UNIVERSITY OF SOUTH BOHEMIA IN ČESKÉ BUDĚJOVICE

FACULTY OF SCIENCE

NUCLEOTIDE VARIABILITY OF ŤAHYŇA VIRUS (*BUNYAVIRIDAE*, ORTHOBUNYAVIRUS) SMALL (S) AND MEDIUM (M) GENOMIC SEGMENTS IN FIELD STRAINS DIFFERING IN BIOLOGICAL PROPERTIES

Rigorózní práce

Patrik Kilian

České Budějovice 2010

KILIAN P. 2010: Nucleotide variability of Ťahyňa virus (*Bunyaviridae*, Orthobunyavirus) small (S) and medium (M) genomic segments in field strains differing in biological properties. RNDr. thesis in English. Faculty of Science. University of South Bohemia in České Budějovice, Czech Republic.

Annotation:
Sequence analysis of 18 low-passage field strains and two reference strains of Ťahyňa virus was performed with the purpose to reveal molecular determinants of virulence and elucidation of genetic variability of Ťahyňa virus in field.

I hereby declare that I did all the work presented in this thesis by myself or in collaboration with the co-authors of the published article.

Further, I declare that in accordance with the Czech legal code § 47b law No. 111/1998 in its valid version, I consent to the publication of my RNDr. thesis (in an edition made by removing marked parts archived by the Faculty of Science) in an electronic way in the public access to the STAG database run by the University of South Bohemia in České Budějovice on its web pages.

The project was supported by the grants Z60220518, MSM 6007665801 and Research Centre No. LC 06009 of the Ministry of Education, Youth and Sports of the Czech Republic.

České Budějovice, 2010 .....

Patrik Kilian

Nucleotide variability of Ťahyňa virus small (S) and medium (M) segments in field strains differing in biological properties.

Patrik Kilian[1], Daniel Růžek[2], Vlasta Danielová[3], Václav Hypša[1,2], Libor Grubhoffer[1,2]

[1] Faculty of Science, University of South Bohemia, Branišovská 31, CZ-37005 České Budějovice, Czech Republic

[2] Institute of Parasitology, Biology Centre of the Academy of Sciences of the Czech Republic, Branišovská 31, CZ-37005 České Budějovice, Czech Republic

[3] National Institute of Public Health, Centre of Epidemiology and Microbiology, Šrobárova 48, CZ-10042 Prague, Czech Republic

Abstract:

Ťahyňa virus (TAHV), a mosquito-borne bunyavirus (California group), is frequently associated with inapparent or influenza-like (Valtice fever) infections in humans, rarely leading to atypical pneumonia or meningitis in children. Field TAHV strains exhibit a high variability in their biological properties with respect to virulence for laboratory mouse, temperature-sensitivity or character of plaques in cell culture. In consideration of the variations in the antigenic properties TAHV and its potential genetic variability, we analyzed complete nucleotide sequences of the small (S) and medium (M) genomic segments of field TAHV strains with different combinations of phenotypic markers. S segment was highly conservative in all analyzed TAHV strains. Within the M segment, the highest variability was observed in the G_C gene encoding viral envelope protein and to a less extent also in the gene NSm. However, 5' and 3' non-coding regions of M segment, as well as in G_N gene exhibited highly conservative pattern, indicating its functional importance, but minor or no role in the determination of biological properties of TAHV field strains.

Key words: Ťahyňa virus; bunyavirus; California group; genetic variability; virulence

Virus Research, 149 (2010): 119-23.
© 2010 Elsevier B.V. All rights reserved.

Nukleotidová variabilita středního (M) a malého(S) genomického segmentu přírodních izolátů viru Ťahyňa lišících se biologickými vlastnostmi.

Patrik Kilian[1], Daniel Růžek[2], Vlasta Danielová[3], Václav Hypša[1,2], Libor Grubhoffer[1,2]

[1] Přírodovědecká fakulta, Jihočeská univerzita v českých Budějovicích, Branišovská 31, 37005 České Budějovice, Česká republika

[2] Parazitologický ústav, Biologické centrum Academie věd České republiky, v. v. i., Branišovská 31, 37005, České Budějovice, Česká republika

[3] Státní zdravotní ústav, Centrum epidemiologie a mikrobiologie. Šrobárova 48, 10042 Praha, Česká republika

Abstrakt

Virus Ťahyňa (TAHV) je komáry přenášený patogen lidí z čeledi *Bunyaviridae.* Způsobuje nejčastěji bezpříznakovou infekci či chřipce podobné onemocnění výjimečně vedoucí k atypické pneumonii nebo meningitidě. Přírodní izoláty vykazují velkou variabilitu v biologických vlastnostech (virulence pro laboratorní myš, termosenzitivita, charakter tvorby plaků v buněčné kultuře). S ohledem na variabilitu v antigenních vlastnostech TAHV a její potencionální zdroj ve variabilitě genetické jsme analyzovali kompletní nukleotidovou sekvenci středního (M) a malého (S) segmentu přírodních izolátů s různou kombinací fenotypových znaků. Segment S byl vysoce konzervovaný mezi všemi analyzovanými kmeny. V segmentu M byla největší variabilita pozorována v genu G_C, kódující virový obalový protein. V menší míře pak byla variabilita pozorována v genu NSm. Obě nekódující oblasti (5‘ a 3‘) byly vysoce konzervované, podobně jako gen G_N, což naznačuje jejich velkou funkční důležitost, ale jen malou nebo žádnou roli v určování biologických vlastností přírodních izolátů TAHV.

Klíčová slova: virus Ťahyňa; bunyavirus; Kalifornská séroskupina; genetická variabilita; virulence

Virus Research, 149 (2010): 119-23.

© 2010 Elsevier B.V. All rights reserved.