



XII

KONGRES MIKROBIOLOGA SRBIJE

sa međunarodnim učešćem

MIKROMED 2018 REGIO

BEOGRAD, 10-12. MAJ 2018.

Zbornik apstrakata / Book of Abstracts



www.micromedregio.com

ORGANIZATOR

UDRUŽENJE MIKROBIOLOGA SRBIJE, Beograd

ZBORNİK APSTRAKATA/ BOOK OF ABSTRACTS

Izdavač: UDRUŽENJE MIKROBIOLOGA SRBIJE, Nemanjina 6, Beograd

Za izdavača: Dragojlo Obradović, predsednik Udruženja

Urednici:

Dragojlo Obradović

Lazar Ranin

Štampa:

Caligraf soft Kosovska 6 , 11080 Zemun, Beograd 2018.

Tiraž:

300 primeraka

CIP - Каталогизација у публикацији - Народна библиотека Србије, Београд

579.61(048)(0.034.2)

КОНГРЕС микробиолога Србије Микромед (12 ; 2018 ; Београд)

Zbornik apstrakata [Elektronski izvor] / XII Kongres mikrobiologa Srbije sa međunarodnim učešćem, Mikromed 2018 REGIO, Beograd, 10-12. maj 2018. = Book of Abstracts / [12th Congress of Serbian Microbiologists with International Participation MICROMED 2018 REGIO] ; [urednici Dragojlo Obradović, Lazar Ranin]. - Beograd : Udruženje mikrobiologa Srbije, 2018 (Zemun : Caligraf soft). - 1 USB fleš memorija : 1 x 2 x 4 cm

Sistemska zahtevi: Nisu navedeni. - Nasl. sa naslovne strane dokumenta. - Apstrakti na srp. i engl. jeziku. - Tiraž 300. - Bibliografija uz pojedine apstrakte.

ISBN 978-86-914897-5-5

a) Медицинска микробиологија - Апстракти COBISS.SR-ID 265049612

PLATINASTI SPONZOR

ProMedia
Specialists In Laboratory Supplying

ZLATNI SPONZOR



SREBRNI SPONZOR



SPONZOR SIMPOZIJUMA



SPONZOR



PARTNERI / IZLAGAČI



**MOLEKULARNA KARAKTERIZACIJA I FILOGENETSKA ANALIZA SOJEVA GOVEDEG
HERPESVIRUSA 1 (BHV-1) IZOLOVANIH KOD GOVEDA NA TERITORIJI REPUBLIKE SRBIJE
MOLECULAR CHARACTERIZATION AND PHYLOGENETIC ANALYSIS OF BOVINE
HERPESVIRUS 1 (BHV-1) STRAINS ISOLATED FROM CATTLE IN THE REPUBLIC OF SERBIA**

Nišavić Jakov ¹

jakovmoni@vet.bg.ac.rs

Milić Nenad¹, Radalj Andrea¹, Knežević Aleksandra²

¹Fakultet veterinarske medicine Univerziteta u Beogradu

² Medicinski fakultet Univerziteta u Beogradu

UVOD: Goveđi herpesvirus 1 (BHV-1) pripada rodu *Varicellovirus*, podfamiliji *Alphaherpesvirinae* i familiji *Herpesviridae*. Kod goveda izaziva infektivni goveđi rinotraheitis, odnosno infektivni pustulozni vulvovaginitis. Virus izaziva značajne ekonomske štete u govedarstvu.

CILJ: Cilj ispitivanja je bila molekularna detekcija i karakterizacija sojeva BHV-1 izolovanih kod goveda na teritoriji Republike Srbije i upoređivanje dobijenih sekvenci sa analognim sekvencama sojeva BHV-1 iz drugih geografskih regiona.

METOD: Ispitano je 110 uzoraka nosnih briseva poreklom od nevakcinisanih goveda iz različitih regiona u Republici Srbiji. Izolacija i identifikacija virusa BHV-1 vršena je korišćenjem ćelijske linije Vero. Metoda PCR je izvođena uz korišćenje prajmera za delove gena koji kodiraju sintezu glikoproteina B (gB) i timidin-kinaze (TK) BHV-1. Određivanje redosleda nukleotida dela TK i gB gena BHV-1 je vršena metodom direktnog sekvenciranja po Sanger-u, a dobijene nukleotidne sekvence su upoređivane sa analognim sekvencama delova prethodno navedenih gena referentnih i izolovanih sojeva BHV-1 dostupnih u banci gena (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/BLAST/>).

REZULTAT: Primenom metoda izolacije virusa i PCR, utvrđeno je prisustvo BHV-1 kod četiri uzorka nosnih briseva goveda. Filogenetska analiza dela gB gena je pokazala da su nukleotidne sekvence sojeva BHV-1 poreklom iz Srbije grupisane zajedno sa sojevima virusa poreklom iz Egipta i SAD. Nukleotidne sekvence dela TK gena četiri izolovana soja BHV-1 poreklom iz Srbije su međusobno imale visok stepen sličnosti i grupisane su zajedno na filogenetskom stablu, odnosno sa sojevima virusa poreklom iz SAD i Australije.

ZAKLJUČAK: Dobijeni rezultati su pokazali visok stepen sličnosti između sojeva BHV-1 poreklom iz Srbije i sojeva navedenog virusa poreklom iz drugih delova sveta. Pored toga, rezultati navedenih ispitivanja su ukazali na potrebu daljih opsežnijih istraživanja koja bi imala za cilj utvrđivanje prevalencije i molekularnih karakteristika sojeva BHV-1 kod goveda na teritoriji Republike Srbije.

KLJUČNE REČI: BHV-1, molekularna karakterizacija

**MOLECULAR CHARACTERIZATION AND PHYLOGENETIC ANALYSIS OF BOVINE
HERPESVIRUS 1 (BHV-1) STRAINS ISOLATED FROM CATTLE IN THE REPUBLIC OF SERBIA**

Nišavić Jakov¹

jakovmoni@vet.bg.ac.rs

Milić Nenad¹, Radalj Andrea¹, Knežević Aleksandra²

¹Faculty of Veterinary Medicine, Belgrade

²Faculty of Medicine, University of Belgrade

INTRODUCTION: Bovine herpesvirus 1 (BHV-1) is a member of the genus *Varicellovirus* of the *Alphaherpesvirinae* subfamily and *Herpesviridae* family. It is an important bovine pathogen causing infectious bovine rinotracheitis and infectious pustular vulvovaginitis and leads to major economic losses in the cattle industry.

AIM: Molecular detection and characterization of BHV-1 strains isolated from cattle originating from The Republic of Serbia and the comparison of obtained sequences with viral sequences from other geographic regions.

METHOD: A total of 110 nasal swabs from non-vaccinated animals raised in different regions of Serbia were examined. Vero cell line was used for virus isolation and identification. PCR was performed using primers for the parts of the BHV-1 genome coding the synthesis of glycoprotein B (gB) and thymidine kinase (TK). Partial sequencing of glycoprotein B (gB) and thymidine kinase (TK) genes of BHV-1 was performed according to Sanger sequencing method and the obtained nucleotide sequences were compared to analogous sequences of the mentioned genes available in GenBank database (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/BLAST/>).

RESULT: BHV-1 was detected in four samples using virus isolation and PCR. The phylogenetic analysis of partial glycoprotein B (gB) gene nucleotide sequences of all four BHV-1 strains showed the clustering with BHV-1 strains isolated in Egypt and USA. Partial TK gene nucleotide sequences of Serbian BHV-1 strains were highly similar and grouped together in one branch along with BHV-1 strains from USA and Australia.

CONCLUSION: The obtained results showed a high level of similarity between BHV-1 strains from Serbia and other parts of the world. Moreover, these results provide a prerequisite for further detailed investigations aimed to establish the prevalence and molecular characteristics of BHV-1 strains in The Republic of Serbia.

KEY WORDS: BHV-1, molecular characterization