

Streszczenie

Akwakulturę karpia (*Cyprinus carpio Linnaeus, 1758*) prowadzi się w Europie głównie w stawach, czyli sztucznych zbiornikach wodnych, wykorzystując zwykle naturalne ukształtowanie terenu sprzyjające ich budowie. U karpia hodowanych w stawach zasilanych wodą z naturalnych cieków oraz gospodarstwach, w których nie prowadzi się tarła na bazie własnych tarlaków, często dochodzi do zawleczenia chorób, w tym patogennych wirusów. Głównymi zagrożeniami dla gospodarki karpiowej jest koi herpes virus (KHV) oraz carp edema virus (CEV).

W niniejszej pracy zostały postawione cele związane ze znacznym poszerzeniem wiedzy z zakresu stopnia zainfekowania wytypowanych gospodarstw karpiowych wirusem CEV, oceny tropizmu, czyli powinowactwa do komórek i tkanek u karpia, oszacowaniu skuteczności metody detekcji pośredniej (nested PCR, real-time PCR, hybrydyzacja *in situ*) oraz analizie pozyskanych sekwencji z wykorzystaniem modelu ewolucji molekularnej.

Analizom poddano łącznie 16 gatunków ryb z 11. lokalizacji, w tym dziewięciu gospodarstw hodowli karpia, wód Zalewu Szczecińskiego i Jeziora Dąbie. Analizom molekularnym poddano łącznie 682 próby.

Wyniki niniejszej pracy wskazują na rozszerzenie spektrum gatunkowego wirusa CEV o gatunek lina (*Tinca tinca (Linnaeus, 1758)*), uklei (*Alburnus alburnus (Linnaeus, 1758)*), płoci (*Rutilus rutilus (Linnaeus, 1758)*) i karasia (*Carassius carassius (Linnaeus, 1758)*), co przy założeniu pospolitego występowania tych gatunków w wodach naturalnych zasilających stawy karpiove stwarza zagrożenie powstawania dodatkowej ścieżki transmisji CEV.

Wykazano również powinowactwo do komórek skóry i nerki, w których określono dodatni tropizm wirusa. Stwarza to nowe możliwości diagnostyczne, które dotychczas zgodnie z wytycznymi Światowej Organizacji Zdrowia Zwierząt (WOAH) oparte były tylko o skrawki skrzelii.

Na podstawie uliniowania i porównania sekwencji w obrębie genu odpowiedzialnego za syntezę białka 4a określono poziom ich zmienności genetycznej. Wynika z niego, że wirus CEV ulega systematycznym mutacjom a utworzenie dwóch wyodrębnionych kładów w drzewie filogenetycznym potwierdza wyodrębnianie się tzw. „polskich izolatów CEV”.

Na podstawie uzyskanych wyników zostaną przygotowane wytyczne dla Światowej Organizacji Zdrowia Zwierząt (WOAH). W procedurach detekcji CEV autorka zasugeruje konieczność wykorzystania skóry i nerki. Ponadto, biorąc pod uwagę klady utworzone w drzewie filogenetycznym sekwencji wirusa CEV, do CEFAS w Wielkiej Brytanii, zostanie przesłana informacja o konieczności projektowania aktualnych starterów do reakcji PCR.

Natalia Adamkowska