Streszczenie

Enteropatie na tle wirusowym stanowią wyzwanie dla lekarzy weterynarii i hodowców gołębi sportowych, będąc poważnym problemem zdrowotnym zwłaszcza dla młodych ptaków o nie w pełni rozwiniętym układzie immunologicznym oraz narażonych na stres w związku z pierwszymi lotami konkursowymi. Wirusy obecne w przewodzie pokarmowym gołębi są słabo poznane, a w literaturze brakuje dowodów odnośnie do ich roli w etiopatogenezie enteropatii. Bezpośrednie wykazanie patogenności tych wirusów jest obecnie niemożliwe przez brak opracowanej metody ich namnażania w warunkach *in vitro*. Podjęte badania miały na celu ustalenie, jakie wirusy potencjalnie związane z enteropatiami znajdują się w przewodzie pokarmowym gołębi i które z nich mogą mieć związek z występowaniem chorób tego układu. Aby to osiągnąć, materiał genetyczny (DNA i RNA) uzyskany z 153 próbek wymazów z kloaki pobranych od młodych gołębi sportowych o różnym stanie zdrowia (grupa badana - ptaki wykazujące objawy enteropatii [n = 90], grupa kontrolna – ptaki bez objawów klinicznych [n = 63]) poddawano analizom metagenomowym z wykorzystaniem sekwencjonowania przez syntezę na sekwenatorze Illumina oraz sekwencjonowania nanoporowego. Uzyskane sekwencje genomowe wirusów podejrzewanych o możliwy udział w wywoływaniu enteropatii poddawano analizom bioinformatycznym, w tym analizie filogenetycznej. Następnie wykorzystując sekwencje nukleotydowe wirusów uzyskane w niniejszych badaniach oraz pobrane z bazy NCBI GenBank projektowano startery i sondy do technik TaqMan qPCR oraz ddPCR celem przeprowadzenia oceny ilościowej (liczba kopii) materiału genetycznego poszczególnych wirusów w próbkach. Za pomocą analiz metagenomowych uzyskano 19 kompletnych lub niemal kompletnych sekwencji genomowych wirusów należących do rodzin *Astroviridae*, *Picornaviridae*, *Coronaviridae*, *Parvoviridae* i *Adenoviridae* oraz do rodzaju *Rotavirus*, w tym 5 będących sekwencjami wirusów prawdopodobnie należących do nowych gatunków oraz 3 będących potencjalnymi rekombinantami. Przeprowadzone analizy ilościowe wykazały, że wyżej wymienione wirusy występują u gołębi bez względu na stan ich zdrowia, natomiast za wywołanie enteropatii przypuszczalnie odpowiedzialny był rotawirus gołębi A, dla którego wysoce istotna statystycznie okazała się zarówno różnica w prewalencji (p = 0,0001), jak i w liczbie kopii materiału genetycznego (p = 0,0050) pomiędzy grupą badaną a kontrolną. Podjęte badania mają dużą wartość poznawczą, a ich wyniki wskazują na zasadność prowadzenia dalszych eksperymentów służących lepszemu poznaniu składu wiromu gołębi celem monitorowania zakażeń wirusowych u tego gatunku.

Słowa kluczowe: enteropatie, wirusy, metagenomika, analiza bioinformatyczna