

Anim Reprod Sci. 2010 Jul 27

**Impatto dell'infezione da virus della diarrea epidemica del suino a diversi momenti della gravidanza sulle successive performance riproduttive di scrofette e scrofe.**

**Olanratmanee EO, Kunavongkrit A, Tummaruk P.**  
Department of Obstetrics, Gynaecology and Reproduction, Faculty of Veterinary Science, Chulalongkorn University, Bangkok 10330, Thailand.

In questo studio sono state valutate le performance riproduttive di scrofette e scrofe in un allevamento suino in seguito a un focolaio di infezione da virus della diarrea epidemica suina (PEDV). Un focolaio di PEDV è stato osservato a marzo 2008 in un allevamento suino in Thailandia. I sintomi clinici, le alterazioni istologiche e la PCR hanno permesso di diagnosticare la malattia. Gli intestini dei suinetti infetti sono stati prelevati, omogenizzati e utilizzati per l'infezione per os di tutte le scrofette e le scrofe nelle due settimane dopo l'inizio del focolaio di PEDV. I dati riproduttivi sono stati raccolti durante il periodo da gennaio 2007 a luglio 2008 e sono stati valutati retrospettivamente. Sono stati confrontati il tasso di parto (FR), il tasso di ritorno (RR), il tasso di aborto (AR), il numero totale di suinetti nati per nidiata (TB), il numero di suinetti nati vivi per nidiata (BA), la percentuale di suinetti nati morti per nidiata (SB), la percentuale di feti mummificati per nidiata (MM) e il peso del suinetto alla nascita (pc), prima e dopo l'inizio del focolaio di PEDV. Si è riscontrato che l'impatto dell'infezione da PEDV sulle performance riproduttive delle scrofette e delle scrofe dipendeva dal momento della gravidanza durante il quale venivano esposte al patogeno, e dal numero di parti. Le femmine gravide che si sono infettate con PEDV durante i primi 30 giorni di gravidanza hanno avuto una diminuzione di 12,6 punti percentuali di FR (91,1% vs 78,5%,  $P = 0,003$ ), un incremento di 5,7 punti percentuali di RR (3,5% vs 9,2%,  $P = 0,01$ ), un aumento di 1,3 punti percentuali di AR (2,1% vs 3,4%,  $P = 0,01$ ) e un aumento di 2,0 punti percentuali di MM (3,5% vs 5,6%,  $P < 0,001$ ). SB è aumentato nelle femmine gravide che sono state infettate da PEDV tra il 91° e il 120° giorno di gravidanza (1,8 punti percentuali, 4,5% vs 6,2%,  $P = 0,01$ ). L'impatto dell'infezione da PEDV sulle successive performance riproduttive è risultato più grave nelle scrofette gravide rispetto alle scrofe gravide. L'infezione da PEDV durante i primi 30 giorni di gravidanza ha determinato una diminuzione del TB di 1,4 (11,7 vs 10,3 suinetti / nidiata,  $P < 0,001$ ) e una diminuzione del BA di 2,2 (10,7 rispetto a 8,5 suinetti / nidiata,  $P < 0,001$ ) nelle nidiata delle scrofette, mentre l'influenza dell'infezione da PEDV su TB e BA non è stata significativa nelle scrofe ( $P > 0,05$ ). In conclusione l'infezione naturale da PEDV in scrofette e scrofe

gravide ha causato una diminuzione delle successive performance riproduttive.

Vet Microbiol. 2010 Jul 15.

**Studio longitudinale dei modelli di infezione respiratoria in scrofe da riproduzione in cinque allevamenti a ciclo chiuso.**

**Fablet C, Marois C, Kuntz-Simon G, Rose N, Dorenlor V, Eono F, Eveno E, Jolly JP, Le Devendec L, Tocqueville V, Quéguiner S, Gorin S, Kobisch M, Madec F.**

Agence Française de Sécurité Sanitaire des Aliments (AFSSA), Unité d'Epidémiologie et de Bien-Etre du Porc, B.P. 53, 22440 Ploufragan, France.

È stato condotto uno studio longitudinale in cinque allevamenti suini francesi a ciclo chiuso colpiti in modo differente da patologie respiratorie per descrivere lo stato di portatore e i modelli di infezione delle partite di scrofe per vari patogeni respiratori durante gestazione e allattamento. Un'intera partita di scrofe è stata seguita nel corso di due cicli riproduttivi consecutivi. Tamponi nasali, tonsillari e oro-faringei e campioni di sangue sono stati prelevati da ogni scrofa 9 e 4 settimane prima del parto e 1 e 4 settimane dopo il parto. *Mycoplasma hyopneumoniae*, *Actinobacillus pleuropneumoniae*, *Pasteurella multocida*, *Haemophilus parasuis* e *Streptococcus suis* sono stati rilevati dai tamponi mediante PCR. I campioni di sangue sono stati testati per gli anticorpi contro *M. hyopneumoniae*, *A. pleuropneumoniae* sierotipi 1-9-11 e 2, *Circovirus* suino tipo-2 (PCV-2) e virus della sindrome riproduttiva e respiratoria del suino (PRRSV) mediante test ELISA. Gli anticorpi nei confronti dei virus influenzali suini (SIV) H1N1, H1N2 e H3N2 dei lignaggi europei sono stati testati mediante test di inibizione dell'emoagglutinazione. I risultati indicano che *S. suis* è ampiamente diffuso tra le scrofe (67,1% di scrofe positive alla PCR). *A. pleuropneumoniae*, *P. multocida*, e *H. parasuis* sono stati rilevati mediante PCR nel 30,9%, 24,6% e 23,4% delle scrofe, rispettivamente. Gli anticorpi contro *M. hyopneumoniae* sono stati rilevati da oltre il 55% delle scrofe in tutti gli allevamenti mentre il microrganismo è stato rilevato nel 2,4% delle scrofe. Anche se le infezioni da PCV-2 e da SIV sono risultate ad alta prevalenza, i pattern di infezione da PRRSV erano compresi nel range: da nessuna infezione, negli allevamenti lievemente colpiti da malattie respiratorie, a circolazione attiva negli allevamenti più gravemente colpiti. La popolazione delle scrofe costituisce quindi un serbatoio per una circolazione continua di patogeni respiratori e deve essere adeguatamente presa in considerazione nelle strategie di controllo.

Vet Immunol Immunopathol. 2010 Aug 10

### Identificazione e verifica in vitro di biomarker infiammatori nel suino.

**Peters SM, Yancy H, Bremer E, Monroe J, Paul D, Stubbs JT 3rd, Myers MJ.**

US FDA/CVM, 8401 Muirkirk Road, 8401 Muirkirk Road, Laurel, MD 20708, United States; Department of Microbiology, Howard University, Washington, DC 20059, United States.

Attualmente non ci sono farmaci anti-infiammatori non steroidei (FANS) approvati per il controllo dell'infiammazione nei suini, poiché non esistono modelli animali validati e biomarker idonei per valutare l'efficacia del farmaco. Questo studio analizza l'espressione differenziale dei geni alterati in risposta all'infiammazione indotta dal lipopolisaccaride (LPS) di *Escherichia coli*, che può servire come indicatore dell'efficacia dei FANS. Sangue intero non stimolato prelevato da suini è stato miscelato con terreno di coltura, stimolato con LPS, e l'RNA è stato estratto ai seguenti intervalli di tempo 0h, 1h, 3h, 24h e 48h. L'RNA totale è stato estratto e analizzato utilizzando un DNA microarray commerciale. Il DNA microarray è stato utilizzato come screening per determinare i potenziali biomarker, focalizzando i geni che mostrano il massimo grado di espressione differenziale. Un elenco di 57 geni è stato ottenuto in base all'espressione differenziale come risultato della stimolazione. In seguito alle analisi, 12 geni la cui espressione è risultata significativamente alterata (8 up e 4 down- regolati) sono stati scelti per la verifica attraverso una RT-PCR quantitativa (qRT-PCR). L'analisi qRT-PCR ha confermato l'espressione differenziale di 11 dei 12 geni scelti attraverso le analisi di microarray. In particolare, i geni tradizionali come ASA, G-CSF e IL-10 sono stati up-regolati, mentre è stato down-regolato il CD4; tutti i geni sono stati alterati in 24 o 48 ore post-stimolazione. Questo lavoro dimostra che l'espressione di questi 11 geni viene alterata come risultato diretto dello stimolo da LPS e di conseguenza dall'infiammazione.

J Food Prot. 2010 Sep;73(9):1680-3.

### Prevalenza di ceppi patogeni di *Yersinia enterocolitica* sulla superficie del fegato di suini e loro sensibilità agli antimicrobici.

**von Altrock A, Roesler U, Merle R, Waldmann KH.**  
Clinic for Swine, Small Ruminants, Forensic Medicine and Ambulatory Service, University of Veterinary Medicine Hannover, Foundation, Bischofsholer Damm 15, D-30173 Hannover, Germany.

È stato condotto uno studio in un macello in Bassa Sassonia, Germania per determinare la presenza di *Yersinia enterocolitica* patogena sulle superfici dei fegati di suini macellati e il pattern di resistenza agli antimicrobici degli isolati. Durante la macellazione, sono stati fatti i tamponi di 1.500 superfici di fegati di suini provenienti da 50 allevamenti da ingrasso, al fine di isolare e caratterizzare ceppi di *Y. enterocolitica* mediante sierotipizzazione, rilevamento del plasmide di virulenza codificante il gene *yopT*, e test di resistenza. Dei fegati testati, il 4,7% è risultato positivo per *Y. enterocolitica* O: 3, il solo sierotipo identificato. Il gene *yopT* associato alla virulenza è stato rilevato nel 90,0% di questi isolati. La sensibilità antimicrobica è stata testata con il metodo di diluizione in brodo, e sono state determinate le MIC per 13 antimicrobici. Tutti gli isolati erano resistenti ad ampicillina e sulfametossazolo, mentre erano sensibili a ciprofloxacina, acido nalidixico, gentamicina, ceftiofur, tetraciclina, kanamicina, cefotaxime, e clorfenicolo. Fino ad oggi, la resistenza al florfenicolo è sempre stata descritta in combinazione alla resistenza al cloramfenicolo. Nel presente studio, il 15,3% degli isolati sono risultati resistenti a florfenicolo, ma non sono stati rilevati ceppi resistenti al cloramfenicolo. La multiresistenza a tre o più antimicrobici è stata individuata in 22 ceppi (27,3%). Tuttavia, le cefalosporine di terza generazione o i fluorochinoloni, che sono raccomandati per le infezioni extraintestinali da *Y. enterocolitica* nell'uomo, non sono stati interessati.

J Prev Med Hyg. 2009 Dec;50(4):227-31.

### Dimostrazione dell'infezione da virus dell'epatite E (HEV) in uomo e suini in Sardegna, Italia.

**Masia G, Orrù G, Liciardi M, Desogus G, Coppola RC, Murru V, Argiolas M, Orrù G.**

Department of Public Health, University of Cagliari, Italy.

Lo scopo di questo studio è stato quello di determinare la sieroprevalenza degli anticorpi anti-HEV in sieri umani e di studiare la prevalenza di HEV in suini di diverse aziende agricole della Sardegna, valutando la presenza del RNA di HEV in campioni di bile. Nei primi sei mesi del 2008, sono stati scelti 532 soggetti dei quali 402 donatori di sangue e di 130 lavoratori esposti a rischio zoonosico. Gli anticorpi anti-HEV sono stati determinati in ELISA. Nei soggetti positivi, l'RNA è stato estratto e analizzato mediante RT-Nested-PCR. Da luglio 2006 a marzo 2007, sono stati prelevati 95 campioni di bile da suini selezionati in modo casuale. L'RNA è stato estratto da 250 microl di bile e testato in RT-Nested-PCR. La prevalenza complessiva di anticorpi anti-HEV è stata del 4,3%, 5,0% tra i donatori di sangue e del 2,3% tra i lavoratori a rischio zoonotico, senza differenze statisticamente significative tra sesso,

classi di età e professione. La ricerca di HEV-RNA nei soggetti positivi per gli anticorpi, ha dato risultati negativi. Il genoma di HEV è stato rilevato in 6 dei 95 campioni di bile suina testati. Le sequenze si sono clusterizzate all'interno del genotipo 3 e sono pubblicate in GenBank con i seguenti numeri di accesso: da FJ850960 a FJ850962 e da FJ883000 a FJ883002. La prevalenza totale di anticorpi anti-HEV dimostra che il virus circola senza dare origine a casi di epatite acuta. La bassa prevalenza rilevata tra i lavoratori a rischio zoonotico non sembra avvalorare l'ipotesi di un rischio professionale. In questo studio, l'RNA di HEV è stato rilevato per la prima volta da suini in Sardegna confermando comunque il ruolo dei suini come serbatoio di HEV e la possibilità di trasmissione del virus agli esseri umani.

Microb Drug Resist. 2010 Aug 24.

#### **Caratterizzazione di isolati suini di Campylobacter coli eritromicina-resistenti.**

**Shin E, Lee Y.**

Culture Collection of Antimicrobial Resistant Microbes,  
Department of Biology, Seoul Women's University,  
Seoul, Korea.

Ceppi di Campylobacter eritromicina resistenti sono stati isolati da suini, ed è stata caratterizzata la loro antibiotico-resistenza. Centoquattordici Campylobacter sono stati isolati da 572 campioni intestinali di suini. Tutti gli isolati sono stati identificati come Campylobacter coli mediante analisi di sequenza del gene 16S rRNA e PCR con primers specifici per il gene hippuricase per Campylobacter jejuni e per il gene aspartokinase per C. coli. Le concentrazioni minime inibenti (MIC) di eritromicina sono state determinate utilizzando il metodo di diluizione in agar, e 80 isolati sono risultati resistenti all'eritromicina (MIC<sub>50</sub> = 4 µg / ml). Di questi, 31 isolati presentavano un basso livello di resistenza (HLR, MIC<sub>50</sub> = 32 µg / ml), e 49 isolati un alto livello di resistenza (HLR, MIC<sub>50</sub> = 32 µg / ml). Gli isolati HLR presentavano una mutazione puntiforme in posizione A2075 -> G nel dominio V del gene rRNA 23S, mentre gli isolati con bassa resistenza non presentavano alcuna mutazione. Questi 49 isolati HLR sono stati caratterizzati mediante elettroforesi su gel a campo pulsato e multi locus sequence typing al fine di studiare la loro diversità genetica. Mediante elettroforesi su gel in campo pulsato sono stati identificati 16 tipi distinti, con il 50% di identità genetica come cutoff. D'altra parte, 28 tipi di sequenze diverse (STS), di cui 10 nuovi ST, sono stati identificati mediante multi locus sequence typing. Quarantasei dei 49 isolati eritromicina-HLR hanno mostrato resistenza crociata a 6 derivati macrolidi. La correlazione tra l'attività inibitoria del carbonil cianide m-clorofenilidrazone e l'esistenza del cmeB, responsabile dell'efflusso negli isolati HLR, è

risultata bassa. La resistenza all'eritromicina è stata trasferita da 38 dei 43 isolati HLR a C. coli sensibili mediante trasformazione naturale, con una frequenza di  $1,217 \times 10^{-8}$  -  $4,618 \times 10^{-5}$  per cellula ricevente. Tutti i trasformanti sono risultati resistenti all'eritromicina e presentavano la mutazione A2075 -> G in almeno una delle tre copie del gene 23S rRNA. I risultati indicano che coesistono genotipi variabili di C. coli HLR nel suino e che l'elevata resistenza all'eritromicina può essere trasferita ad altri ceppi.

J Anim Sci. 2010 Aug 13

#### **Biodisponibilità della cianocobalamina (vitamina B12) alimentare in suini in accrescimento.**

**Matte JJ, Guay F, Le Floc'h N, Girard CL.**

Dairy and Swine Research and Development Centre,  
Agriculture and Agri-Food Canada, Lennoxville STN,  
Sherbrooke, Québec, J1M 1Z3, Canada.

Il presente lavoro ha lo scopo di valutare la biodisponibilità della vitamina B (12) alimentare, di cui sono fruibili poche informazioni nei suini in accrescimento. Due approcci, ciascuno dei quali con 2 livelli di cianocobalamina alimentare, sono stati confrontati: il primo basato sulla ritenzione corporea totale per 8 g ed il secondo basato sul flusso netto portale nictemerale di vitamina B (12). Nella prima sperimentazione, sono stati formati 15 blocchi di 3 suini (31,7 + / - 0,5 kg di peso corporeo) secondo il loro stato rispetto alla vitamina B (12). All'interno di ogni blocco, un suino (CONT) è stato sacrificato e i tessuti sono stati prelevati per la determinazione della vitamina B (12). I restanti 2 suinetti sono stati alimentati con 25 (B (12) - 25) o 250 (B (12) -250) µg al giorno di cianocobalamina per 8 g. L'urina è stata campionata due volte al giorno e i suini sono stati sacrificati e campionati come i suini CONT. Il tenore totale di vitamina B (12) in carcassa, urine, e tratto intestinale è stato influenzato dai differenti trattamenti dietetici (P < 0,01), al contrario del tenore nel fegato (P > 0,019). La ritenzione corporea totale di vitamina B (12) è stata più elevata (P = 0,02) nei suini B (12) -250 che in quelli B (12) -25, ma la biodisponibilità corrispondente è stata stimata in 5.3 e 38.2%, rispettivamente. Nel secondo studio, 11 suini (35,1 + / - 4,0 kg di peso corporeo e 75,4 + / - 5.9 g di età), alimentati con una dieta non integrata con vitamina B (12) dallo svezzamento a 28 giorni di età sono stati chirurgicamente dotati di cateteri nella vena porta e nell'arteria carotidea e di un misuratore di flusso a ultrasuoni attorno alla vena porta. Ciascun suino ha ricevuto 3 boli di 0 (B (12) -0), 25, e 250 µg di vitamina B (12) nella dieta secondo uno studio cross-over. Le concentrazioni nictemerale post-prandiali di vitamina B (12) a livello di plasma arterioso hanno raggiunto tra 15 e 18 ore dopo il pasto valori minimi (P < 0,01), che erano del 29,6, 15,6 e 10,0%

inferiori ai valori pre-pasto per i suini B (12) -0, B (12) -25, e B (12) -250, rispettivamente (linear,  $P < 0,01$ ). Il flusso netto cumulativo di vitamina B (12) per 24 h corrispondeva a 2,4 e 5,1 microg per B (12) -25 e B (12) -250, rispettivamente, e la biodisponibilità corrispondente è stata stimata al 9,7 ed al 2,0%, rispettivamente. Sebbene le stime della biodisponibilità variassero a seconda dell'approccio usato, entrambi hanno mostrato una correlazione inversa tra i livelli di vitamina B (12) nella dieta e la biodisponibilità della vitamina. L'integrazione nella dieta di 25 microg è stata sufficiente per massimizzare la ritenzione epatica della vitamina B (12) e per attenuare la diminuzione notturna della concentrazione plasmatica arteriosa della vitamina.

Anaerobe. 2010 Aug 12

### Studio longitudinale della colonizzazione di *Clostridium difficile* nei suinetti.

**Weese JS, Wakeford T, Reid-Smith R, Rousseau J, Friendship R.**

Department of Pathobiology, University of Guelph, Guelph, Ontario, N1G2W1, Canada.

È stato condotto uno studio longitudinale sulla colonizzazione da *Clostridium difficile* nei suinetti in un allevamento convenzionale di suini in Ontario, Canada. Campioni di feci sono stati raccolti da 10 scrofe prima della data prevista per il parto, e poi da tutti i loro suinetti a 2, 7, 30, 44 e 62 giorni di vita. Il *C. difficile* è stato isolato da 4/10 (40%) scrofe prima del parto, da 90/121 (74%) suinetti il giorno 2, 66/117 (56%) il giorno 7, 45/113 (40%) il giorno 30, 23/101 (23%) il giorno 44 e 2 / 54 (3,7%) il giorno 62. C'è stata una diminuzione significativa della colonizzazione nel tempo ( $P < 0,0001$ ). Nel complesso, *C. difficile* è stato isolato da uno o più campioni da 116/121 (96%) suinetti. Si è notata una correlazione inversa tra colonizzazione della scrofa e colonizzazione del suinetto il giorno 2 ( $P < 0,0001$ ) e una correlazione positiva il giorno 7 ( $P = 0,001$ ). Il ribotipo 078/tossinotipo V è stato quello predominante, essendo pari a 213/234 (91%) isolati. Il secondo ceppo più comune è stato il tossinotipo XIV, precedentemente riscontrato nell'uomo nella stessa provincia, ma è stato principalmente rilevato nelle scrofe, non nei suinetti. Nel complesso, 227/234 (97%) isolati erano tipi già isolati dall'uomo nella stessa provincia. In 11 (9,6%) suinetti è stata rilevata una colonizzazione intermittente. C'è stato un rilevante calo della colonizzazione di *C. difficile* nei primi 2 mesi di vita. La variazione della colonizzazione in un periodo di tempo relativamente breve ha importanti implicazioni per la progettazione e l'interpretazione di studi che valutano la colonizzazione di *C. difficile* nei suini, in quanto differenze di età relativamente piccole possono avere un maggior effetto confondente sulla prevalenza

di colonizzazione. Il declino della prevalenza nel tempo può avere ripercussioni anche sulla salute pubblica, poiché i tassi di colonizzazione degli animali alla macellazione sono presumibilmente più rilevanti di quelli delle prime fasi della vita.

Virus Res. 2010 Aug 13.

### Controllo genetico della resistenza d'ospite all'infezione da virus della sindrome riproduttiva e respiratoria del suino (PRRSV).

**Lunney JK, Chen H.**

Animal Parasitic Diseases Laboratory, ANRI, ARS, USDA, Building 1040, Room 103, BARC-East, Beltsville, MD 20705, USA.

Questo lavoro si concentra sui progressi compiuti utilizzando approcci genomici nell'identificare biomarker che definiscano i geni e i processi correlati alla resistenza del suino all'infezione da virus della sindrome riproduttiva e respiratoria del suino (PRRSV), il patogeno virale del suino economicamente più importante a livello mondiale. Si sta tuttora cercando a livello internazionale di valutare la resistenza e la sensibilità agli agenti patogeni infettivi utilizzando strumenti come gene array, single nucleotide polymorphisms (SNPs) chips, studi genomici GWAS (genome-wide association studies), proteomica e bioinformatica avanzata. Questi studi dovrebbero identificare nuovi geni candidati e i processi biologici associati alla resistenza dell'ospite alla PRRS e i meccanismi e i processi alternativi della malattia virale; potrebbero svelare i biomarker che sono responsabili del controllo genetico della PRRS o, in alternativa, rivelare nuovi target per terapie o vaccini. Precedenti approcci genomici hanno ampliato la nostra comprensione dei loci che controllano i caratteri quantitativi (QTL-*quantitative trait loci*) di importanza economica nella produzione suina, ad esempio, l'efficienza alimentare, la produzione di carne, i tagli magri; solo di recente hanno incluso anche i caratteri associati alla salute e la resistenza alle malattie. Gli studi genomici dovrebbero avere una maggiore importanza nel settore suinicolo in quanto ora è possibile utilizzare biomarkers nella selezione dei suini, per migliorare le prestazioni e i caratteri riproduttivi, così come la qualità della carne. Inoltre questi studi possono rivelare meccanismi alternativi di controllo della PRRSV che possono essere sfruttati per la progettazione di nuovi farmaci, bioterapie e vaccini.

### EVENTI SIPAS

**8 OTTOBRE 2010  
GIORNATA DI STUDIO**

<http://www.sipas.org/html/eventi.html>

