

СЕКЦИЈА ЗА ЗООНОЗЕ
СРПСКО ВЕТЕРИНАРСКО ДРУШТВО
ВЕТЕРИНАРСКИ СПЕЦИЈАЛИСТИЧКИ ИНСТИТУТ „ШАБАЦ“
ФАКУЛТЕТ ВЕТЕРИНАРСКЕ МЕДИЦИНЕ УНИВЕРЗИТЕТА У БЕОГРАДУ

**XXVI СИМПОЗИЈУМ
ЕПИЗООТИОЛОГА И ЕПИДЕМИОЛОГА
(XXVI Епизоотиолошки дани)**

**XXVI SYMPOSIUM OF EPIZOOTIOLOGIST
AND EPIDEMIOLOGIST**



**ЗБОРНИК
КРАТКИХ САДРЖАЈА
- BOOK OF ABSTRACTS -**



**Хотел "Royal Spa" – Бања Ковиљача
10 - 12. април 2024. год.**

Издавач / Publisher

Српско ветеринарско друштво / Serbian Veterinary Society
Секција за зоонозе / Section for Zoonoses
Београд / Belgrade

за Издавача / for the Publisher

Проф др Милорад Мириловић

Главни и одговорни уредник / Editor in Chief

Др Тамаш Петровић, научни саветник

Технички уредник / Technical Editor

Др Тамаш Петровић, научни саветник

Штампа / Printed

SAGITTARIUS D.O.O. Суботица

Година издања / Year: 2024

Тираж / Copies: 250 примерака

ISBN-978-86-83115-52-5

ГЕНЕТСКИ ДИВЕРЗИТЕТ *ОРФ5* ГЕНА ВИРУСА РЕПРОДУКТИВНОГ И РЕСПИРАТОРНОГ СИНДРОМА СВИЊА ТИП 1 ОД 2012 ДО 2022 ГОДИНЕ

Божидар Савић^{1,2*}, Весна Милићевић¹, Бранислав Курељушић¹,
Немања Јездимировић¹, Бојан Миловановић¹, Јелена Максимовић Зорић¹,
Огњен Стеванчевић²

¹ Научни институт за ветеринарство Србије, Београд, Србија

² Департман за ветеринарску медицину Пољопривредног факултета Универзитет Нови Сад, Србија

* Аутор за кореспонденцију: bozidar.savic@nivs.rs

Кратак садржај

Репродуктивни и респираторни синдром свиња (енгл. *Porcine Reproductive and Respiratory Syndrome – PRRS*), је контагиозна вирусна афекција свиња која тренутно представља економски најзначајније инфективно обољење свиња, ендемично у многим земљама у свету укључујући и нашу земљу. PRRS је узрокован са вирусом репродуктивног и респираторног синдрома свиња (енгл. *Porcine Reproductive and Respiratory Syndrome Virus – PRRSV*), а с краја 90-их година прошлог века, када је обољење по први пут дијагностиковано у нашој земљи, постоји релативно ограничен број епидемиолошких студија овог обољења и молекуларних истраживања овог вируса који циркулишу у популацији свиња. Описана су два генотипа PRRSV: тип-1 или Европски тип (*Lelystad* - прототип) и тип-2 или Амерички тип (*VR-2332* – прототип). Од недавно, PRRSV тип-1 и тип-2 су класификовани као две засебне врсте унутар рода *Betaarterivirus* и то као *Betaarterivirus suid 1* (PRRSV1) и *Betaarterivirus suid 2* (PRRSV2). У оквиру генотипа 1 (PRRSV1) се разликују 4 генетске линије (подтипа) (1, 2, 3 и 4) у које су сврстани изолати вируса пореклом из различитих географских региона Европе. Унутар подтипова 1 и 3, се диференцирају кластери 1А-1Г и 3А-3Г док подтип 2 чини јединствена група изолата, без дефинисаних кластера. У нашој земљи, PRRS је био искључиво узрокован генотипом 1 (PRRSV1), међутим, 2022 године, детектован је и генотип 2 вируса (PRRSV2), на фарми која је вршила увоз свиња из Европске уније. Анализом генома овог вируса је установљено да је најсличнији тзв. вакциналним-сојевима (*vaccine-like strain*), односно да је вирус највероватније пореклом из вакцине (*MLV PRRSV2* вакцина) која је употребљена за имунизацију свиња против PRRSV2 у земљи извозници. Циљ овог истраживања је био да се установи генетски диверзитет изолата PRRSV1 пореклом са фарми свиња из наше земље у периоду од 2012 до 2022 године. У ту сврху, извршено је секвенцирање 36 *ОРФ5* гена изолата PRRSV1 коришћењем Сангер методе, које су потом поређене и анализирание заједно са 106 секвенци *ОРФ5* гена PRRSV1 из генетских линија 1, 2 и 3, које репрезентују комплетан спектар генетског диверзитета ових подтипова (секвенце кластера 1А-1Г, 3А-3Г и линије 2), применом различитих модула са предефинисаним параметарима у оквиру софтверских пакета *CLC – MainWorkbench* и *Mega X*. Прикупљене секвенце *ОРФ5* гена су депоноване у „*NCBI*“ бази биоинформатичких података. Филогенетском анализом је установљено да су сви изолати PRRSV1 детектовани у периоду од 2012 до 2022 године у нашој земљи груписани у два подтипа, односно подтип 1 и 3. У оквиру линије 1, се налази 7 изолата и то: 2 изолата у кластеру 1А, 2 у кластеру 1Б, 2 у кластеру 1Д и један изолат у кластеру 1Ф. У оквиру линије 2, 29 секвенци је груписано у кластер 3Ц. Добијени резултати представљају важне информације за будуће епидемиолошке анализе PRRSV1 инфекције укључујући утврђивање повезаности односно сродности између изолата вируса, поређење нових секвенци са секвенцама пореклом од вакциналних сојева вируса, разликовање вакциналних од „дивљих“ сојева вируса и утврђивање „уноса“ нових вируса у популацију. Оваква епидемиолошка истраживања треба искористити за установљавање критичних тачака у биосигурносним мерама на конкретним фармама, те имплементирати одговарајуће промене како би се PRRSV инфекција успешно превенирала и контролисала.

Кључне речи: PRRSV, *ОРФ5* ген, генетски диверзитет

Захвалница: Овај рад је делимично подржан финансијским средствима Министарства науке, технолошког развоја и иновација Републике Србије за 2024 годину, број уговора: 451-03-66/2024-03/200030.

GENETIC DIVERSITY OF THE *ORF5* GENE OF TYPE 1 PORCINE REPRODUCTIVE AND RESPIRATORY SYNDROME VIRUS IN SERBIA FROM 2012 TO 2022

Božidar Savić^{1,2*}, Vesna Milićević¹, Branislav Kureljušić¹, Nemanja Jezdimirović¹,
Bojan Milovanović¹, Jelena Maksimović Zorić¹, Ognjen Stevančević²

¹ Scientific Institute of Veterinary Medicine of Serbia, JBelgrade, Serbia.

² Department of Veterinary Medicine, Agriculture Faculty, University of Novi Sad, Novi Sad, Serbia

* Corresponding author: bozidar.savic@nivs.rs

Summary

Porcine Reproductive and Respiratory Syndrome (PRRS) is a contagious viral disease of swine that currently represents the most economically significant infectious disease of pigs, endemic in many countries worldwide, including Serbia. PRRS is caused by the Porcine Reproductive and Respiratory Syndrome Virus (PRRSV). Since the late 1990s, when the disease was first diagnosed in the Serbia, there have been only few epidemiological and molecular studies on circulating PRRS-viruses. Two genotypes of PRRSV have been described: type 1 or European type (prototype Lelystad) and type 2 or American type (prototype VR-2332). Recently, PRRSV type 1 and type 2 have been classified as two separate species within the genus *Betaarterivirus*, namely *Betaarterivirus suid 1* (PRRSV1) and *Betaarterivirus suid 2* (PRRSV2). Within genotype 1 (PRRSV1), four genetic lineages (subtypes) (1, 2, 3, and 4) have been distinguished, in which isolates from different geographic regions of Europe are classified. Within subtypes 1 and 3, clusters 1A-1G and 3A-3G are further differentiated, while subtype 2 consists of a unique group of isolates, without defined clusters. In Serbia, PRRS was exclusively caused by genotype 1 (PRRSV1); however, in 2022, a genotype 2 (PRRSV2) was detected on a farm that imported pigs from the European Union. Genome analysis of this virus revealed its similarity to vaccine-like strains, indicating that the virus most likely originated from a vaccine (*MLV PRRSV2* vaccine) used for immunization against PRRSV2 in the exporting country.

The aim of this study was to establish the genetic diversity of PRRSV1 isolates originating from pig farms in Serbia from 2012 to 2022. For this purpose, sequencing of 36 *ORF5* gene of PRRSV1 was performed using the Sanger method, which were then compared and analyzed together with 106 *ORF5* gene sequences of PRRSV1 from genetic lineages 1, 2, and 3, representing the full range of genetic diversity of this subtype (sequences from 1A-1G, 3A-3G clusters, and lineage 2), by using different modules with predefined parameters within the software packages *CLC – MainWorkbench* and *Mega X*. The obtained *ORF5* gene sequences were deposited in the NCBI database. Phylogenetic analysis revealed that all PRRSV1 isolates detected in the Serbia from 2012 to 2022 were grouped into two subtypes, subtype 1 and 3. Within lineage 1, there were 7 isolates: 2 in cluster 1A, 2 in cluster 1B, 2 in cluster 1D, and one isolate in cluster 1F. Within lineage 2, 29 sequences were grouped in cluster 3C.

The obtained results provide important information for future epidemiological studies of PRRSV1 infection, including the relatedness between isolates, comparing new obtained sequences with sequences originating from vaccine strains, differentiating vaccine strains from "wild" strains, and determining the introduction of new strains into the population. Such epidemiological studies can be used for find critical points in the biosecurity on the given farms and implement changes in the others to prevent and control PRRSV infection.

Key words: PRRSV, *ORF5* gene, genetic diversity

Acknowledgement: This research was supported by the Ministry of Science, Technological Development and Innovation of the Republic of Serbia, contract number 451-03-66/2024-03/200030.

CIP - Каталогизација у публикацији - Народна библиотека Србије,
Београд

636.09:616(048)

СИМПОЗИЈУМ епизоотиолога и епидемиолога (26 ; 2024 ; Бања Ковиљача)
Зборник кратких садржаја = Book of Abstracts / XXVI Симпозијум
епизоотиолога и епидемиолога (XXVI Епизоотиолошки дани), Бања
Ковиљача 10 - 12. април 2024. год. ; [главни и одговорни уредник
Тамаш Петровић];

[организатор] Секција за зоонозе, Српско ветеринарско друштво,
Ветеринарски специјалистички институт "Шабац", Факултет ветеринарске
медицине Универзитета у Београду. - Београд:

Српско ветеринарско друштво, Секција за зоонозе, 2024 (Суботица:
Sagittarius). - 197 стр. ; 24 cm

Кор. насл. - Тираж 250. - Апстракти упоредо на срп. и енгл. језику.

ISBN 978-86-83115-52-5

1. Секција за зоонозе СВД (Београд) 2. Ветеринарски специјалистички
институт "Шабац" (Шабац), 3. Факултет ветеринарске медицине
Универзитета у Београду (Београд).

а) Ветеринарска епизоотиологија - Апстракти

COBISS.SR-ID 141341705