

## Ricerca corrente IZSve 05/14

**Sviluppo ed applicazione di strategie di sequenziamento di nuova generazione (NGS) per la caratterizzazione del viroma in volatili e conigli**

**Responsabile Scientifico: Isabella Monne**

Le malattie infettive ad eziologia virale sono responsabili di importanti perdite economiche negli allevamenti intensivi avicoli e cunicoli. Il loro ingresso e diffusione in allevamento è infatti all'origine di significativi costi per le aziende a causa della diminuzione delle performance zootecniche, dell'aumento della mortalità, della necessità di implementare terapie specifiche e nei casi più gravi dell'applicazione di misure profilattiche che prevedono anche l'abbattimento coatto degli animali. Oltre all'impatto sull'economia di un settore di grande rilevanza per il territorio Nazionale, la circolazione virale nella popolazione animale, ed in particolare nelle specie aviarie, rappresenta una possibile minaccia per la salute pubblica come dimostrato in occasione di recenti eventi epidemici influenzali (es. H5N1 ad alta patogenicità, H7N9 a bassa patogenicità) e la sempre più frequente abitudine di introdurre nell'ambiente domestico volatili esotici come animali da compagnia non ha che accentuato il rischio di esposizione dell'uomo a possibili patogeni virali emergenti.

Nonostante la loro notevole rilevanza per la salute animale e pubblica, la diagnosi delle infezioni virali nelle specie avicole e cunicole è ad oggi estremamente complessa a causa della molteplicità di problematiche che possono dare origine a segni clinici simili, all'assenza di una reale conoscenza delle varianti virali presenti in molte specie allevate e soprattutto all'assenza di mezzi diagnostici capaci di identificare e caratterizzare il viroma in queste specie, inteso come il complesso di virus, conosciuti e non, che possono contemporaneamente essere presenti in un individuo.

In questo scenario complesso e solo parzialmente conosciuto, si ritiene strategico poter esplorare le potenzialità delle nuove tecnologie di sequenziamento di nuova generazione (NGS). Tali strumenti hanno infatti reso possibile un approccio innovativo alla diagnostica basato sul sequenziamento massivo degli acidi nucleici presenti all'interno di un campione biologico. Tale approccio è stato ad oggi scarsamente utilizzato in medicina veterinaria ed in particolare per la caratterizzazione del viroma dei volatili e ancor più dei conigli.

Alla luce di queste considerazioni, il presente progetto si pone i seguenti obiettivi:

- Sviluppare ed ottimizzare un sistema diagnostico basato sull'uso delle tecnologie NGS per l'identificazione metagenomica dei virus in campioni biologici prelevati da volatili e conigli
- Applicare la metodologia metagenomica sviluppata a campioni biologici prelevati da volatili da compagnia e di allevamento e da conigli allevati allo scopo di caratterizzarne il viroma

Il presente studio ha quindi lo scopo finale di migliorare i sistemi diagnostici attualmente in uso per l'identificazione di agenti infettivi conosciuti ed emergenti e di generare nuovi dati sulle popolazioni virali presenti in specie ad interesse zootecnico ed in animali d'affezione.