

Rotavirus di gruppo A e non-A nella popolazione suina italiana (PRC005-2016)

I Rotavirus (RV) rappresentano una delle principali cause di diarrea severa nell'uomo e negli animali. In particolare, nei suinetti sottoscrofa e negli svezzati le enteriti causate da RVs sono associate ad alta morbilità e mortalità variabile. Cinque gruppi sono stati identificati nel suino (A, B, C, H, E), di cui RVA è il più caratterizzato. Ad oggi, i gruppi non-A sono stati descritti in diversi paesi, in associazione con patologia enterica ad indicare l'importanza epidemiologica. Tuttavia, solo pochi dati sono riportati riguardo alla diffusione e variabilità genetica in Italia.

Gli obiettivi del nostro lavoro sono stati i seguenti: 1) sviluppare dei saggi di Real Time PCR sensibili e specifici per la rilevazione di RVA, RVB, RVC e RVH da applicare alla diagnostica di routine 2) Conoscere la diffusione attuale dei diversi gruppi di RV in suini con enteriti provenienti da allevamenti del Nord Italia 3) Analizzare la variabilità genetica dei ceppi circolanti di RV non-A.

Per studiare la distribuzione dei diversi gruppi di RVs sono stati analizzati un totale di 962 campioni di feci e/o intestini raccolti durante il periodo 2016-2019 da suini con enteriti provenienti da 372 allevamenti del Nord Italia. La presenza dei diversi gruppi di RV è stata valutata tramite saggi di RT-qPCR validati nel corso del progetto. Una selezione di campioni positivi a RVB (29), a RVC (25) e a RVH (25) rappresentativi per anno e provenienza sono stati sequenziati per i geni VP6, VP4 e VP7. Inoltre su 12 dei 29 campioni di RVB è stato effettuato anche il sequenziamento degli altri segmenti del genoma. I campioni sono stati sequenziati tramite metodologia Sanger e Next Generation Sequencing (NGS) con tecnologia Illumina. Le sequenze sono state analizzate per studiare l'evoluzione filogenetica e la variabilità genetica.

Dei 962 campioni analizzati, 750 (78%) sono risultati positivi ai rotavirus, di cui 546 (72%) positivi a RVA, 436 (58%) a RVC, 414 (55,2%) a RVB e 136 (18%) a RVH. L'analisi condotta sulle classi di età dei sottoscrofa, svezzamento e ingrasso ha evidenziato una maggiore diffusione di RV tra gli svezzamenti. RVA è il gruppo prevalente nei sottoscrofa, come singolo agente infettante, mentre RVB, RVC e RVH sono più comuni tra gli svezzamenti e ingrassi in associazione con altri gruppi di RV.

L'analisi filogenetica, condotta sui gruppi di RV non-A, ha mostrato la presenza di più clusters non correlati per anno di isolamento e provenienza geografica a indicare un'ampia circolazione di ceppi sul territorio. Per i geni analizzati sono stati identificati nuovi genotipi e diverse combinazioni genotipiche a suggerire riassortimento genico. Il numero di sequenze ottenute per RVH, pari al numero di sequenze depositate in banca dati, ha reso necessario la definizione di nuovi cut-offs nucleotidici per la genotipizzazione.

In conclusione, questo studio ha fornito nuovi e inattesi dati sulla prevalenza dei RVs negli allevamenti suini nel nord Italia, indicando un'elevata diffusione dei rotavirus nelle forme enteriche, ma in particolare, una presenza di Rotavirus dei gruppi non-A molto elevata associata ad una ampia variabilità genetica. I dati ottenuti offrono lo spunto per ulteriori indagini genetiche ed epidemiologiche finalizzate a meglio chiarire le caratteristiche dei RVs suini presenti e circolanti in Italia e il loro ruolo nelle infezioni enteriche.