



SEASON ONE

18 Marzo 2021

Circolazione del virus dell'anemia infettiva del pollo nel bacino del mediterraneo

Giulia Quaglia¹, Giulia Mescolini¹, Antonietta di Francesco¹, Daniela Salvatore¹,
Elena Catelli¹, Caterina Lupini¹

DIMEVET – Servizio di Patologia Aviare

Background - *Chicken Infectious Anemia Virus* (CIAV), agente eziologico dell'anemia infettiva del pollo, appartiene alla famiglia *Anelloviridae*, genere *Gyrovirus* [1] e il suo genoma risulta costituito da tre *Open Reading Frame* codificanti le proteine virali VP1, VP2 e VP3. Sulla base della sequenza nucleotidica della proteina VP1, è possibile distinguere mediante analisi filogenetica 4 genogruppi virali [2,3]. L'infezione da CIAV colpisce gli emocitoblasti nel midollo osseo e i precursori dei linfociti T nel timo [4], provocando nelle prime settimane di vita una forma clinica, caratterizzata da anemia aplastica ed atrofia degli organi linfoidi. Quando l'infezione avviene dopo le 3 settimane di età, essa si manifesta prevalentemente in forma subclinica, causando immunosoppressione. Per il controllo dell'anemia infettiva è prevista la vaccinazione dei riproduttori con vaccino vivo attenuato.

Scopo del lavoro - L'obiettivo del presente lavoro è stato quello di identificare e caratterizzare dal punto di vista molecolare ceppi di CIAV da campioni prelevati in Italia, Grecia e Tunisia, al fine di valutare la circolazione virale e le correlazioni tra i ceppi identificati nei diversi Paesi.

Materiali e metodi - In totale sono stati analizzati 216 campioni (45 dall'Italia, 36 dalla Grecia e 135 dalla Tunisia), costituiti da organi, tamponi cloacali, penne e polvere ambientale, prelevati da allevamenti di polli da carne o riproduttori, industriali e rurali. L'analisi molecolare per la ricerca di CIAV è stata eseguita mediante un protocollo di nested-PCR disegnato *ad hoc* per l'amplificazione del gene VP1. Gli amplificati sono stati sequenziati e le sequenze nucleotidiche ottenute sono state confrontate con sequenze omologhe presenti in GenBank, mediante il software Bioedit. Gli alberi filogenetici sono stati costruiti utilizzando l'algoritmo Neighbor-joining del software Mega X [5].

Risultati - In 54 campioni, 25 dei quali prelevati in Italia, 13 in Grecia e 16 in Tunisia, è stato amplificato con successo il gene VP1 di CIAV. L'analisi filogenetica delle sequenze ne ha evidenziato l'appartenenza a diversi genogruppi, come pure a ceppi di origine vaccinale o di campo e, in quest'ultimo caso, è stata rilevata la presenza, nella sequenza genica VP1, di residui amminoacidici considerati marker di virulenza [6–8].

Conclusioni - Nel presente lavoro sono stati identificati e caratterizzati i genogruppi di CIAV circolanti in diverse aree geografiche del bacino del Mediterraneo, fornendo informazione epidemiologiche utili all'applicazione di adeguate misure di profilassi diretta e indiretta. L'amplificazione del DNA virale è stata ottenuta con successo, oltre che da matrici convenzionali quali organi o tamponi cloacali, anche da penne e polveri. Queste ultime modalità di campionamento non sono invasive [9] e, in quanto tali, meritano ulteriore approfondimento, potendo rappresentare una valida alternativa ai campionamenti tradizionali.

Bibliografia

1. Rosario, K.; Breitbart, M.; Harrach, B.; Segalés, J.; Delwart, E.; Biagini, P.; Varsani, A. Revisiting the taxonomy of the family Circoviridae: establishment of the genus Cyclovirus and removal of the genus Gyrovirus. *Arch. Virol.*, 162, 1447–1463, 2017.
2. Balamurugan, V.; Kataria, J.M. Economically important non-oncogenic immunosuppressive viral diseases of chicken-current status. *Vet. Res. Commun.*, 30, 541–566, 2006.
3. Ducatez, M.F.; Owoade, A.A.; Abiola, J.O.; Muller, C.P. Molecular epidemiology of chicken anemia virus in Nigeria. *Arch. Virol.*, 151, 97–111, 2006.
4. Ou, S.C.; Lin, H.L.; Liu, P.C.; Huang, H.J.; Lee, M.S.; Lien, Y.Y.; Tsai, Y.L. Epidemiology and molecular characterization of chicken anaemia virus from commercial and native chickens in Taiwan. *Transbound. Emerg. Dis.*, 65, 1493–1501, 2018.
5. Kumar, S.; Stecher, G.; Li, M.; Knyaz, C.; Tamura, K. MEGA X: Molecular Evolutionary Genetics Analysis across Computing Platforms. *Mol. Biol. Evol.*, 35, 1547–1549, 2018.
6. Yamaguchi, S.; Imada, T.; Kaji, N.; Mase, M.; Tsukamoto, K.; Tanimura, N.; Yuasa, N. Identification of a genetic determinant of pathogenicity in chicken anaemia virus. *J. Gen. Virol.*, 82, 1233–1238, 2001.
7. Chowdhury, S.M.Z.H.; Omar, A.R.; Aini, I.; Hair-Bejo, M.; Jamaluddin, A.A.; Md-Zain, B.M.; Kono, Y. Pathogenicity, sequence and phylogenetic analysis of Malaysian Chicken anaemia virus obtained after low and high passages in MSB-1 cells. *Arch. Virol.*, 148, 2437–48, 2003.
8. Scott, A.N.J.; Connor, T.J.; Creelan, J.L.; McNulty, M.S.; Todd, D. Antigenicity and pathogenicity characteristics of molecularly cloned chicken anaemia virus isolates obtained after multiple cell culture passages. *Arch. Virol.*, 144, 1961–1975, 1999.
9. Davidson, I. Biotic concerns in generating molecular diagnosis matrixes for 4 avian viruses with emphasis on Marek's disease virus. *J. Virol. Methods*, 274, 113708, 2019.

▪ La **casata** di appartenenza

☒ One Health

☐ Blue Growth

☐ Fundamental Sciences

☐ Clinical Sciences

☐ Animal Production

▪ La **tipologia** del proprio progetto

☒ Individual Research

☐ Team Work

☐ Travelling Scientists