

Rotaviry v českých chovech prasat a jejich zoonotický potenciál

Romana Moutelíková

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



VU VeL



ROTAVIRUS

- neobalený RNA virus, čeleď *Sedoreoviridae*
 - nejméně 11 skupin/druhů – RVA-RVD, RVF-RVL (RVE vyřazen r. 2019)



VUVeL



ROTAVIRUS

- neobalený RNA virus, čeleď *Sedoreoviridae*
 - nejméně 11 skupin/druhů – RVA-RVD, RVF-RVL (RVE vyřazen r. 2019)
- lidi a prasata: **RVA, RVB, RVC, RVH**
 - pouze u ptáků: RVD, RVF a RVG
 - rejsek obecný: RVK, RVL



VU VeL



ROTAVIRUS

- neobalený RNA virus, čeleď *Sedoreoviridae*
 - nejméně 11 skupin/druhů – RVA-RVD, RVF-RVL (RVE vyřazen r. 2019)
- lidi a prasata: **RVA, RVB, RVC, RVH**
 - pouze u ptáků: RVD, RVF a RVG
 - rejsek obecný: RVK, RVL
- nejlépe prostudované RVA – více než 200 000 úmrtí/rok u dětí < 5 let
(USA ~ 20/rok u dětí < 5 let)



VU VeL



- neobalený virus → rezistence vůči běžným desinfekcím
(účinné - chlor, ethanol 60–80 %, jód, aldehydy)



VU VeL



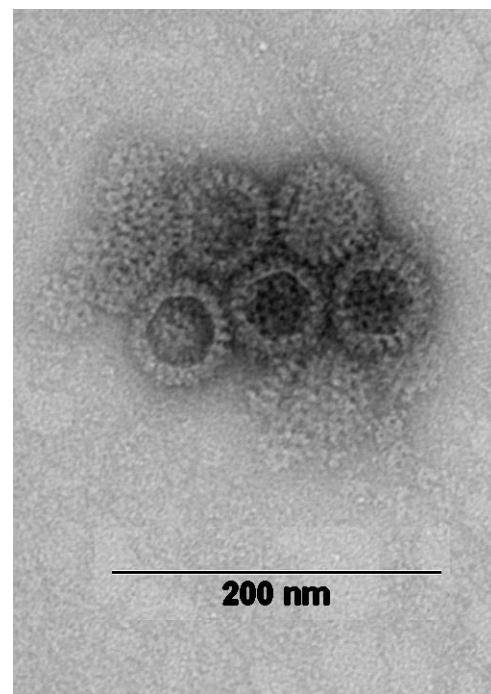
- neobalený virus → rezistence vůči běžným desinfekcím
(účinné - chlor, ethanol 60–80 %, jód, aldehydy)
- stabilní při pH 3-9; v prostředí zůstává **infekční až 9 měsíců** při RT



VUVeL



- neobalený virus → rezistence vůči běžným desinfekcím (účinné - chlor, ethanol 60–80 %, jód, aldehydy)
- stabilní při pH 3-9; v prostředí zůstává **infekční až 9 měsíců** při RT
- infekční RVA viriony byly v prasečích výkalech prokázány po **32** měsících při **10°C**



Negativně barvený preparát rotaviru v transmisním elektronovém mikroskopu (obrázek MVDr. Pavel Kulich, Ph.D., VÚVeL)



VÚVeL

ROTAVIRUS

❖ genom rotavirů – dsRNA, 11 segmentů, většina kóduje jeden protein



VU VeL



ROTAVIRUS

- ❖ genom rotavirů – dsRNA, 11 segmentů, většina kóduje jeden protein
- ❖ hlavní neutralizační antigeny **VP7** (G – genotypy) a **VP4** (P – genotypy), skupinový antigen **VP6** (I – genotypy)

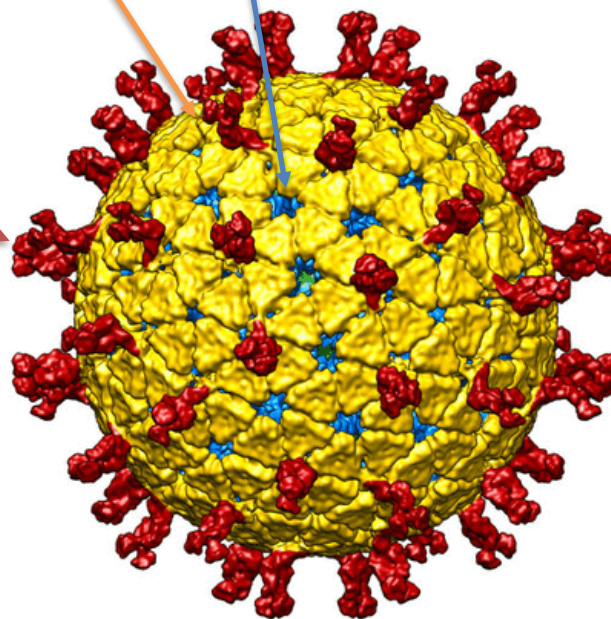


VUVeL



ROTAVIRUS

- ❖ genom rotavirů – dsRNA, 11 segmentů, většina kóduje jeden protein
- ❖ hlavní neutralizační antigeny **VP7** (G – genotypy) a **VP4** (P – genotypy), skupinový antigen **VP6** (I – genotypy)



VUVeL



Genotypizace rotavirů

- ideálně popis celého genomu (produktů všech 11 segmentů dsRNA)

VP7-VP4-VP6-VP1-VP2-VP3-NSP1-NSP2-NSP3-NSP4-NSP5/6

G1 P[8] I1 R1 C1 M1 A1 N1 T1 E1 H1 (Wa-like)

G2 P[4] I2 R2 C2 M2 A2 N2 T2 E2 H2 (DS-1-like)

G3 P[9] I3 R3 C3 M3 A3 N3 T3 E3 H3 (AU-like)



VU VeL



Genotypizace rotavirů

- ideálně popis celého genomu (produktů všech 11 segmentů dsRNA)

VP7-VP4-VP6-VP1-VP2-VP3-NSP1-NSP2-NSP3-NSP4-NSP5/6

G1 P[8] I1 R1 C1 M1 A1 N1 T1 E1 H1 (Wa-like)

G2 P[4] I2 R2 C2 M2 A2 N2 T2 E2 H2 (DS-1-like)

G3 P[9] I3 R3 C3 M3 A3 N3 T3 E3 H3 (AU-like)

>42 >58 >32 >28 >24 >24 >39 >28 >28 >32 >28 u lidí + zvířat



VU VeL



Genotypizace rotavirů

- ideálně popis celého genomu (produktů všech 11 segmentů dsRNA)

VP7-VP4-VP6-VP1-VP2-VP3-NSP1-NSP2-NSP3-NSP4-NSP5/6

G1 P[8] I1 R1 C1 M1 A1 N1 T1 E1 H1 (Wa-like)

G2 P[4] I2 R2 C2 M2 A2 N2 T2 E2 H2 (DS-1-like)

G3 P[9] I3 R3 C3 M3 A3 N3 T3 E3 H3 (AU-like)

>42 >58 >32 >28 >24 >24 >39 >28 >28 >32 >28 u lidí + zvířat

- system umožní analyzovat mezidruhové evoluční vztahy RV

lidské RVA (Wa-like) x prasečí RVA



společný původ

lidské RVA (DS-1-like) x bovinní RVA



společný původ



VUVeL



Zdroje genetické diverzity rotavirů

- ✓ mutace, rekombinace, **reassortment**



VU VeL



Zdroje genetické diverzity rotavirů

- ✓ mutace, rekombinace, **reasortment**
- ✓ 11 segmentů dsRNA → možnost přeskupení (reasortmentu) při infekci buňky 2 či více různými kmeny RV → vysoká variabilita kmenů + mezidruhový přenos

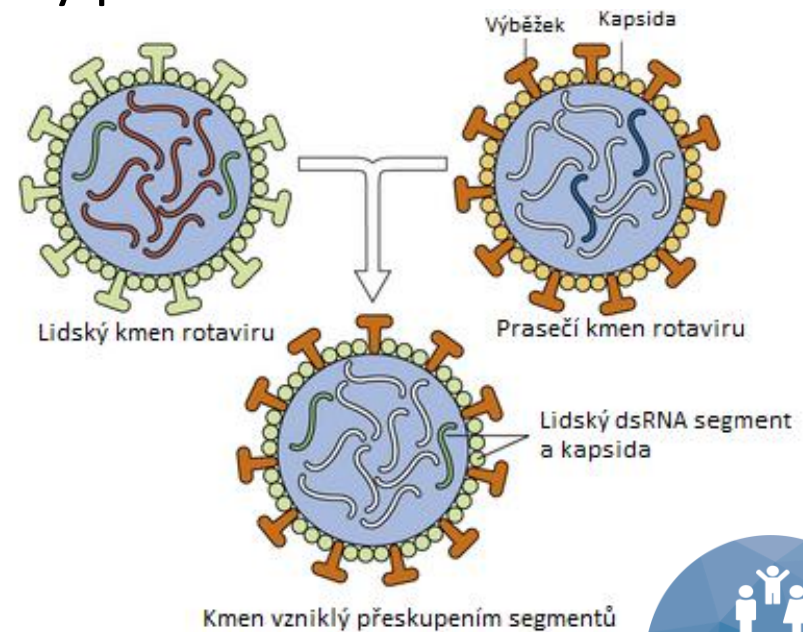


VUVeL



Zdroje genetické diverzity rotavirů

- ✓ mutace, rekombinace, **reassortment**
- ✓ 11 segmentů dsRNA → možnost přeskupení (reassortmentu) při infekci buňky 2 či více různými kmeny RV → vysoká variabilita kmenů + mezidruhový přenos

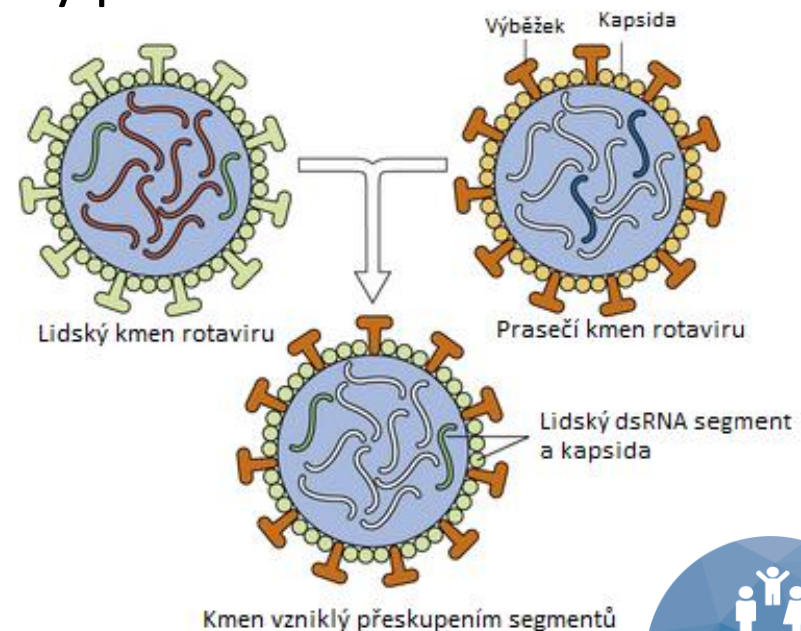


VU VeL



Zdroje genetické diverzity rotavirů

- ✓ mutace, rekombinace, **reassortment**
- ✓ 11 segmentů dsRNA → možnost přeskupení (reassortmentu) při infekci buňky 2 či více různými kmeny RV → vysoká variabilita kmenů + mezidruhový přenos
- ✓ běžné u všech virů se segmentovaným genomem (RV, viry chřipky, hantaviry a další bunyaviry způsobující hemoragické horečky)



VUVeL



Zoonotický potenciál rotavirů

- **G3P[9]** – 99% podobnost (nt) s kmenem **RVA/Cat-wt/ITA/BA222/2005/G3P[9]**
 - původ – několikanásobné přeskupení segmentů mezi kočičími, psími a lidskými rotaviry



VU VeL



Zoonotický potenciál rotavirů

- **G3P[9]** – 99% podobnost (nt) s kmenem **RVA/Cat-wt/ITA/BA222/2005/G3P[9]**
 - původ – několikanásobné přeskupení segmentů mezi kočičími, psími a lidskými rotaviry



- **G3P[8]** – podobnost s VP7 segmentem koní
 - původem z východní Asie



VUVeL



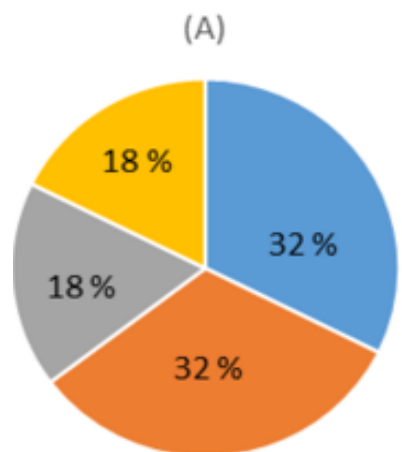
- **G9** – u lidí celosvětově jeden z nejčastějších genotypů (30-60 % RVA+ vzorků), do 90. let detekován výjimečně
 - díky sekvenování určen způsob introdukce G9 mezi lidské pacienty – mezidruhový přenos z prasat



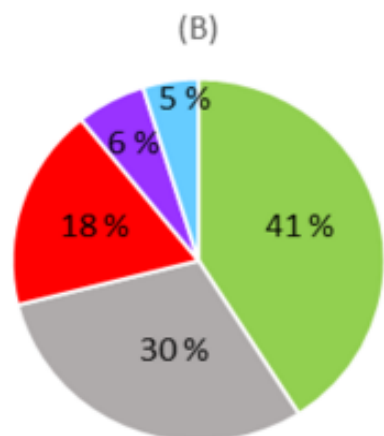
VUVeL



- **G9** – u lidí celosvětově jeden z nejčastějších genotypů (30-60 % RVA+ vzorků), do 90. let detekován výjimečně
 - díky sekvenování určen způsob introdukce G9 mezi lidské pacienty – mezidruhový přenos z prasat



■ G4 ■ G5 ■ G9 ■ G11



■ G1 ■ G9 ■ G8 ■ G2 ■ G3

RVA genotypy
u prasat (A) (n=44)
a lidí (B) (n=122)



VUVeL



Nový RVA genotyp G8 u lidských pacientů

- ❖ celogenomové sekvenování RVA pomocí NGS
- ❖ kostra RVA – lidská (DS-1-like)



VU VeL



Nový RVA genotyp G8 u lidských pacientů

- ❖ celogenomové sekvenování RVA pomocí NGS
- ❖ kostra RVA – lidská (DS-1-like)

G8 **P[8]** **I2** **R2** **C2** **M2** **A2** **N2** **T2** **E2** **H2**
VP7 - VP4 - VP6 -VP1 -VP2 - VP3 -NSP1 -NSP2 -NSP3 -NSP4 -NSP5/6



VU VeL



Nový RVA genotyp G8 u lidských pacientů

- ❖ celogenomové sekvenování RVA pomocí NGS
- ❖ kostra RVA – lidská (DS-1-like)

G8 **P[8]** **I2** **R2** **C2** **M2** **A2** **N2** **T2** **E2** **H2**

VP7 - VP4 - VP6 -VP1 -VP2 - VP3 -NSP1 -NSP2 -NSP3 -NSP4 -NSP5/6

- ❖ segment VP7 – 99% podobnost s vietnamským RVA kmenem (**reasortant** mezi **bovinnním** RVA z Indie a **lidským** RVA)
- ❖ odlišný od G8 segmentů z Afriky a jižní Evropy

Emergence of Rare Bovine–Human Reassortant DS-1-Like Rotavirus A Strains with G8P[8] Genotype in Human Patients in the Czech Republic

Romana Moutelíková ^{1,*}, Pavel Sauer ², Monika Dvořáková Heroldová ³, Veronika Holá ³ and Jana Prodělalová ¹

Viruses **2019**, *11*(11), 1015; <https://doi.org/10.3390/v11111015>



VUVeL



Shrnutí

- Epidemiologie porcinných i lidských rotavirů je velice komplexní a dynamická
- Charakterizace RV kmenů založená na molekulárně-biologických metodách je nezbytná pro kontrolu přesnosti diagnostických kitů
- Vzhledem k zoonotickému potenciálu porcinných i dalších zvířecích RV je nezbytné sledovat cirkulující genotypy jak u lidské populace tak u jiných druhů savců

Děkuji za vaši pozornost a
přeji pevné zdraví!!!



VU VeL