

Jelenleg problémát okozó 1C RFLP 1-4-4 PRRS vírus az Egyesült Államokban

Az fertőzés terjedési időszakának hossza és az esetek száma tavasszal aggodalomra adott okot a PRRS következő szezonja miatt.

2020 őszén az Egyesült Államok középnyugati részén sertésenyésztők számoltak be az orf5 szintjén szokatlanul hasonló vírusok által okozott, telep-szintű PRRS-kitörések egyidejű előfordulásáról. Három fő tényező miatt ezek a telep szintű kitörések gyorsan felkeltették a sertés ipar figyelmét 1) magas orf5 nukleotid - azonosságot (> 99%) észleltek több, látszólag nem kapcsolódó telepen, különböző termelési rendszerekből; 2) ez a változat főként a hizlaldákat érintette, és különbözött az ezekben a termelési rendszerekben korábban észlelt változatoktól; és 3) a helyszíni jelentések arról számolnak be, hogy az érintett területeken rendkívül nagy termelési veszteségek tapasztalhatók.

A Morrison Swine Health Monitoring Project (MSHMP) figyelemmel kísérte a betegségek előfordulását az amerikai sertés tenyész állomány körülbelül 50% -ában. A résztvevő rendszerek által generált PRRSV orf5 szekvenciákat a tenyésztési, süldő nevelő egységekben, baktériákon, és hizlaldákon végzett rutin kitörési vizsgálati eredményeként rögzítették. 2021. júliusáig 243 helyszínen (163 hizláló telepen, 53 tenyész állományban, 31 más típusúként bejelentett, és 7 információ nélküli telepen) 14 MSHMP termelési rendszerből összesen 301 szekvenciát észleltek ebből az újonnan előforduló LIC 1-4-4 változattól. A hetente észlelt szekvenciák járványügyi görbáját az 1. ábra mutatja. Azt állapították meg, hogy ennek a változatnak az átvitele két hullámban történhetett. Az első 2020 októbere és decembere között történt, amikor ezeket az eseteket először jelenteni kezdték. Ezt követte a heti esetek számának csökkenése a következő hónapokban. 2021 áprilisában azonban egy második átviteli hullámot észleltek, amely 2021 májusában érte el csúcspontját. A második átviteli hullámot tartalmazó szekvenciák száma messze meghaladta a 2020 őszi-téli hullám során megfigyelt szekvenciák számát. Az esetek 15% -ában nem álltak rendelkezésre koordináták vagy állami információk, de ezt a változatot észlelték Minnesotában, Iowában, Illinoisban, Dél-Dakotában és Wisconsinban is.

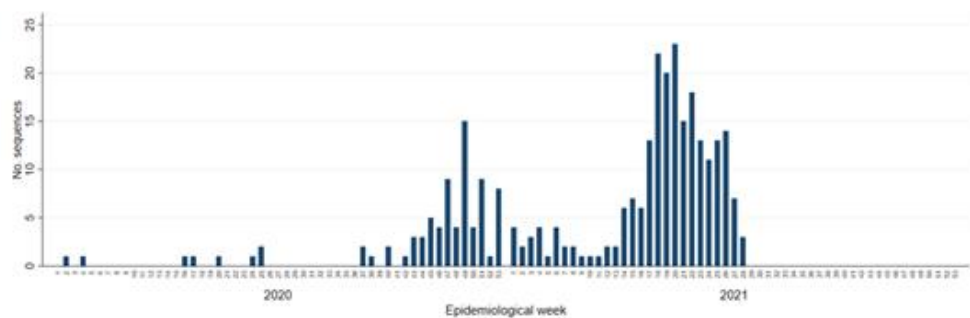


Figure 1. Epidemiological curve of number of sequences detected each week of the emerging Lineage 1C RFLP 1-4-4 variant.

Annak értékelése érdekében, hogy ez a genetikai **cluster** egy új változat megjelenését jelentette az alvonalon belül (1C), az orf5-tel rendelkező filogenetikai fák (2A. Ábra) és a teljes genomszekvenciákat 17 esetből (2B. Ábra) alkották meg, összehasonlítva ezeket az eseteket más Lineage 1C szekvenciákkal az MSHMP -vel, a Minnesotai Egyetem Állatorvosi Diagnosztikai Laboratóriumától kapott és nyilvánosan elérhető (GenBank) adatokkal. Mind az orf5, mind a teljes genomfák azt sugallták, hogy valószínűleg egy új PRRSV variáns jelent meg az Lineage 1C -n belül, mivel körülbelül 2018 óta nem találtak őst. Ezenkívül nagyon hasonló **sub-clade** szerkezeteket találtak ehhez a genetikai klaszterhez mind az orf5, mind a teljes genomfákban. Ez arra enged következtetni, hogy legalábbis az újonnan felbukkanó, a történelmi Lineage 1C PRRS szekvenciáktól eltérő változat esetében az orf5 és a teljes genom értelmezése változatlan marad minden esetszekvencia tekintetében, amelyek saját külön **clade-jukat** és annak alstruktúráit megőrzik.

Fontos azonban kiemelni, hogy ez az elemzés az MSHMP-ban részt vevő rendszerektől kapott szekvenciaadatokon alapul, és hogy nem MSHMP termelési rendszerek is előfordulhatnak ilyen esetek. Így, bár reprezentatív az amerikai sertésállományra, az érintett területek száma valószínűleg magasabb. Míg úgy tűnik, az USA középnyugati része volt az egyetlen súlyosan érintett régió ezzel a PRRSV változattal a cikk írásakor, az a tény, hogy a tavaszi átvitel és az esetek száma meghaladta a télen megfigyelt eseteket, aggodalomra ad okot a következő magas átvitelű PRRS szezonra vonatkozóan.

Minnesotai Egyetem

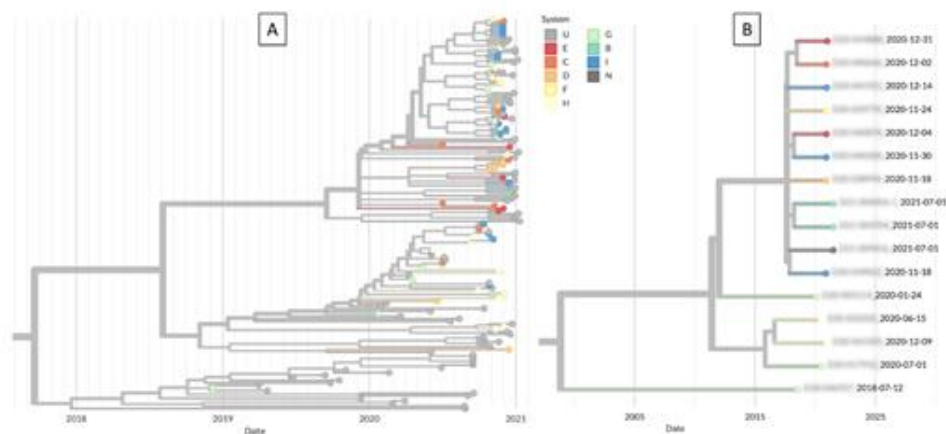


Figure 2. Phylogenetic tree showing sequences belonging to this outbreak colored by production systems using orf5 (A) and whole genome (B).

Forrás: <https://www.nationalhogfarmer.com/news/emergent-lineage-1c-rflp-1-4-4-prrs-virus-us>