https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/29542369/

Übersetzung des Links ↑ mit deepl. com

Zusammenfassung

Zielsetzung: Die Aminosäuresubstitutionen M1058L und S1060A im Spike-Protein des felinen Coronavirus (FCoV) werden für die Entwicklung des pathogenen felinen infektiösen Peritonitisvirus (FIPV) verantwortlich gemacht, das die feline infektiöse Peritonitis (FIP) verursacht. Ziel der folgenden Studie war es, das Vorhandensein von mutierten Viren in Gewebeproben von Katzen mit und ohne FIP zu untersuchen.

Methoden: Die Studienpopulation bestand aus 64 Katzen, von denen 34 mit FIP diagnostiziert wurden und 30 Kontrollkatzen. Bei allen Fällen wurden eine Autopsie, Histopathologie und Immunhistochemie (IHC) für FCoV durchgeführt. Darüber hinaus wurde eine genotypunterscheidende quantitative Reverse-Transkriptase-PCR (RT-qPCR) an Spänen von in Paraffin eingebettetem Gewebe durchgeführt, um zwischen Katzen mit FIP und Kontrollkatzen zu unterscheiden, und die Sensitivität und Spezifität dieser diskriminierenden RT-qPCR wurden anhand von 95 %-Konfidenzintervallen (CIs) berechnet.

Ergebnisse: Die Spezifität der genotyp-diskriminierenden RT-qPCR betrug 100,0 % (95 % CI 88,4-100,0) und die Sensitivität 70,6 % (95 % CI 52,5-84,9). Bei Katzen mit FIP wurden 24/34 positiv auf FIPV getestet. In den Proben von drei Kontrollkatzen und sieben Katzen mit FIP wurde FCoV gefunden, aber eine Genotypisierung war aufgrund der geringen FCoV-RNA-Konzentrationen nicht möglich. Von den positiven Proben wiesen 23 die Aminosäuresubstitution M1058L im Spike-Protein auf und keine die Substitution S1060A. Eine Probe einer Katze mit FIP ergab eine gemischte Population aus nicht mutiertem FCoV und FIPV (gemischter Genotyp). Bei einer Probe war eine Genotypisierung trotz hoher Viruslast nicht möglich, und zwei Proben waren negativ für FCoV.

Schlussfolgerungen und Bedeutung: Da keines der Kontrolltiere FCoV-Aminosäuresubstitutionen aufwies, die zuvor bei Katzen mit FIP nachgewiesen wurden, kann davon ausgegangen werden, dass die Substitution M1058L mit dem Vorliegen von FIP korreliert. FCoV wurde in den Geweben der Kontrolltiere in geringer Konzentration nachgewiesen, was die Fähigkeit von FCoV zur systemischen Ausbreitung bestätigt. Die

Tatsache, dass keine Negativkontrollen in das IHC-Protokoll aufgenommen wurden, könnte möglicherweise zu einer Unterschätzung der Empfindlichkeit der RT-qPCR führen.