

SIPAS NEWSletter

Settembre 2011

ANNO IV n. 9

Reprod Fertil Dev. 2011 Set; 23 (7): 889-98.

Limitato apporto alimentare in scrofe primipare in lattazione. I. Effetti sullo stato metabolico e sulla successiva capacità riproduttiva della scrofa.

Patterson JL, Smit MN, Novak S, Wellen AP, Foxcroft GR.

Swine Reproduction-Development Program, Department of Agricultural, Food and Nutritional Science, University of Alberta, Edmonton, AB, T6G 2P5, Canada.

In questo studio sono stati valutati gli effetti di un programma di restrizione alimentare (60% dell'apporto alimentare previsto; gruppo "restrizione"; n = 60) in scrofe primipare durante l'ultima settimana di lattazione (21 giorni), rispetto ad un'alimentazione al 90% dell'apporto alimentare previsto ("controllo", n = 60). In particolare sono stati valutati gli effetti su stato metabolico della scrofa, crescita della nidiata e performance riproduttive della scrofa dopo lo svezzamento. L'energia metabolizzabile (ME) derivata dall'alimento è risultata inferiore nel gruppo "restrizione" durante l'ultima settimana di lattazione rispetto al gruppo "controllo", mentre la ME derivante dalla mobilitazione dai tessuti corporei è risultata superiore. Il tasso di crescita della nidiata è risultato inferiore nei suinetti di scrofe appartenenti al gruppo "restrizione" ($P < 0.05$). Il trattamento non ha influenzato l'intervallo svezzamento-calore, il tasso di fertilità, il tasso di ovulazione, la sopravvivenza embrionale o il numero di embrioni vivi ($p > 0,05$) al trentesimo giorno di gestazione; tuttavia il peso dell'embrione era maggiore ($p < 0,05$) nel gruppo "controllo" rispetto al gruppo "restrizione" ($1,55 \pm 0,04g$ e $1,44 \pm 0,04g$ rispettivamente). Questi dati suggeriscono che la biologia della scrofa allevata è cambiata e che la capacità riproduttiva delle scrofe primipare è diventata sempre più resistente agli effetti negativi del

catabolismo legato alla lattazione. Nel complesso, il catabolismo ha influenzato negativamente il peso dei suinetti in svezzamento e lo sviluppo embrionale della successiva nidiata, ma il punto fino a cui la singola scrofa mobilita le proprie riserve energetiche dei tessuti per sostenere questi effetti sulla prole è risultato variabile.

Reprod Fertil Dev. 2011 Set; 23 (7) :899-911.

Limitato apporto alimentare in scrofe primipare in lattazione. II. Effetti sul rapporto tra i due sessi nella nidiata successiva e sull'espressione genica embrionale.

Oliver G, Novak S, JL Patterson, Pasternak JA, Paradis F, Norrby M, Oxtoby K, Dyck MK, Dixon WT, Foxcroft GR.

Swine Reproduction-Development Program, Department of Agricultural, Food and Nutritional Science, University of Alberta, Edmonton, AB, T6G 2P5, Canada.

Nello studio è stata analizzata l'espressione di gruppi di geni candidati al controllo della miogenesi, dell'angiogenesi e dell'imprinting di sviluppo specifico per sesso, in tessuti embrionali, placentari ed endometriali campionati al trentesimo giorno di gestazione da un gruppo di scrofe primipare sottoposte ad un programma di restrizione alimentare ("restrizione"; n = 17) e da un gruppo alimentato ad libitum ("controllo", n = 15) durante l'ultima settimana della lattazione precedente. Gli embrioni sono stati sessati per valutare il "bias" statistico associato al sesso in risposta ai trattamenti. Il peso medio degli embrioni è risultato inferiore nel gruppo "restrizione" rispetto al gruppo "controllo" ($1,38 \pm 0,07g$ e $1,59 \pm 0,08g$ rispettivamente) e il rapporto maschio/femmina è risultato superiore negli embrioni (nidiata) di scrofe appartenenti al gruppo "restrizione" (P

<0,05). Il trattamento alimentare ha influenzato ($p \leq 0,05$) l'espressione di geni embrionali e placentari coinvolti nella segnalazione dipendente da "insulin-like growth factor" (IGF) 2, compresi IGF2, INSR e IGF2R. Anche l'espressione embrionale di ESR1 è stata influenzata dal trattamento ($P < 0,03$) e sono state osservate interazioni sesso \times trattamento sia per l'espressione di ESR1 embrionale ($P < 0,05$), sia di ANGPT2 placentare ($P < 0,03$). A livello molecolare, questi risultati supportano l'ipotesi che le alterazioni della funzionalità placentare non sono il meccanismo principale che media gli effetti dannosi del precedente catabolismo della scrofa sui primi stadi dello sviluppo embrionale nella scrofa sottoposta a restrizione alimentare durante la lattazione. Tuttavia, gli sconvolgimenti nel sistema IGF2 sono coinvolti come mediatori di questi effetti.

J Virol. 2011 Set 7.

Il "viroma" fecale di suini in un allevamento intensivo.

Shan T, Li L, P Simmonds, Wang C, Moeser A, Delwart E.

Blood Systems Research Institute, San Francisco, CA, USA.

I suini sono un'importante fonte di proteine a livello mondiale, ma sono soggetti a frequenti infezioni da virus, alcuni dei quali sono in grado di infettare anche l'uomo. Inoltre, le moderne condizioni di allevamento possono aumentare la trasmissione dei virus e la diffusione di potenziali agenti zoonotici. In questo lavoro viene descritto il "viroma" (cioè la popolazione virale e la sua dinamica), rilevato mediante metagenomica, nelle feci di 24 suinetti sani e 12 suinetti con diarrea in un allevamento intensivo. I suinetti sani sono risultati escretori, in media, di 4,2 differenti virus, il che riflette un alto livello di infezioni asintomatiche. I suinetti con diarrea sono risultati escretori, in media, di 5,4 virus. Il 99% delle sequenze virali sono state correlate a famiglie di virus a RNA: Picornaviridae, Astroviridae, Coronaviridae e Caliciviridae, mentre l'1% a virus a DNA delle famiglie Circoviridae e Parvoviridae. I virus suini a RNA identificati in un numero ridotto di sequenze sono risultati essere Kobuvirus, Astrovirus, Enterovirus, Sapovirus,

Sapelovirus, Coronavirus, Bocavirus e Teschovirus. I genomi quasi completi delle nuove specie di Astrovirus e Bocavirus suini sono stati analizzati filogeneticamente. Sono stati caratterizzati anche differenti piccoli genomi a DNA circolare codificanti per le replicasi, e due membri appartenenti all'ordine picornavirales altamente divergenti tra loro. Nel lavoro è stata discussa la possibilità che questi genomi virali abbiano origine da infezioni sostenute da protozoi e nematodi, considerando la notevole somiglianza delle sequenze geniche. L'indagine condotta sulle feci di suini allevati intensivamente, ha rivelato che sono frequenti le co-infezioni di pool di virus molto differenti tra loro, una condizione peraltro favorevole alla ricombinazione virale. Un'attenta sorveglianza virologica può documentare con rapidità la circolazione di virus, conosciuti e nuovi, e facilitare sia il rilevamento di virus emergenti, che la valutazione del loro potenziale patogenetico e zoonotico.

Vet Rec., 2011 Set 2.

Focoli associati e controllo della sindrome riproduttiva e respiratoria del suino e della sindrome multisistemica di deperimento postsvezzamento in un allevamento suino in Polonia.

Stadejek T, Podgorska K, Porowski M, Jablonski A, Pejsak Z.

Department of Swine Diseases, National Veterinary Research Institute, Partyzantow 57, 24-100 Pulawy, Poland.

In un allevamento a ciclo chiuso avviato da poco, PRRSV-free e infetto da PCV-2, sono stati segnalati disordini riproduttivi sette mesi dopo l'introduzione dei capi. Il tasso di concepimento è sceso dal 89% al 51% e il tasso di aborto è aumentato da 0,5% a 11%. Il mese successivo sono state osservate nei suinetti svezzati lesioni caratteristiche della sindrome multisistemica di deperimento post-svezzamento (PMWS) e tassi di mortalità elevati. Gli esami di laboratorio hanno confermato l'insufficienza riproduttiva dovuta a PRRSV e alla PMWS associata ad una apparente attivazione del PCV-2 circolante in azienda. L'allevamento è stato chiuso alla rimonta esterna e sono state intraprese misure

per migliorare l'igiene, le condizioni ambientali e di alimentazione degli animali. Il tasso di aborto è tornato ai livelli precedenti il focolaio quattro mesi dopo l'inizio del focolaio di PRRS e il tasso di concepimento è tornato alla normalità nei successivi quattro mesi. Per quanto riguarda i casi di PMWS è stato osservato un lento miglioramento, le perdite associate alla PMWS non si sono più avute nove mesi dopo l'inizio del focolaio. L'analisi dei profili sierologici di sieroconversione per PCV-2 e PRRSV durante l'epidemia e nei mesi successivi ha indicato che, mentre le scrofe e i suinetti si sono negativizzati per PRRSV grazie alle misure adottate, l'infezione da PCV-2 non ha subito variazioni nel tempo ed era presente a sette settimane di vita, durante il focolaio di PMWS ed anche dopo la conclusione del focolaio stesso. Tuttavia, la conclusione del focolaio di PMWS in allevamento è coincisa con l'aumento dei livelli di anticorpi per PCV-2 di origine materna nei suinetti da una a cinque settimane di vita e quindi ad una risposta sierologica più rapida all'infezione da PCV-2.

Emerg Infect Dis. 2011 Set; 17 (9) :1782-4.

**Variante altamente patogena del virus della
sindrome riproduttiva e respiratoria del suino,
Asia.**

Un TQ, Tian ZJ, Lung CL, Peng JM, Tong GZ.

State Key Laboratory of Veterinary
Biotechnology, Harbin Veterinary Research
Institute, Harbin City, People's Republic of China.

Recentemente, una nuova variante altamente virulenta del virus della sindrome riproduttiva e respiratoria del suino (PRRSV), descritta per la prima volta nel 2006 nella Repubblica Popolare Cinese e nel Vietnam, si è diffusa rapidamente nei suini del sud est asiatico. I paesi colpiti sono stati il Bhutan, la Cambogia, il Laos, la Malesia, il Myanmar, le Filippine, la Thailandia e Singapore. Inoltre sono stati descritti casi anche nell'Asia orientale e settentrionale, in Corea del Sud e in Russia. L'epidemia non solo ha colpito i grandi allevamenti commerciali, ma quelli non industriali, creando un serio problema per l'industria suina e per la sicurezza alimentare a livello internazionale. Nel febbraio 2011 anche la Animal Breeding Agency di Ulaanbaatar, Mongolia, ha confermato un focolaio di sindrome riproduttiva e respiratoria (PRRS). Anche i Paesi

confinanti, come il Giappone, la Corea del Nord, l'Indonesia e gli altri Paesi dell'area asiatica, sono quindi a rischio di introduzione e diffusione della nuova variante di PRRSV.

Prev Vet Med. 2011 Jul 1;100(3-4):248-51.

**Valutazione dei fattori di rischio individuali
della scrofa per mastite da coliformi: un
studio caso-controllo.**

Gerjets io, Traulsen I, K Reiners, Kemper N.

Institute of Animal Breeding and Husbandry,
Christian-Albrechts-University Kiel,
Olshausenstraße 40, D-24098 Kiel, Germany.

Uno studio della durata di 28 mesi è stato condotto al fine di indagare quali sono i fattori di rischio specifici della scrofa associati alle mastiti da coliformi. I dati di tre allevamenti di suini sono stati raccolti durante la normale attività produttiva. Le scrofe che dopo il parto mostravano mastite da coliformi sono state utilizzate come "casi", mentre le scrofe sane, sorelle e mezze sorelle delle precedenti, dello stesso allevamento sono state impiegate come "controlli". Le caratteristiche individuali della scrofa e l'influenza della stagione sono state analizzate statisticamente. Il modello finale ha individuato quattro fattori di rischio: il rischio di contrarre mastite da coliformi è aumentato all'aumentare del numero di suinetti nati vivi e nati morti. Le scrofette hanno avuto un rischio più alto, ed anche l'assistenza al parto è stata associata ad una maggiore prevalenza di mastiti. L'induzione al parto e la stagione non hanno avuto alcuna influenza significativa sull'insorgenza di mastiti da coliformi. Il parto e i momenti immediatamente successivi rappresentano un periodo molto delicato nella produzione di suini e necessitano per questo di grande attenzione da parte dell'allevatore. Per quanto riguarda le perdite economiche, il monitoraggio delle scrofe potenzialmente a rischio di mastite, così come il mantenimento di una documentazione dettagliata e la selezione dei casi di malattia sono quindi particolarmente importanti per il controllo delle mastiti.

Vet Microbiol. 2011 Giu 2; 150 (3-4) :230-8.

Un anno di studio sulla dinamica e l'evoluzione del PRRSV tipo I e II in un allevamento di suini.

HK Kim, Park SJ, Rho SM, Han JY, Nguyen VG, Parco BK.

Department of Veterinary Medicine Virology Laboratory, College of Veterinary Medicine and BK21 Program for Veterinary Science, Seoul National University, 599 Gwanangno, Gwanak-Gu, Seoul, 151-742, Republic of Korea.

Lo scopo di questo studio è stato quello di analizzare la dinamica e l'evoluzione di PRRSV in un allevamento di suini dal 11 giugno 2009 al 4 agosto 2010. Ogni 2 settimane sono stati campionati ed inviati al laboratorio di analisi circa 18-24 cordoni ombelicali, ottenuti da scrofe partorienti, e 5-95 sieri di suini sottoscrofa e in accrescimento/ingrasso. I campioni sono stati esaminati per PRRSV utilizzando un kit ELISA del commercio e una RT-nested PCR. I campioni PRRSV positivi sono stati successivamente sequenziati per la ORF5 e analizzati utilizzando MEGA 3.1 e Beast 1.5.4. L'allevamento inizialmente era infetto per un ceppo di PRRSV di tipo II, e successivamente è risultato infetto con un ceppo di PRRSV di tipo I di origine sconosciuta, che nell'arco di due settimane si è rapidamente sostituito all'altro come ceppo dominante. Il ceppo PRRSV tipo I è stato identificato prima nel cordone ombelicale di una scrofa che ha partorito il 12 gennaio 2010, e successivamente in un suinetto in sala parto il 26 gennaio 2010. Nonostante sia stato rilevato un improvviso aumento del rapporto medio S/P nei suini in accrescimento e finissaggio nei 2 mesi precedenti il primo rilevamento di PRRSV tipo I, non è stata riscontrata nessuna viremia da PRRSV tipo I. Inoltre sono state ottenute in ordine cronologico trentatré sequenze complete del ORF5, 14 da PRRSV tipo II e 19 da PRRSV tipo I. Di queste sequenze sono stati poi analizzati i tassi di evoluzione. I tassi di sostituzione (/sito/giorno) dei due tipi di PRRSV sono stati valutati pari a $4,03 \times 10^{-5}$ per il tipo I e $3,09 \times 10^{-5}$ per il tipo II, e sono risultati più frequenti rispetto a quanto riportato precedentemente. Il tempo di divergenza calcolato per PRRSV tipo I è risultato coerente con il primo innalzamento improvviso delle IgG nel siero dei suini in accrescimento e finissaggio rilevato. Questo

studio ha fornito dati fondamentali per lo studio della dinamica dell'infezione da PRRSV tipo I in un allevamento precedentemente infetto da PRRSV di tipo II e ha suggerito come l'ingrasso possa essere il sito primario per l'introduzione di PRRSV.

Vet Microbiol. 2011 Lug 5.

Circovirus suino di tipo 2 aumenta la morbilità di *Salmonella enterica* serovar *Choleraesuis* in suini nati con parto cesareo e privati del colostro.

Takada Iwao-A, Nakanishi M, Souma J, S Chikata, Okuda Y, Y Imai, Sato S.

Zen-Noh Institute of Animal Health, 7 Ohjamaichi, Sakura, Chiba 285-0043, Giappone.

Circovirus suino di tipo 2 (PCV2) e *Salmonella enterica* subsp. *enterica* serovar *Choleraesuis* (*S. Choleraesuis*) sono due delle principali cause di perdite economiche nel settore dell'industria suinicola. Nonostante l'infezione da *S. Choleraesuis* si verifichi in molti allevamenti di suini in concomitanza con PCVAD, la patogenesi dell'infezione concomitante da PCV2 e *S. Choleraesuis* rimane in gran parte sconosciuta. L'obiettivo è stato quello di studiare le interazioni tra PCV2 e *S. Choleraesuis* in 20 suinetti, nati con parto cesareo e privati del colostro (CDCD), assegnati in modo casuale a 4 gruppi (n=5 per gruppo). I suinetti del gruppo della doppia infezione PCV2 e *S. Choleraesuis* e del gruppo infetto solo con PCV2, sono stati inoculati per via intranasale con PCV2 a 5 settimane di vita, mentre i suinetti del gruppo della doppia infezione PCV2 e *S. Choleraesuis* e quelli del gruppo infetto da *S. Choleraesuis*, sono stati inoculati per via intranasale con *S. Choleraesuis* a 7 settimane di vita. Il gruppo 4 è stato utilizzato come controllo. Nel gruppo infetto da PCV2 e *S. Choleraesuis* sono state osservate dopo l'inoculazione di *S. Choleraesuis*, a differenza degli altri gruppi, una grave sintomatologia clinica, una riduzione dell'incremento ponderale medio e gravi lesioni microscopiche polmonari. Inoltre nei 12 giorni successivi all'inoculazione di *S. Choleraesuis*, i suini con doppia infezione hanno eliminato quantità significativamente ($p = 0,002$) maggiori di *S. Choleraesuis* nelle feci, e *S. Choleraesuis* è

stata rilevata 14 giorni dopo l'inoculazione, in più tessuti rispetto gli altri gruppi. Questi risultati indicano che una precedente infezione da PCV2 potenzia la gravità della sintomatologia clinica, delle lesioni polmonari, e aumenta l'eliminazione fecale e la diffusione tissutale di *S. Choleraesuis* nei suini infetti. Pertanto, la coinfezione da PCV2 e *S. Choleraesuis* nei suini può incrementare gli effetti clinici di salmonellosi anche in condizioni di campo.

J Anim. 2011 Ago 19.

Effetto delle caratteristiche della scrofa sulla crescita e l'assunzione di cibo nei suini in accrescimento/finissaggio.

Sell-Kubiak E, Knol EF, Bijma P.

Animal Breeding and Genomics Centre,
Wageningen University, PO Box 338, 6700 AH
Wageningen, The Netherlands.

La scrofa fornisce un ambiente specifico per la sua prole durante la gestazione e l'allattamento. Alcuni aspetti del primo periodo di vita della scrofa (caratteri storici della scrofa) possono influenzare la sua capacità di partorire suinetti sani e di alimentarli correttamente. Nelle analisi genetiche dei caratteri di accrescimento/ingrasso questi effetti sono stimati come un effetto comune della nidiata o permanente della scrofa. L'obiettivo di questa ricerca è stato quello di identificare quelle caratteristiche storiche della scrofa che influenzano il tasso di crescita (GR) e il consumo alimentare (FI) dei loro suinetti durante gli stadi di accrescimento/ingrasso. Tra maggio 2001 e febbraio 2010 sono stati registrati, presso le stalle sperimentali del Institute for Pig Genetics (Beilen, Netherlands), i dati di 17.743 suini da ingrasso, nati da 604 verri e 681 scrofe. Il periodo dell'ingrasso è stato diviso in due fasi (fase uno: 26-75 kg e fase due: 75-115 kg). Della scrofa sono stati valutati i seguenti caratteri storici: dimensioni della nidiata alla nascita, anno e stagione di nascita, allevamento di nascita, età allo svezzamento, età al momento del trasferimento alle stalle sperimentali ed età alla prima inseminazione. Questi dati sono stati aggiunti uno alla volta ad un modello base al fine di studiare il loro effetto sui caratteri di accrescimento/ingrasso dei suini. In seguito i caratteri delle scrofe sono stati inseriti

simultaneamente in un modello animale (significatività $p < 0,1$). Per ogni suinetto in più nella nidiata di nascita della scrofa, il GR della sua nidiata è diminuito di 1 gr/giorno e il FI è diminuito di 4 gr /giorno. Ogni giorno in più per la prima inseminazione ha aumentato il GR della nidiata di 0,1 gr/giorno. Le stime di ereditabilità per GR e FI (solo nella fase due dell'accrescimento/ingrasso) sono diminuite dopo aver aggiunto i tratti della scrofa al modello. Non sono state riscontrate differenze fra le stime degli effetti comuni della nidiata fra il modello base e il modello a cui erano stati aggiunti tutti i caratteri delle scrofe. Le stime degli effetti permanenti delle scrofe sono cambiate per FI da 0,03 (modello base) a 0,00 (modello con i tratti delle scrofe) e per FI nella fase uno dell'ingrasso l'effetto permanente della scrofa è diminuito da 0,03 (modello base) a 0,01 (modello con tratti delle scrofe). In conclusione, la selezione dei caratteri delle scrofe ha un effetto diretto sui caratteri dei suini in fase di accrescimento/ingrasso, ma le loro stime sono limitate e spiegano solo in piccola parte delle differenze di GR e FI nei suini in accrescimento/ingrasso. I caratteri delle scrofe hanno spiegato solo in parte l'effetto permanente della scrofa in relazione al FI e non hanno spiegato gli effetti comuni della nidiata. Anche se i caratteri associati ai primi anni di vita delle scrofe possono influenzare i tratti dei suinetti, non è possibile prevedere quali scrofe daranno origine ad una prole con performance migliori durante la fase di accrescimento-ingrasso.