

BALATONI ANGOLNÁKBÓL (*ANGUILLA ANGUILLA*) ÉS GARDÁBÓL (*PELECUS CULTRATUS*) KIMUTATOTT CIRCOVÍRUSOK MOLEKULÁRIS ELEMZÉSE

Borzák Réka, Sellyei Boglárka, Székely Csaba, Doszpoly Andor

MTA Agrártudományi Kutatóközpont, Állatorvos-tudományi Intézet, Budapest

Kivonat

A circovírusok kisméretű (12-26 nm), egyszálú körkörös DNS genommal (1,3-2,3 kb) rendelkező, burok nélküli vírusok, melyeket a *Circoviridae* család *Circovirus* nemzetségébe soroltak. Általánosságban elmondható, hogy genomjuk ambiszenz irányultságú, mely legalább kettő, a kapszid (Cap) és a replikációért felelős (Rep) fehérjéket kódoló géneket tartalmaz.

A vírust korábban elsősorban a sertés és madár állományokból írták le, mint gazdasági károkat okozó fertőző ágens, de az utóbbi időben a PCR alapú diagnosztikai teszteknek és a metagenomikai vizsgálatoknak köszönhetően több circovírus-szerű szekvencia került kimutatásra alacsonyabb rendű gerincesekből (kételtűek, halak), gerinctelenekből és környezeti mintákból is.

A világon először hazánkban írtak le circovírusokat halakból. Ezen eredményekre alapozva megkezdtük a magyarországi természetes vízi halak circovírus fertőzöttségének felmérését a Bioklíma pályázat keretén belül, mely a klímaváltozás hatásait vizsgálja az emberi egészségre és a bioszféra elemeire.

A circovirális DNS jelenlétét széles spektrumú nested PCR-el teszteltük, mely a replikációért felelős (*rep*) gén egy szakaszát erősíti fel. A felszaporított DNS fragmentek nukleotid sorrendjét kétirányú direkt szekvenálással meghatároztuk, majd az egyes szakaszokra specifikusan tervezett primerek segítségével inverz nested PCR-el megkíséreltük feltárni a cirkuláris genom hiányzó részeit.

Az elmúlt év mintái alapján a vírus meglepően nagy arányban volt kimutatható a Balatonból származó angolnákból. Harmincegy mintából 19-ben sikerült részleges circovírus-szerű szekvenciát kimutatni, ebből 11 azonosnak bizonyult a már korábban leírt European eel circovirus-al (EeCV). A fennmaradó 8 minta 96%-os nukleotid azonosságot mutatott a fent említett szekvenciákkal, és teljesen megegyezett egy balatoni gardából kimutatott részleges circovírus szekvenciával.

A minták feldolgozása még folyamatban van. Eddig 11 angolnából, és a gardából származó circovírusok teljes genomját már sikerült megszekvenálni. Tíz angolnából származó minta megegyezett a korábban leírt EeCV genommal, egy angolna minta pedig a gardából származó circovírus genommal mutatott teljes azonosságot.

A circovírusokat eddig gazda specifikus, illetve szűk gazdaspektrumú vírusokként jellemezték. Ennek ellenére, nekünk sikerült taxonómiaiilag távol rokon halakból (angolna-garda) ugyanazt a circovírus-szerű szekvenciát kimutatni. Tudomásunk szerint, halak esetében ez az első olyan adat, mely nincs összhangban a circovírusok gazdaspecifikusságára vonatkozó elméletekkel.

A kutatást a KTIA-AIK-12-1-2013-0017, OTKA PD 104315 pályázatok és az MTA Bolyai János Kutatási Ösztöndíj segítségével finanszíroztuk.