

LIETUVOS LAPIŲ IR USŪRINIŲ ŠUNŲ POPULIACIJOS FILOGENETINĖ PASIUTLIGĖS VIRUSO ANALIZĖ

Dainius Zienius¹, Eugenijus Jacevičius², Henrikas Žilinskas³, Arūnas Stankevičius⁴

¹*Virusologijos skyrius, Lietuvos veterinarijos akademijos Veterinarijos institutas, Instituto g. 2, Kaišiadorys, LT-4230, tel.: +370 346 60 691, +370 687 50 931; faks. +370 346 60 697; el. paštas: dainzien@yahoo.com,*

²*Virusologinių tyrimų skyrius, Nacionalinis maisto ir veterinarijos rizikos vertinimo institutas, J. Kairiūkščio g. 10, Vilnius, LT-08409*

³*Gyvulių reprodukcijos laboratorija, Lietuvos veterinarijos akademija, Tilžės g.18, Kaunas, LT-47181; el. paštas: hezil@lva.lt*

⁴*Imunologijos laboratorija, Lietuvos veterinarijos akademija, Tilžės g.18, Kaunas, LT-47181; el. paštas: sarunas@lva.lt*

Santrauka. Šio darbo tikslas – nustatyti nukleoproteino geno sekas ir charakterizuoti pasiutligės viruso (RV) izoliatus, kad būtų galima sužinoti, kokiai viruso grupei (biotipui) priklauso RV, cirkuliojantys Lietuvos rudųjų lapių ir usūrinių šunų populacijose. Analizuoti 22 lapių (8) ir usūrinių šunų (14) RV izoliatai. Nukleoproteino geno regionas buvo amplifikuotas iš RV teigiamų smegenų suspensijos mėginių, o gautos 400 b nukleotidų sekos palygintos su atrinktomis kitomis pasiutligės viruso sekomis iš Latvijos, Estijos, Rusijos, Lenkijos, Vakarų Europos šalių, esančių „GenBank“ duomenų bazėje. Visi Lietuvos pasiutligės viruso izoliatai tarpusavyje buvo filogenetiškai labai artimi ir parodė nukleotidų sekų identišumą nukleoproteino regione 97,7–100 proc. Filogenetinė nukleoproteino geno analizė taip pat parodė, kad visos Lietuvos padermės priklausė pirmojo pasiutligės viruso genotipo Šiaurės Rytų Europos (NEE) grupei, kuriai priklauso genetiškai labai artimi pasiutligės viruso izoliatai iš Latvijos, Estijos, Lenkijos, Suomijos ir Šiaurės Rytų Rusijos.

Raktažodžiai: pasiutligė, filogenetinė analizė, Lietuva.