

Lloviu vírus betegségökológiai vizsgálata

Ábrahám Ágota ^{1,2}, Kemenesi Gábor ^{1,2}

1. Virologiai Nemzeti Laboratórium, Pécsi Tudományegyetem, 2. Pécsi Tudományegyetem, Természettudományi kar, Biológia intézet

agotaabraham@gmail.com

Bevezető

A fertőző betegségek természetes dinamikáját különböző tényezők befolyásolják, ezért elengedhetetlen az ökológiai megközelítések (betegségökológia) alkalmazása a zoonótikus vírusok terjedésének megértéséhez. 2002-ben, Spanyolországban egy nagy méretű denevérellhullás során mutatták ki először a *Lloviu cuevavirus*-t (Cuevavirus, LLOV) hosszúszárný denevérekből (*Miniopterus schreibersii*), amivel az elsőként leírt filovírus lett Európában. Ezt követően több európai és balkáni hosszúszárný denevér kolóniában is kimutatásra került kutatócsoportunk munkássága révén. Feltételezett zoonótikus tulajdonsága miatt rendkívül fontos a vírus átfogóbb kutatása az ökológiai és molekuláris tulajdonságainak megértéséhez.

Anyag és módszerek

A mintagyűjtést 6 európai országban végeztük hosszúszárný denevér kolóniákban. Ezt követően a mintákból nukleinsav kivonás után qRT-PCR-es diagnosztikával került kimutatásra a LLOV RNS. A pozitív minták szekvenálása az Oxford Nanopore Technologies MinION platformon történt. Az így generált adatokból sikeresen helyreállítottuk a majdnem teljes vírus genomot. LLOV izolálása a SUBK12-08 sejtvonalon

Eredmények

Mind a 20 pozitív minta a szeptember-októberi mintagyűjtésekből származott hosszúszárný denevérek közül.

Filogenetikailag a bulgáriai minták elkülönülő kládot képeznek a korábbi LLOV mintáktól, mellyel belátást nyerünk a vírus térbeli evolúciójába. Újabb vírus izolátum létrehozása SUBK12-08 sejtvonalon.

Következtetések: Az adatok alapján feltételezhető a vírusnak egy olyan szezonálisitása melynek a csúcsa a kora őszi időszakban van. A vizsgált denevérfaj gazdaszerepe is megerősítést nyert, azáltal, hogy minden pozitív minta hosszúszárný denevérből volt, illetve a vírus izolálása is egy denevér sejtvonalon történt. A vírus izolálása több jövőbeni kutatáshoz biztosít elengedhetetlen alapot. Az eredményekből arra következtethetünk, hogy a LLOV széleskörben elterjedt és a hosszúszárný denevér teljes geográfiai területén megtalálható.

Kulcsszavak: Filovírus, Lloviu vírus, fertőző betegség, betegségökológia, denevérvírus

Disease ecology of Lloviu virus

Ágota Ábrahám ^{1,2}, Gábor Kemenesi ^{1,2}

1. National Laboratory of Virology, University of Pécs, 2. University of Pécs, Faculty of Sciences, Institute of Biology

agotaabraham@gmail.com

Introduction

The dynamics of infectious diseases are affected by multiple factors, thus, applying ecological approaches (disease ecology) are essential for understanding the underlying factors which are affecting the spread of zoonotic viruses, *Lloviu cuevavirus* (Cuevavirus, LLOV) was the first filovirus discovered in Europe in bats in 2002 after a die-off event in a Schreibers's Bent-winged bat (*Miniopterus schreibersii*) colony in Spain. It has since been detected in multiple European and Balkan colonies of Schreibers's bats. Previous studies suggest its potential for zoonotic transmission, making thorough research crucial for understanding its ecological and molecular characteristics.

Materials and methods

Sample collection was carried out in 6 countries in Europe from Schreibers's bats colonies. After collection we performed nucleic acid extraction and qRT-PCR diagnostics for LLOV detection. Positive samples were sequenced on the Oxford Nanopore Technologies' MinION platform. With the data obtained from the sequencing we constructed the almost full genome of the virus. In addition, a new LLOV virus isolate was established on the SUBK12-08 cell line.

Results

All the 20 positive samples out of 1316, were collected in the September-October period from Schreibers's bats.

Phylogenetically the Bulgarian samples group into a separate clade from the previously sequenced samples, giving the first insight into the spatial evolution of the virus. A second successful isolation of LLOV on the cell line SUBK12-08.

Conclusions: The data suggests a possible seasonality of LLOV, with peak prevalence in September-October. All positive samples were from this bat species, and virus isolation was carried out on a bat cell line, supporting their role as natural hosts or reservoirs. Isolation of LLOV presents multiple research opportunities for the future. These findings suggest wider circulation of LLOV and the likelihood of its presence throughout the entire geographic range of Schreibers's bats.

Keywords: Filovirus, Lloviu virus, infectious disease, disease ecology, bat virus