškiai europinio tipo, filogenetinė analizė parodė, kad lietuviškų padermių nukleotidų sekos buvo kilusios iš prototipinių sekų, kurios panašesnės į amerikinio tipo virusines padermes nei iki tol manyta. Be to, Lietuvos KRKSv padermių nukleotidų ilgis ORF7 srityje buvo 378 nukleotidai - tarpinis ilgis tarp europinio (387 nukleotidai) ir amerikinio tipo (372 nukleotidai) ORF7 regione. Tyrimo rezultatai patvirtina hipotezę, kad europinio ir amerikinio genotipo KRKSv yra kilę iš bendro protėvio.

Raktažodžiai: KRKSv, filogenetinė analizė, nukleotidų sekos, ORF5 genas.