

## NUJUNKYTŲ PARŠELIŲ MULTISISTEMINIO NYKIMO SINDROMO (NPMNS) PATVIRTINIMAS KIAULIŲ REPRODUKCIJOS IR KVĖPAVIMO SINDROMO VIRUSU (KRKSV) UŽKRĖSTUOSE LIETUVOS IR LATVIJOS ŪKIUOSE

Arūnas Stankevičius<sup>1</sup>, Rytis Čepulis<sup>1</sup>, Jūratė Buitkuvienė<sup>1</sup>, Alius Pockevičius<sup>2</sup>, Iona Aleksėjūnienė<sup>3</sup>, Marija Stankevičienė<sup>4</sup>, Henrikas Žilinskas<sup>5</sup>

<sup>1</sup>*Imunologijos laboratorija, Anatomijos ir fiziologijos katedra, Lietuvos veterinarijos akademija, Tilžės g. 18, LT-47181 Kaunas; tel. (8~37) 36 28 44; el. paštas: sarunas@lva.lt;*

<sup>2</sup>*Patologijos centras, Užkrečiamųjų ligų katedra, Lietuvos veterinarijos akademija, Tilžės g. 18, LT-47181 Kaunas;*

<sup>3</sup>*Virusologijos skyrius, Lietuvos veterinarijos akademijos Veterinarijos institutas, Instituto g. 2, LT-56115 Kaišiadorys;*

<sup>4</sup>*Užkrečiamųjų ligų katedra, Lietuvos veterinarijos akademija, Tilžės g. 18, LT-47181 Kaunas;*

<sup>5</sup>*Gyvulių reprodukcijos laboratorija, Neužkrečiamųjų ligų katedra, Lietuvos veterinarijos akademija, Tilžės g. 18, LT-47181 Kaunas;*

**Santrauka.** NPMNS atvejai, kai nustatomas didelis kiekis kiaulių antro tipo cirkovirusų (KCV2), buvo užregistruoti daugelyje pasaulio vietų, įskaitant ir Vakarų Europos šalis, tačiau jų reikšmė Lietuvos (LT) ir Latvijos (LV) kiaulių populacijose anksčiau nebuvo tyrinėta ar aprašyta. Taigi šio darbo tikslas, atsižvelgiant į NPMNS kriterijus, laboratoriniais tyrimų metodais įrodyti NPMNS egzistavimą Lietuvos bei Latvijos kiaulių populacijose ir molekuliniais metodais preliminariai charakterizuoti paplitusias padermes.

Tyrimui iš viso atrinkta 19 kiaulių (8 iš LT ir 11 iš LV), kurioms NPMNS būdingi požymiai pasireiškė limfmazgiuose, plaučiuose. 8 iš LT ir 11 iš LV paršelių limfiniuose mazguose nustatyti NPMNS būdingi histopatologiniai pokyčiai, o ISH metodas parodė didelį KCV2 kiekį. TaqMan realaus laiko PGR serumo ir plaučių mėginiuose leido nustatyti daugiau nei  $10^7$  KCV2 genomo kopijų ml.

Panaudojus KCV2 *cap* geno fragmento nukleotidų sekas iš LT ir LV kiaulių ūkių ir viešojoje duomenų bazėje „GenBank“ paskelbtas nukleotidų sekas, sukonstruotas filogenetinis medis, kuris parodė, kad LT ir LV nukleotidų sekos tapachios tik 90,5 proc. LV sekos iki 99,3 proc. nukleotidų sekų panašios į 1A KCV2 grupę, o LT nukleotidų sekos buvo atitinkamai iki 99,5 proc. tapachios 2D grupei.

Būdingi klinikiniai simptomai, histopatologiniai pokyčiai, didelis KCV2 kiekis kartu su KRKSV tiriamojoje medžiagoje įrodo, kad LT ir LV kiaulių ūkiuose pasireiškia NPMNS, kurio paplitimą ir įtaką kiaulininkystėje reikėtų išsamiai iširti.

**Raktažodžiai:** cirkovirusai, KCV2, KRKSV, ISH, filogenetinė analizė.