

Ricerca corrente IZSVE 25/08 Rilevazione e tipizzazione del virus BVD su campioni diagnostici mediante la metodica array in fase liquida

Responsabile scientifico: dott. Gaddo Vicenzoni

Abstract

La diarrea virale bovina (BVD) è una tra le più importanti malattie infettive presenti negli allevamenti da latte dei paesi a zootecnia avanzata, causa notevoli perdite economiche ed è caratterizzata da riduzione della produzione di latte, ipofertilità, aborto, nascita di vitelli con malformazioni congenite o disvitali, crescita ritardata, mortalità nei giovani ed effetto immunodepressivo con aumento dell'incidenza di altre patologie. Il BVDV (BVD virus) è un virus appartenente alla famiglia *Flaviviridae* genere *Pestivirus* che include anche gli agenti eziologici della peste suina classica (CSFV), della *Border Disease* (BDV) e di altri stipiti virali "atipici". I ceppi BVD possono essere ulteriormente suddivisi in due genotipi, il tipo I e il tipo II. Il genotipo I è più frequentemente isolato in Europa rispetto al genotipo II che risulta molto raro. In Italia, è stato segnalato nel 2001 da Giangaspero. Il BVDV è un virus predisposto a subire mutazioni del genoma e questa sua predisposizione ha permesso di differenziare il genotipo I in undici subgenotipi e il genotipo II in due subgenotipi. I metodi molecolari, come RT-PCR e RT-Real Time PCR, per la rivelazione del BVDV sono risultati essere specifici, sensibili e rapidi ma con una capacità limitata. Queste limitazioni possono essere superate utilizzando la metodica *array* in fase liquida, metodo analitico di recente introduzione caratterizzato da una notevole flessibilità che consente di rivelare e tipizzare molti patogeni o sottotipi simultaneamente. Negli ultimi anni, molti gruppi internazionali hanno utilizzato questa metodica per rivelare o tipizzare virus o batteri. Il progetto proposto ci consentirà di avere un primo approccio con la metodica *array* che ci permetterà di capire appieno le potenzialità dello strumento. La messa a punto della tipizzazione del virus BVD con la metodica *array* è da considerarsi come un primo passo verso la realizzazione di una metodica multiplex più ampia. Questo sarà possibile aggiungendo nuove sonde che ci consentiranno di rivelare nella stessa sezione di lavoro altri pestivirus come già pubblicato. Inoltre sarà anche possibile disegnare delle sonde che

consentano di discriminare tra i vari sottotipi del genotipo I più diffusi in Italia ed in Europa.