

Ricerca corrente IZS VE 07/10 Encefalo retinopatia virale in specie ittiche marine e d'acqua dolce: caratteristiche genetiche e fenotipiche di genotipi parentali e ceppi riassortanti di *betanodavirus*

Responsabile scientifico: dott. Calogero Terregino

Abstract

L'encefalo retinopatia virale (ERV), è una tra le patologie più gravi ed economicamente di maggior impatto per l'acquacoltura marina, dove i tassi di mortalità negli impianti infetti possono essere estremamente elevati e raggiungere addirittura il 100% negli stadi larvali e giovanili [3]. La ERV è stata segnalata in oltre quaranta specie ittiche, prevalentemente marine ed è causata da agenti eziologici appartenenti al genere *Betanodavirus*, famiglia *Nodaviridae* con uno spiccato neurotropismo che determina anomalie natatorie e disturbi comportamentali negli animali affetti. La sua elevata infettività gli consente di diffondersi rapidamente e in modo estensivo tra differenti popolazioni acquatiche, facendo quindi della nodaviriosi una patologia ad impatto globale. Il genoma dei betanodavirus è bisegmentato ed è costituito da due molecole di RNA a singolo filamento: RNA1 e RNA2, che codificano rispettivamente per la polimerasi virale e la proteina capsidica. Sulla base dell'analisi filogenetica del segmento RNA2, i betanodavirus sono stati storicamente suddivisi in 4 genotipi denominati RGNNV, SJNNV, BFNNV e TPNNV. Ad oggi, solo i genotipi RGNNV e SJNNV circolano nel bacino del Mediterraneo dove, recentemente, è stata descritta anche la presenza di riassortanti RGNNV/SJNNV e SJNNV/RGNNV [4, 6]. Attualmente sono disponibili pochissime informazioni circa la patogenicità *in vivo* di queste varianti genetiche [5]. Recenti studi hanno dimostrato che ceppi RGNNV e RGNNV/SJNNV ottenuti tramite metodiche di *reverse genetics*, hanno fitness replicative *in vitro* differenti rispetto a ceppi SJNNV e SJNNV/RGNNV [1] e che ciascun genotipo è caratterizzato da una propria temperatura ottimale di replicazione [2]. Tuttavia non vi sono dati disponibili circa l'efficienza di replicazione a diverse temperature di riassortanti naturali rispetto ai genotipi parentali.

Il presente progetto si propone quindi di indagare quest'aspetto, attraverso test *in vitro* e *in vivo* mirati ad evidenziare, sulla base delle diversità genetiche, differenze fenotipiche tra isolati naturali RGNNV, SJNNV, RGNNV/SJNNV e SJNNV/RGNNV. Queste informazioni saranno utili per

comprendere le basi genetiche che regolano la distribuzione delle quattro varianti oggetto di studio nei diversi ambienti d'acqua marina e dolce e di conseguenza, per valutarne la possibile diffusione o restrizione ai relativi spettri d'ospite. L'analisi filogenetica dei diversi genotipi consentirà lo studio di putative regioni genomiche implicate nella risposta del virus alle diverse temperature. Inoltre, la caratterizzazione molecolare dei betanodavirus, offrirà un supporto al sistema "tracciabilità" del prodotto ittico e all'attività di monitoraggio della distribuzione geografica del patogeno, chiarendo le dinamiche diffusive ed evolvuzionistiche dei betanodavirus nel Mediterraneo e, se possibile, anche nei mari del Nord Europa. Infine, considerata l'importanza economico-strategica della produzione in Italia di larve ed avannotti di specie eurialine e l'impatto che possono avere focolai di ERV in impianti intensivi sugli stock selvatici dell'ecosistema marino, l'acquisizione di queste specifiche informazioni potrà consentire di strutturare piani di controllo e profilassi più efficaci per questa malattia.