

## Ricerca corrente IZS VE 12/24

**Sorveglianza genomica della Porcine Reproductive and Respiratory Syndrome (PRRS): applicazione di strumenti innovativi per conoscere le dinamiche evolutive e migliorare la gestione ed il controllo dell'infezione in allevamento (PRRS-GEN-FARM)**

**Responsabile scientifico: Denis Vio**

La *Porcine Reproductive and Respiratory Syndrome* (PRRS) è una patologia virale endemica nell'allevamento suino in tutto il mondo, causata da *Betaarterivirus suid 1 e 2* (PRRSV-1 e PRRSV-2). In ragione delle ingenti perdite economiche di cui è causa diretta o indiretta, la PRRS è contrastata tramite l'impiego di vaccini vivi attenuati, con esito tuttavia altalenante, e con l'applicazione di misure di management aziendale.

PRRSV si contraddistingue per l'elevato tasso evolutivo e la tendenza a produrre nuove varianti attraverso la frequente comparsa di mutazioni puntiformi ed eventi di ricombinazione genetica.

Sono state descritte molteplici varianti emerse a seguito della ricombinazione tra ceppi di campo, tra ceppi di campo e vaccinali e tra ceppi vaccinali. La caratterizzazione genetica di PRRSV in Italia si è basata finora sul sequenziamento di due Open Reading Frame (ORF5 e ORF 7) che rappresentano circa il 6% dell'intero genoma. Gli studi sul genoma completo di PRRSV effettuati recentemente in Belgio e Canada tramite *Next Generation Sequencing* (NGS) hanno dimostrato le potenzialità della sorveglianza genomica nello svelare la variabilità dei virus circolanti e nel comprendere l'impatto delle diverse varianti sul controllo dell'infezione.

Il progetto ha lo scopo di rendere disponibili nuovi strumenti per caratterizzare la variabilità genomica di PRRSV basati sul sequenziamento dell'intero genoma. Ad oggi, nel contesto italiano, sono disponibili solo informazioni parziali sulla variabilità virale, che sebbene forniscano un quadro suggestivo dell'epidemiologia molecolare e delle dinamiche di PRRSV, sono prive della risoluzione necessaria per identificare specifici link epidemiologici o per stabilire associazioni con forme cliniche di particolare interesse. Integrando i risultati dell'analisi bioinformatica dei genomi virali e dei metadati aziendali, il progetto punta ad ottimizzare il controllo della PRRS attraverso la migliore comprensione delle dinamiche evolutive e di disseminazione del virus, valutandone l'impatto sugli allevamenti.