

Sigade Aafrika katku viiruse geneetiline varieeruvus Eestis



Annika Vilem^{1,2}, Imbi Nurmoja², Lea Tummeleht¹ ja Arvo Viltrop¹

¹ Eesti Maaülikool, VLI veterinaarse biomeditsiini ja toiduhügieeni õppetool

² Riigi Laboriuuringute ja Riskihindamise Keskus, LABRIS

annika.vilem@student.emu.ee

SISSEJUHATUS

Sigade Aafrika katk (SAK) on üheks suurimaks ohuks maailma seakasvatusele, kuna põhjustab tulenevalt rahvusvahelisest elussigade ja lihatoodete transpordi keelust suurt majanduslikku kahju. Hetkel puudub probleemi leevendamiseks nii ravi kui ka tõhus vaktsiin haiguse vastu. Ainsad kontrollimeetmed viiruse vastu võitlemiseks on efektiivsed seireprogrammid, rangete bioohutuse, bioturvalisuse ja hügieenimeetmete rakendamine. SAK-i põhjustab sigade Aafrika katku viirus (SAKV), millel on kaheahelaline DNA ja mis kuulub *Asfaviiridae* sugukonda. Eestis tuvastati SAKV esmakordselt 2014. a septembris. Kolme aasta jooksul levis viirus üle kogu Mandri-Eesti ja Saaremaa. Tänu metssigade populatsiooni langusele ei tuvastatud alates 2019.a jaanarist kuni 2020.a augustini Eestis ühtegi SAKV positiivset mets- ega kodusiga. Perioodil 2020. a sügis kuni 2022. a lõpp on SAKV tuvastatud taas seitsmes Eesti maakonnas.

EESMÄRK

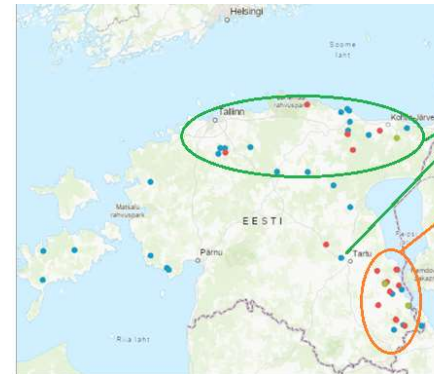
Töö eesmärgiks oli leida sobivaid molekulaarseid markereid SAKV kirjeldamiseks Eestis ning tuvastada alates 2020.a levivate SAKV tüvede võimalikku päritolu

MATERJAL JA METOODIKA

Et välja selgitada, kas uued leiud aastatel 2020–2022 on seotud varasema epideemiaga või on tegemist viiruse uue riiki sisenemisega, valiti viis erinevat molekulaarset markerit, et tüvesid kirjeldada. Kokku oli valimis 146 SAKV positiivset tüve, mis pärinesid kogu puhanguperioodist, hõlmates 2015–2022 aastal tuvastatud SAKV isolaate. Valitud geenipiirkonnad amplifitseeriti polümeraasi ahelreaktsiooni (PCR) meetodil. PCR positiivse signaali andnud tüved sekveneeriti Sanger sekveneerimismeetodil ja saadud järjestusi võrreldi Gruusia 2007/1 referentsjärjestusega (GenBank number FR682468.2).

TULEMUSED

Käesolevas uuringus Eestis levivate SAKV tüvede sekveneerimisel selgus, et enamus valitud markerite (v.a *B602L*) kirjeldamine ei eristanud 2020–2022 tuvastatud tüvesid epideemia algusaastatel levinud SAK viirusest. Geenipiirkondade võrdlemisel olid uuritud tüvede järjestused 100% identsed Gruusia 2007/1 referentstüvega või enimlevinud tüvedega Euroopa Liidus. ***B602L* geeni** sekveneerimine näitas, et perioodil 2020–2022 ei ringle enam varem Vilem jt, 2020 uuringus tuvastatud SAKV GII-CVR2 ja GII-CVR1/SNP1 variante, mis kinnitab nende väljasuremist ja võimalikku seost viiruse vähenenud virulentsusega nendel tüvedel. **Käesolevas uuringus tuvastati samas geenis uus mutatsioon, mille alusel on võimalik paigutada Eestis 2020–2022 tuvastatud tüved kahte epidemioloogilisse klastrisse.**



Kaart: Põllumajandus- ja Toiduamet

SAKi leiud
metssigadel 2022

Põhja-Eesti klaster

Kagu-Eesti klaster

- Antikehapositiivne (ELISA)
- Viiruspositiivne (PCR)
- Viirus- ja antikehapositiivne (PCR ja ELISA)

Joonis 1 2022. aastal tuvastatud SAKV variantide levik Eestis. Roheline sõõr- algne varianttüvi **GII-CVR1**. Oranž sõõr- uus tuvastatud varianttüvi **GII-CVR1/4**

KOKKUVÕTE

- Enamik kasutatud markereid (v.a *B602L*) ei eristanud SAKV tüvesid Gruusia 2007 referentstüvest ega varasemal epideemia perioodil (2014-2019) Eestis levinud tüvedest.
- *B602L* geeni põhjal paigutuvad 2020-2022 levinud tüved kahte epidemioloogilisse klastrisse- Põhja ja Kirde-Eesti ning Kagu-Eesti klaster
- **Põhja- ja Kirde Eestis** levinud tüved on 100% homologsed varasema epideemia ajal Eestis levinud tüvedega, viidates viiruse taaslevikule piirkonnas seoses metssigade arvukuse tõusuga
- **Kagu-Eestis** leivatel viirustüvedel esinev mutatsioon eristab neid varasematest ja hetkel Põhja- ja Kirde-Eestis leivatest viirustüvedest, mistõttu võib oletada, et tegemist on viiruse **uue riiki sisenemisega Kagu-Eestis.**