

Mgr. Romana
Moutelíková,
Ph.D.
vědecká
pracovnice

Nové genotypy prasečích rotavirů A vyskytující se v chovech prasat v letech 2021–2023

R. MOUTELÍKOVÁ,¹ L. CZANDERLOVÁ,² B. ŠIMEK,³ J. PRODĚLALOVÁ

¹Výzkumný ústav veterinárního lékařství, v. v. i., Brno

²Sevaron Poradenství, s. r. o., Kuřim

³Státní veterinární ústav Jihlava

SOUHRN

Moutelíková R., Czanderlová L., Šimek B., Prodělalová J. **Nové genotypy prasečích rotavirů A vyskytující se v chovech prasat v letech 2021–2023.** Veterinářství 2024;3(74):168–172.

Prasečí rotaviry A (RVA) jsou známé svou složitou epidemiologií, patogenitou a velkou genetickou diverzitou. Z veterinárního hlediska představují RVA jednu z nejvýznamnějších příčin akutního průjmu postihující většinou mladá zvířata. Kromě prvních dnů života jsou selata ohrožována rotavirovou infekcí v období odstavu. Podrobná charakterizace rotavirů přináší cenné informace o přítomnosti nových genetických variant, které mohou uniknout stádní imunitě proti používanému vakcinačnímu kmenu, jak bylo pozorované v případě lidských RVA vakcín. V naší studii bylo vyšetřeno celkem 94 vzorků od sajících či odstavených selat, z nichž bylo 80,9 % vzorků pozitivních alespoň na jeden ze tří nejběžnějších prasečích rotavirů. Nejčastější RVA byl detekovaný v 72,3 % všech vyšetřených vzorků. Sekvenční analýza genů pro povrchové proteiny prokázala jako nejčastější VP7 genotypy G9 u 46,7 % a G4 u 17,8 % typizovaných vzorků. Další zjištěné genotypy byly G5, G11, G3, G6, G2 a G26. Převládající genotyp VP4 byl P[13] v 48 % a P[6] v 26 % úspěšně typizovaných vzorků. Dalšími méně častými VP4 genotypy byly P[7], P[23], P[26], P[32], P[11] a P[27].

Klíčová slova: RVA, genotypy, sekvenace, VP7, VP4

SUMMARY

Moutelíková R., Czanderlová L., Šimek B., Prodělalová J. **New porcine rotavirus A genotypes occurring on pig farms in 2021–2023.** Veterinářství 2024;3(74):168–172.

Porcine rotaviruses A (RVA) are known for their complex epidemiology, pathogenicity and great genetic diversity. From a veterinary point of view, RVA represents one of the most important causes of acute diarrhoea of young animals. Apart from the first days of life, piglets are at great risk of rotaviruses infection during the weaning period. Detailed characterization of rotaviruses provides valuable information on the presence of new genetic variants that may escape vaccine-induced herd immunity, as observed in the case of the human RVA vaccines. In our study, a total of 94 samples from sucking or weaned piglets were examined, of which 80.9% were positive for at least one of the three most common porcine rotaviruses. The most common RVA was detected in 72.3% of all examined samples. Sequencing analysis of genes coding two outer viral proteins showed that the most common VP7 genotype was G9 in 46.7% and G4 in 17.8% of the typed samples. Other genotypes detected were G5, G11, G3, G6, G2, and G26. The predominant VP4 genotype was P[13] in 48% and P[6] in 26% of successfully typed samples. Other less frequent VP4 genotypes were P[7], P[23], P[26], P[32], P[11], and P[27].

Klíčová slova: RVA, genotypes, sequencing, VP7, VP4

Úvod

Rotaviry (RV) jsou neobalené dvouvláknové RNA viry patřící do rodu *Rotavirus* v čeledi *Sedoreoviridae*. Genom RV je velký přibližně 18 500 bp a skládá se z 11 segmentů dsRNA

kódujících šest strukturních proteinů (VP1–VP4, VP6 a VP7) a pět nestrukturních proteinů (NSP1–NSP5/6). Na základě nukleotidové sekvence genu pro VP6 protein tvořící střední vrstvu kapsidy jsou rotaviry zařazovány do druhů (skupin).

VETfair 2024

**22. ročník mezinárodní veterinární výstavy
12.–13. dubna 2024, KC ALDIS, a.s., Hradec Králové**

OČEKÁVÁME OPĚT VÍCE NEŽ 90 VYSTAVOVATELŮ! VSTUP NA VÝSTAVU ZDARMA!

ODBORNÝ PROGRAM VETFAIR 2024 – HLAVNÍ SEMINÁŘE PRAXE MALÝCH ZVÍŘAT

ENDOKRINOLOGIE II. PROF. IAN RAMSEY



Hlavním dvoudenním přednášejícím bude **Prof. Ian Ramsey** a naváže na témata z endokrinologie, která u nás prezentoval v roce 2018. Interaktivně vedený program doplní to, co nebylo obsaženo jeho minulým vystoupením a dále novinky z endokrinologie za uplynulých 6 let. V **pátek 12. dubna** odpoledne s ním zajistíme **interaktivní setkání pro pokročilejší** v otázkách diagnostiky a léčby a v **sobotu 13. dubna** Prof. Ian Ramsey odprezentuje **celodenní endokrinologický seminář**.

Prof. Ian Ramsey, BVSc PhD DSAM DipECVIM-CA FHEA FRCVS (University of Glasgow, UK)
Profesor Ian Ramsey vystudoval University of Liverpool a doktorát získal na University of Glasgow.

Patří vzhledem ke své odborné erudici a také atraktivnímu projevu mezi nejžádanější světové spíky v oborech interní medicíny. Od roku 2009 je profesorem na Veterinární fakultě Univerzity v Glasgow a britským (RCVS) i evropským diplomatem v oboru medicíny malých zvířat z University of Cambridge. V roce 2015 získal cenu BSAVA Woodrow Award za přínos v medicíně malých zvířat, od roku 2016 je členem Royal College of Veterinary Surgeons a čestným tajemníkem BSAVA. V letech 2020 až 2021 působil jako prezident BSAVA.



UZÁVĚRKA REGISTRACE PŘIHLÁŠEK SEMINÁŘŮ PRO MALOU PRAXI: 31. března 2024

SEMINÁŘE ODBORNÉHO PROGRAMU VÝSTAVY VETFAIR 2024

Pátek 12. dubna 2024

- **Endokrinologie II. interaktivně pro pokročilejší** – Malý sál, 1. patro (Prof. Ian Ramsey)
- **Základy stomatologie a rentgenologie hlavy u koní** – Jednací sál v přízemí (seminář ČHS)
- **Průjmová onemocnění sajících selat** – Eliščin sál v přízemí (68. seminář CPVS)
- **Rentgenologické a CT vyšetření hlavy drobných savců** – Přednáškový sál, 2. patro (Vladimír Jekl a Karel Hauptman)
- **Zdravotní problematika drůbeže** – Salonek za barem, přízemí (seminář ČAAM)
- **Workshop endoskopie u otitid** – Studio, 2. patro (Tomáš Hanzálek a ČAVD)



Sobota 13. dubna 2024

- **Endokrinologie II.** – celodenní seminář s Prof. Ianem Ramseyem
- **Onemocnění uší od A do Z** – celodenní seminář ČAVD
- **Zdravotní problematika ovcí a koz** – Jednací sál v přízemí (seminář ČBS)
- **Kompetence a komunikace fyzioterapeut versus veterinární sestra, veterinární lékař** – celodenní seminář pro střední personál i lékaře (Aleš Tomek a ASFR ČR)
- **Rohovkové defekty pod mikroskopem – základy mikroskopické chirurgie rohovky** – oftalmologický seminář s workshopem (Adolfo Guandalini, Jiří Beránek)



SPOLEČENSKÝ VEČER S RAUTEM v režii pořadatele (pátek 12. 4., sály v přízemí, hraje **NIRVANA Czech Tribute Band**). **VSTUP NA RECEPCI OPĚT ZDARMA**

Mediální partner **VETfair 2024**
PP veterinářství veterinární klinika

Kontakty a informace k VETfair 2024: www.prion.cz, 603 451 150.

V současné době je známo devět druhů rotavirů (označených písmeny abecedy A-D, F-J).¹ Další virové proteiny ve svrchní vrstvě kapsidy (VP7 a VP4) nezávisle indukují tvorbu neutralizačních a ochranných protilátek, proto mají z hlediska charakterizace rotavirů zásadní význam. Na základě sekvence genů pro tyto dva strukturní proteiny byl vytvořen binární klasifikační systém zařazující rotaviry do G-genotypů (podle sekvence genu pro VP7) a P-genotypů (podle VP4).² Genotypizace rotavirů není v rámci běžné veterinární diagnostiky prováděna, nicméně podrobnější charakterizace rotavirů umožňuje sledovat zastoupení jednotlivých genotypů rotavirů v populaci a změny v jejich poměrech ať už na základě introdukce nových kmenů či následkem vakcinace.

U prasat byly doposud prokázány rotaviry skupin A, B, C a H; všechny tyto druhy rotavirů mohou způsobit u prasat průjemy. *Rotavirus B* (RVB) bývá častěji prokázován u starších zvířat a jeho ekonomický a klinický význam je menší. V současné době s rozvojem moderních molekulárně-biologických diagnostických metod je stále častěji detekován *Rotavirus C* (RVC), který v některých studiích bývá uváděn jako hlavní jediná příčina neonatálních průjmů selat.³

Rotavirus H byl ojediněle detekován u lidí, prasat a netopýřů, nicméně poznatky o jeho patogenitě jsou doposud nedostatečné.⁴

Klinicky nejvýznamnějším z rotavirů v chovech prasat stále zůstává *Rotavirus A* (RVA). Některé jeho genotypy jsou typické pro prasata (např. G4, G9 a G11 v různých kombinacích s P6, P7, P13 a P23), jiné genotypy se vyskytují často i u dalších živočišných druhů (G3 a G5 také u skotu či koní).⁵ RVA primárně postihuje selata, což vede k těžkým průjmům a dehydrataci s následnou vysokou úmrtností. Kromě prvních dnů života selat je dalším kritickým obdobím z hlediska RV infekcí období odstavu. Virus se rychle šíří mezi vnímavými zvířaty, způsobuje výrazné ekonomické ztráty a ovlivňuje celkové zdraví stáda. Ke konci roku 2022 bylo v ČR chováno téměř 1,33 milionu prasat, z toho bylo přes 77 000 prasnic s 29,2 kusu odchovaných selat na jednu prasnici za rok (údaje za rok 2022).⁶ Ekonomické ztráty způsobené neonatálními průjmy prasat jsou poměrně zásadní (v případě 10% mortality byly vyčísleny na 134 EUR/prasnici/rok)⁷, tudíž téma rotavirových infekcí zůstává stále aktuální.

Eradikace RV ze stád prasat není v praxi dosažitelná, proto se chovatelé zaměřují především na minimalizaci vlivu RV infekcí na produkci snížením výskytu průjmů a úmrtnosti. U prasat během březosti nedochází k intrauterinnímu průchodu protilátek, proto jsou novorozená selata vysoce citlivá vůči RV infekci. V současnosti je jediným způsobem ochrany selat proti RV infekci posílení laktogenní imunity u prasnic pomocí vakcín a přirozené plánované expozice (tzv. feedback).⁸

Vakcíny proti RVA jsou dostupné jak pro lidi, tak pro zvířata. Kromě vakcín k imunizaci březích prasnic jsou komerčně dostupné i obdobné vakcíny pro skot či koně.^{9,10} Vakcinace spolu s náležitými opatřeními biosekurity může významně snížit dopad prasečího rotaviru, zlepšit zdraví a welfare selat

a také celkovou produktivitu chovu. V českých chovech prasat je téměř výlučně používána inaktivovaná vakcína proti rotavirovým a enterálním kolinfekcím určená k aktivní imunizaci březích prasnic a prasniček. Následně vytvořená protektivní kolostrální a laktogenní imunita vede k ochraně selat před infekcí po dobu jejich sání od vakcinované matky.

Tato vakcína obsahuje jeden inaktivovaný kmen prasečího RVA (OSU), který je adaptovaný k růstu na buněčných liniích, byl izolován v USA v roce 1975 a geny pro jeho hlavní povrchové antigeny jsou zařazeny do genotypů G5P[7].¹¹

Cílem probíhajícího projektu je mimo jiné zjistit aktuální epidemiologickou situaci v chovech prasat z hlediska infekce rotaviry a vyhodnotit vyskytující se RVA genotypy.

Materiál

V průběhu studie bylo vyšetřeno celkem 94 vzorků trusu prasete domácího (*Sus scrofa f. domestica*) různých věkových kategorií odebraných v průběhu druhé poloviny roku 2023. Většina vzorků pocházela od zvířat bez příznaků gastrointestinálního onemocnění. Dále byly vyšetřovány archivované vzorky rotavirové RNA poskytnuté SVÚ Jihlava, které pocházely z RVA-pozitivních trusů prasat odebraných v průběhu let 2021–2022. Vzorky byly odebírány jak od zvířat bez příznaku klinického onemocnění v rámci preventivního screeningu, tak od kusů s příznaky onemocnění GIT. Genotyp jednoho či obou genů pro povrchové antigeny byl u těchto archivních vzorků úspěšně zjištěn v 62 případech.

Metody

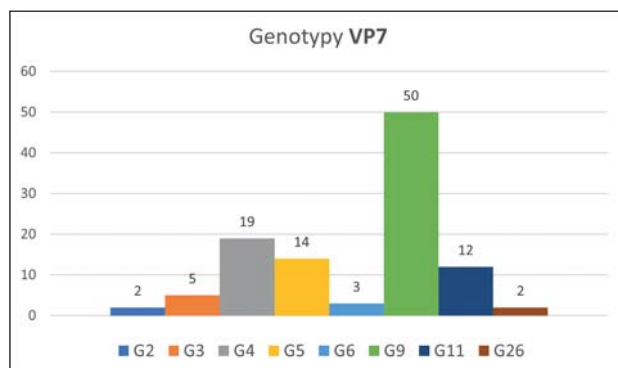
Vyšetřované vzorky trusu byly po dodání do laboratoře zpracovány podle dříve popsání metodiky.¹² Z připravené komplementární DNA (cDNA) byly za použití PCR v reálném čase s hydrolyzační sondou (qPCR) detekovány genomy RVA (vlastní modifikace)¹³, RVB a RVC.³ Dříve publikované primery a sonda pro detekci humánních kmenů RVA byly modifikovány pro použití k detekci porcinních genotypů podle sekvencí uložených v databázi GenBank. U vybraných pozitivních vzorků byl amplifikován celý úsek genu kódujícího povrchový antigen VP7 a variabilní část genu kódujícího VP4 podle dříve publikovaných postupů.^{14,15} Tyto PCR produkty byly sekvenovány (Eurofins Genomics, Německo) a sekvence byly analyzovány v programu Blast, který dané sekvence porovnává s ostatními RVA sekvencemi uloženými v GenBank. Na základě nukleotidové podobnosti sekvencí byl určen genotyp VP7 (G-typ) a VP4 (P-typ).

Výsledky

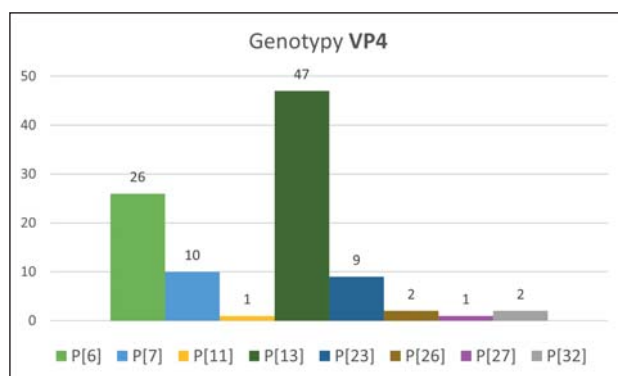
Vzorky vyšetřené v průběhu druhé poloviny roku 2023 bylo možné rozdělit podle věkových kategorií (viz tabul-

ka 1). Přes 60 % vzorků ($n = 58$) pocházelo od sajících selat, zbytek vzorků byl odebrán od selat po odstavení. Nejčastěji byl zjištěn rotavirus A, který se buď sám či v koinfekci s dalšími druhy RV vyskytoval u 72,3 % všech vyšetřených vzorků a u 89,5 % všech vzorků pozitivních na rotavirus. V kategorii selat po odstavení byla detekována vysoká míra koinfekcí rotavirů – 88,9 % z pozitivních vzorků. Rotaviry B a C byly častěji detekovány v kombinaci s dalšími RV, pouze u sedmi vzorků byla zjištěna infekce jen jedním z těchto rotavirů. V kategorii sajících selat byl u 69 % vyšetřených vzorků zjištěn alespoň jeden ze tří sledovaných rotavirů. U starších selat po odstavu bylo 100 % vzorků pozitivních na RV, které se v této věkové kategorii vyskytovaly většinou v koinfekci (88,9 % vzorků obsahovalo dva či tři druhy rotavirů).

Vzorky odebrané v letech 2021–2022, u kterých byly zjišťovány genotypy, nebylo možné zpětně zařadit do věkových kategorií. G-typ bylo možné určit celkem u 107 vzorků a P-typ u 98 vzorků odebraných v letech 2021 až 2023, z toho u 94 vzorků byla genotypizace úspěšně provedena u obou genů pro povrchové antigeny. Nejčastěji byly zjištěny RVA s genotypy G9P[13] ($n = 23$) a G4P[13] ($n = 11$). Celkový přehled zastoupení jednotlivých genotypů VP7 (G-typ) zjištěných u vzorků v uplynulých třech letech je uveden v grafu na obr. 1. Téměř polovina z typizovaných vzorků RVA nesla VP7 genotyp G9 (46,7 %), dále byly relativně často detekovány G4 (17,8 %), G5 (13,1 %) a G11 (11,2 %). Ostatní genotypy byly detekovány jen sporadicky. Nejčastějším genotypem VP4 (P-typ) byl P[13], který byl zjištěn v 47 přípa-



Obr. 1 – Zastoupení G-typů rotaviru A v trusu prasat v letech 2021–2023



Obr. 2 – Zastoupení P-typů rotaviru A

Rotaviry v různých věkových kategoriích zjištěné v průběhu období červenec–prosinec 2023

	Sající sele	Po odstavu	Celkem
RVA+	16	0	16
RVB+	3	2	5
RVC+	0	2	2
RVA+B+C+	3	17	20
RVA+B+	10	14	24
RVA+C+	8	0	8
RVB+C+	0	1	1
Negativní	18	0	18
Celkem	58	36	94

dech (48 %), a P[6] (26 %). Celkový výskyt genotypů VP4 (P-typ) je graficky znázorněn na obr. 2.

Diskuse

Průjmy spojené s infekcemi RVA, RVB a RVC u prasat jsou důležitou příčinou zvýšené mortality, zhoršení růstu a ekonomických ztrát. Průjem je multifaktoriální a multietiotologické onemocnění a u selat vzniká především důsledkem kombinace špatné ochrany mateřskými protilátkami a vysokým infekčním tlakem enterálních patogenů. Ve většině zemí s produkcí vepřového masa bývají RV uváděny na čelních místech mezi původci průjmu sajících i odstavených selat.¹⁶ V našem souboru 94 vzorků trusu z r. 2023 bylo 80,9 % ($n=76$) pozitivních na jeden či více druhů RV. Podobně v sousedním Německu bylo 61,2 % testovaných vzorků prasat pozitivních na některý z rotavirů A, B či C.¹⁷ Ve studii prováděné ve Švýcarsku bylo v souboru 95 vzorků (z toho 69 vzorků od prasat s průměrem) 89 % pozitivních alespoň na jeden z testovaných RV.¹⁸ Shodně s našimi výsledky, Baumann a kol. zjistili, že infekce pouze RVA se vyskytovala jen u sajících selat. Po odstavu přibývalo směsných infekcí více druhů rotavirů. V naší studii bylo téměř 90 % vzorků odstavených selat pozitivních na více druhů rotavirů, kdežto u sajících selat to bylo pouhých 36,2 % vzorků. RVC byl detekován častěji ve skupině selat po odstavu (57,1 % vzorků pozitivních na RVC) než u sajících selat (19 % vzorků RVC-pozitivních), což je ve shodě se studií švýcarských autorů.¹⁸ Oproti tomu v USA či Německu byl RVC detekován nejčastěji ve vzorcích novorozenech selat (1–3 dny) a poté u selat po odstavu.^{3,17}

V nedávné době byly publikovány výsledky výzkumu genotypů RVA u prasat v některých evropských zemích. V Německu byly stejně jako v naší studii nejčastěji detekovány genotypy G9, G4, G5 a G11.¹⁹ Stejně zastoupení G-typů bylo zjištěno i u vzorků trusu či tenkého střeva v práci švýcarských autorů a ve Španělsku, kde byl G9 nejčastěji zjištěným genotypem u novorozenech selat s průjemovým onemocněním.^{18,20} Oproti tomu v sousedním Slovensku byly u prasat zjištěny pouze čtyři VP7 genotypy – G4, G5, G11 a G3. Genotyp G9 nebyl vůbec zjištěn, což by mohlo být způsobeno nižším počtem charakterizovaných vzorků ($n = 21$) a také tím, že soubor

charakterizovaných vzorků byl již starší (2014–2017).²¹ Prevalence jednotlivých genotypů RVA je proměnlivá v čase, může docházet k introdukci nových kmenů vzniklých ať už přeskupením segmentů a rekombinací či díky evoluci vyplývající ze selekčních tlaků pocházejících z prostředí a hostitelských organismů.²² V dříve publikované práci byly mezi nejčastějšími RVA genotypy v českých chovech prasat zastoupeny G5 a G4 především v kombinaci s genotypem P[6].²³ Podobně byl zjištěn v Jižní Koreji posun od dříve převažujícího genotypu G5 (64,3 % všech RVA-pozitivních vzorků) k nyní častějším genotypům G9 a G4 (každý 39,6 % všech pozitivních vzorků).²⁴ V případě lidských kmenů RVA byl prokázán posun v prevalenci detekovaných genotypů po zavedení vakcinace, kdy nejběžnější genotyp G1P[8] obsažený ve vakcíně Rotarix byl postupně vytlačen a nahrazen například genotypy G9P[8] či G3P[8].²⁵ Tuto tendenci je možné pozorovat i v českých chovech prasat, kde sledujeme postupné ubývání genotypu G5 (vakcinační kmen) a průběžný nárůst počtu vzorků s genotypem G9.

Závěr

V souvislosti s rostoucí globalizací, která zasahuje i obchod se zvířaty a masem, je nezbytné sledovat a průběžně aktualizovat epidemiologické údaje z chovů užitkových zvířat. Epidemiologie prasečích rotavirů je velmi složitá a vysoce dynamická, což potvrzují objevy nových prasečích RV druhů stejně jako průkazy vysoké prevalence a genetické diverzity rotavirů. Sekvenční analýzy zjištěných rotavirů umožňují ověřit účinnost a kompletnost používaných diagnostických metod. Genotypizace RVA také přináší cenné informace o přítomnosti kmenů rotavirů, které díky větší odlišnosti od vakcinačního kmene mohou unikat ochrannému působení vytvořených neutralizačních protilátek.

Poděkování

Práce vznikla s finanční podporou z projektu NaCeBiVet Technologické agentury ČR (č. TN02000017) a DKRVO RO0523.

Literatura:

- Genus Rotavirus – ICTV (online cit. 9. 1. 2024) <https://ictv.global/report/chapter/sedoreoviridae/sedoreoviridae/rotavirus>
- MATTHIJNSSENS, J., CIARLET, M., MCDONALD, S. M. et al. Uniformity of rotavirus strain nomenclature proposed by the Rotavirus Classification Working Group (RCWG). *Arch Virol* 2011;156:1397–1413.
- MARTHALER, D., HOMWONG, N., ROSSOW, K. et al. Rapid detection and high occurrence of porcine rotavirus A, B, and C by RT-qPCR in diagnostic samples. *J Virol Methods* 2014;209:30–34.
- YINDA, C. K., GHOGOMU, S. M., CONCEIÇÃO-NETO, N. et al. Cameroonian fruit bats harbor divergent viruses, including rotavirus H, bastroviruses, and picobirnaviruses using an alternative genetic code. *Virus Evol* 2018;30(4):008.
- DÍAZ ALARCÓN, R. G., LIOTTA, D. J., MIÑO, S. Zoonotic RVA: State of the Art and Distribution in the Animal World. *Viruses* 2022;14:2554.
- Český statistický úřad (online cit. 9. 1. 2024) <https://www.czso.cz/csu/czso/stavy-skotu-loni-vzrostly-ubylo-ale-prasat-i-druheze>
- SJÖLUND, M., ZORIC, M., WALLGREN, P. Financial impact of disease on pig production: Part III. Gastrointestinal disorders; Proceedings of the 6th European Symposium of Porcine Health Management; Sorrento, Italy. 8 May 2014; p. 189.
- KUMAR, D., SHEPHERD, F. K., SPRINGER, N. L., MWANGI, W., MARTHALER, D. G. Rotavirus Infection in Swine: Genotypic Diversity, Immune Responses, and Role of Gut Microbiome in Rotavirus Immunity. *Pathogens* 2022;11(10):1078.
- KAPLON, J., FREMY, C., BERNARD, S. et al. Impact of rotavirus vaccine on rotavirus genotypes and caliciviruses circulating in French cattle. *Vaccine* 2013;May 7;31(20):2433–40.
- NEMOTO, M., MATSUMURA, T. Equine rotavirus infection. *J Equine Sci* 2021;32(1):1–9.
- Bohl, E. H., Theil, K. W., Saif, L. J. Isolation and serotyping of porcine rotaviruses and antigenic comparison with other rotaviruses. *J Clin Microbiol* 1984;19(2):105–11.
- MOUTELÍKOVÁ, R., DVOŘÁKOVÁ HEROLDOVÁ, M., HOLÁ, V., SAUER, P., PRODĚLALOVÁ, J. Human rotavirus A detection: Comparison of enzymatic immunoassay and rapid chromatographic test with two quantitative RT-PCR assays. *Epidemiol Mikrobiol Imunol* 2018;67(3):110–113.
- JOTHIKUMAR, N., KANG, G., HILL, V. R. Broadly reactive TaqMan assay for real-time RT-PCR detection of rotavirus in clinical and environmental samples. *J Virol Methods* 2009;155(2):126–31.
- FUJII, Y., SHIMOIKE, T., TAKAGI, H. et al. Amplification of all 11 RNA segments of group A rotaviruses based on reverse transcription polymerase chain reaction. *Microbiol Immunol* 2012;56(9):630–8.
- GENTSCH, J. R., GLASS, R. I., WOODS, P. et al. Identification of group A rotavirus gene 4 types by polymerase chain reaction. *J Clin Microbiol* 1992;30(6):1365–73.
- VLASOVA, A. N., AMIMO, J. O., SAIF, L. J. Porcine rotaviruses: Epidemiology, immune responses and control strategies. *Viruses* 2017;9:48.
- OTTO, P. H., ROSENHAIN, S., ELSCHNER, M. C. et al. Detection of rotavirus species A, B and C in domestic mammalian animals with diarrhoea and genotyping of bovine species A rotavirus strains. *Vet Microbiol* 2015;179:168–176.
- BAUMANN, S., SYDLER, T., ROSATO, G. et al. Frequent occurrence of simultaneous infection with multiple rotaviruses in Swiss pigs. *Viruses* 2022;14:1117.
- WENKE, O., RÜCKNER, A., PIEHLER, D., SCHWARZ, B.-A., VAHLENKAMP, T. W. Epidemiological analysis of porcine rotavirus A genotypes in Germany. *Vet Microbiol* 2018;214:93–98.
- VIDAL, A., CLILVERD, H., CORTEY, M. et al. Full-genome characterization by deep sequencing of rotavirus A isolates from outbreaks of neonatal diarrhoea in pigs in Spain. *Vet Microbiol* 2018;227:12–19.
- SALAMUNOVA, S., JACKOVA, A., CSANK, T. et al. Genetic variability of pig and human rotavirus group A isolates from Slovakia. *Arch Virol* 2020;165(2):463–470.
- TONIETTI, P. O., HORA, A. S., SILVA, F. D., RUIZ, V. L., GREGORI, F. Phylogenetic analyses of the VP4 and VP7 genes of porcine group A rotaviruses in Sao Paulo State, Brazil: first identification of G5P[23] in piglets. *J Clin Microbiol* 2013;51(8):2750–3.
- MOUTELÍKOVÁ, R., BLAHOVÁ, A., ŘEZANINA, M., PRODĚLALOVÁ, J. Aktuální epidemiologická situace a potenciální rizika zoonotického přenosu rotaviru A. *Veterinářství* 2019;3:169–172.
- PARK, G.-N., KIM, D. I., CHOE, S. et al. Genetic Diversity of Porcine Group A Rotavirus Strains from Pigs in South Korea. *Viruses* 2022;14(11):2522.
- BONURA, F., MANGIARACINA, L., FILIZZOLO, C. et al. Impact of Vaccination on Rotavirus Genotype Diversity: A Nearly Two-Decade-Long Epidemiological Study before and after Rotavirus Vaccine Introduction in Sicily, Italy. *Pathogens* 2022;11:424.

Adresa autorky:

Mgr. Romana Moutelíková, Ph.D.

Výzkumný ústav veterinárního lékařství, v. v. i.

Hudcova 70

621 00 Brno

e-mail: romana.moutelikova@vri.cz