



Tiedekunta/Osasto Faculty	Fakultet/Sektion –	Laitos Institution – Department
Eläinlääketieteellinen tiedekunta		Peruseläinlääketieteen laitos
Tekijä Författare – Author		
Anna Knuutila, ELK, KTK		
Työn nimi Arbetets titel – Title		
Minkin aleutian tauti –parvoviruskantojen fylogeneettinen erittelytutkimus		
Oppiaine Läroämne – Subject		
Eläinlääketieteellinen mikrobiologia ja epidemiologia		
Työn laji Arbetets art – Level	Aika Datum – Month and year	Sivumäärä Sidoantal – Number of pages
Eläinlääketieteen lisensiaatin tutkielma	Kevät 2007	61
Tiivistelmä Referat – Abstract		
<p>Aleutian tauti (AD, Aleutian disease) on parvovirusiin kuuluvan minkin aleutian tauti -viruksen (AMDV, Aleutian mink disease parvovirus) aiheuttama immunokompleksitauti. Se on yleinen kaikissa minkintuottajamaissa aiheuttaen merkittäviä tuotantotappioita tarhaajille. Aleutian taudin taudinkuva vaihtelee viruskannasta ja isäntätekijöistä riippuen. Viruskantoja esiintyy apatogeenisista voimakkaasti patogeenisiin. Siniharmaaturkkiset aleutian-genotyyppin minkit (<i>Mustela vison</i>) ovat alttiimpia tartunnalle ja kehittävät vakavamman tautimuodon. Klassiselle AD:lle tyypillisiä piirteitä ovat pysyvä viremia, plasmasytoosi, hypergammaglobulinemia, korkeat vasta-ainetasot, infektiivisten immunokompleksien muodostuminen, vaskuliitti ja glomerulonefriitti.</p> <p>Minkin aleutian tauti -virusta on tutkittu laajalti viimeisen 30 vuoden aikana, mutta tutkimuksia viruksen fylogeniasta on tehty vähän. Lisäksi suomalaisten AMDV-kantojen molekyyli-epidemiologiasta ja patogeenisuudesta ei ole ollut tarkkaa tietoa.</p> <p>Tämän tutkimuksen tavoitteina oli: 1) pystyttää menetelmät DNA:n eristämiseen ja AMDV-NS1 (major non-structural protein) – geenialueen osan monistamiseen sekä tutkia näiden menetelmien avulla suomalaisia AMDV-kantoja eri tiloilta löytyneistä luonnollisesti infektioituneista minkeistä; 2) analysoida kyseisiä viruskantoja erilaisilla fylogeniamenetelmillä ja verrata niitä aikaisemmin julkaistuihin kantoihin; 3) arvioida kantojen mahdollisia infektioreittejä, patogeenisuutta, ajallista ja maantieteellistä jakautumista sekä muunteluastetta.</p> <p>Neljästätoista suomalaisesta minkistä viideltä pohjanmaalaiselta ja pohjois-pohjanmaalaiselta tilalta eristettiin viruksen DNA:ta. Tämän jälkeen DNA:sta monistettiin osa NS1-geenistä semi-nested PCR -menetelmää käyttäen. Näiden 14 AMDV-sekvenssin lisäksi 31 ruotsalaista, 4 suomalaista ja 5 muuta viruksen sekvenssiä haettiin GenBank-tietokannasta. Kyseiset sekvenssit analysoitiin käyttäen useita erilaisia fylogeniaohjelmia, -menetelmiä ja -malleja. Parhaiten puun ratkaisi MEGA-ohjelmalla tehty nukleotidisekvenssiin perustuva juurattu parsimonia-puu.</p> <p>Fylogeneettinen analyysi viittasi siihen, että eri AMDV-kannat jakautuvat kolmeen ryhmään (I-III). Jokaisessa näistä ryhmistä oli suomalaisia AMDV-kantoja. Yksi ryhmä (II) koostui pelkästään pohjoismaisista kannoista. Ryhmän III muodostivat vanhimmat ja vähemmän muutoksia sisältävät kannat. Näytti siltä, että kaikki AMDV-kannat ovat elinvoimaisia, ja että patogeeniset kannat syntyvät <i>de novo</i> lievästi patogeenisista kannoista ja päinvastoin. Puun perusteella voitiin myös päätellä, että AMDV on tullut Suomeen kahteen - kolmeen eri otteeseen. Suomalaisten AMDV-kantojen tai kaikkien kantojen yhteistä maantieteellistä alkuperää ei pystytty puun perusteella luotettavasti selvittämään. Rekombinaatiota tai kantojen ryvästymistä eristysvuoden perusteella ei todettu. Kuten aikaisemmissa tutkimuksissa, myös tässä tutkimuksessa ei löydetty selitystä kantojen patogeenisuuseroille. Tutkimuksessa kuvatut kannat poikkesivat toisistaan nukleotiditasolla 0-14 % ja aminohappotasolla 0-22 %.</p> <p>Tutkimuksessa kuvattiin ensimmäinen AMD-viruksen fylogenia-analyysi Suomessa. Tämä AMDV:n fylogeneettinen puu on myös ensimmäinen AMDV:sta julkaistu nukleotidisekvenssiin perustuva merkkipohjaista menetelmää käyttäen rakennettu ulkoryhmän avulla juurattu puu. Lisäksi analysissa oli mukana enemmän viruskantoja kuin aiemmin. Tutkimuksessa pystytetyt viruksen DNA-eristys- ja PCR-menetelmät hyödyttävät myös tulevia tutkimuksia aiheesta. Esimerkiksi uusien sekvenssien kerääminen muista maista, villoista näätäeläimistä ja freteistä saattaa auttaa muodostamaan tarkempaa kuvaa viruksen sukulaisuussuhteista ja kehityksestä.</p>		
Avainsanat – Nyckelord – Keywords		
Aleutian tauti, minkin aleutian tauti –virus (AMDV), plasmasytoosi, viruskanta, minkki, molekyyli-epidemiologia, fylogenia, sekvenssianalyysi, NS1		
Säilytyspaikka – Förvaringställe – Where deposited		
Helsingin yliopiston Viikin tiedekirjasto		
Muita tietoja – Övriga uppgifter – Additional information		
Johtaja: prof. Olli Vapalahti, LT Ohjaajat: Paula Kinnunen, ELL; Johanna Kankkonen, ELL		



HELSINGIN YLIOPISTO
HELSINGFORS UNIVERSITET
UNIVERSITY OF HELSINKI