



SEASON ONE
18 Marzo 2021

Coinfezione da circovirus canino (CanineCV) e adenovirus canino di tipo 1 (CAAdV-1) e di tipo 2 (CAAdV-2) in cani affetti da parvoviroosi

Alessia Terrusi¹, Lorenza Urbani¹, Silvia A.M. Stefanelli², Roberta Troia², Massimo Giunti², Francesco Dondi¹, Mara Battilani¹, Andrea Balboni¹

¹ DIMEVET – Servizio di Patologia Clinica

² DIMEVET – Servizio Clinico Piccoli Animali

Background - Le coinfezioni virali sono un problema in medicina veterinaria poiché la presenza di più virus nell'ospite può aggravare le manifestazioni cliniche, complicando la diagnosi e la terapia. Le patologie virali gastroenteriche sono molto diffuse e spesso causa di morte o ospedalizzazione soprattutto di pazienti giovani o non vaccinati. Il parvovirus canino di tipo 2 (CPV-2) è uno dei virus correlato a gravi enteriti e spesso rilevato insieme ad altri patogeni [1].

Scopo del lavoro - Lo scopo era investigare la concomitante presenza di circovirus canino (CanineCV) e adenovirus canino di tipo 1 e 2 (CAAdV-1 e 2) in cani affetti da parvoviroosi e valutare eventuali correlazioni con la variante antigenica di CPV-2 e con i dati clinici.

Materiali e metodi - Il DNA di CanineCV e CAAdV è stato ricercato in 95 cani con sintomi gastroenterici positivi al DNA di CPV-2, campionati tra il 1995 e il 2017, mediante due metodiche di real time-PCR [2,3]. I dati di segnalamento, lo stato vaccinale e i reperti clinico-patologici dei cani sono stati recuperati dalle cartelle cliniche. I dati sono stati analizzati considerando statisticamente significativo $P < 0.05$. I virus identificati sono stati geneticamente caratterizzati.

Risultati - 28 dei 95 (29.5%) cani infetti da CPV-2 sono risultati coinfezati. 26/28 (92.9%) sono risultati coinfezati con un virus oltre al CPV-2: 7/28 (25%) cani erano positivi al DNA di CanineCV, 1/28 (3.6%) a CAAdV-1 e 18/28 (64.3%) a CAAdV-2. Gli altri 2/28 (7.2%) cani erano coinfezati con due virus oltre a CPV-2: 1/28 (3.6%) era positivo al DNA di CanineCV e CAAdV-2 e 1/28 (3.6%) al DNA di CAAdV-1 e 2. Non è emersa alcuna associazione statisticamente significativa tra la presenza di coinfezione e la variante antigenica di CPV-2. Invece, è stata rilevata associazione tra la positività a CAAdV e la razza ($P = 0.009$), poiché tutti i cani positivi erano di razza. Il genoma completo di 7 CanineCV è stato sequenziato, mostrando un'identità nucleotidica del 80.8-100% con sequenze di riferimento. Le sequenze identificate erano filogeneticamente correlate alle sequenze di CanineCV identificate in cani, lupi e un tasso in Europa, USA e Cina. I geni hexon, E3 e fiber sono stati sequenziati per 9 CAAdV e l'analisi filogenetica ha mostrato un ramo separato per il CAAdV-2 identificato in un cane campionato nel 1995. Gli altri CAAdV-2 raggruppavano insieme al ceppo vaccinale Toronto A26/61.

Conclusioni - I risultati ottenuti confermano che l'infezione da CPV-2 nei cani è spesso associata alla presenza di altri virus [4]. Non sono emerse associazioni con le variabili analizzate, ad eccezione dei cani positivi a CAAdV che erano tutti di razza. Questo lavoro ha fornito nuove informazioni riguardo la presenza di coinfezione da CPV-2, CanineCV e CAAdV. Ulteriori studi sono necessari per investigare l'effetto delle coinfezioni sulla gravità delle manifestazioni cliniche in corso di infezione da CPV-2 nei cani.

Bibliografia

- [1] Decaro et al. Canine parvovirus-A review of epidemiological and diagnostic aspects, with emphasis on type 2c, *Veterinary Microbiology* 155:1-12, 2012.
- [2] De Arcangeli et al. Genomic characterization of Canine Circovirus detected in Red Foxes (*Vulpes vulpes*) from Italy using a new real-time PCR assay, *Journal of Wildlife Diseases* 56:239-242, 2020.
- [3] Balboni et al. Development of a SYBR Green real-time PCR assay with melting curve analysis for simultaneous detection and differentiation of canine adenovirus type 1 and type 2, *Journal of Virological Methods* 222:34-40, 2015.
- [4] da Rocha Gizzi et al. Presence of infectious agents and co-infections in diarrheic dogs determined with a real-time polymerase chain reaction-based panel, *BMC Veterinary Research* 10:23, 2014.

- 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