

ABSTRACT – COMUNICAZIONI ORALI

**NEL DNA DELLA TROTA IL SEGRETO PER COMBATTERE LA LATTOCOCCOSI**

Colussi S., Prearo M., Bertuzzi S.A., Scanzio T., Peletto S., Favaro L., Modesto P., Maniaci M.G., Ru G., Desiato R. & Acutis P.L.

*Istituto Zooprofilattico Sperimentale del Piemonte, Liguria e Valle d'Aosta, Via Bologna, 148 – 10154 Torino.*

La lattococcosi della trota iridea (*Oncorhynchus mykiss*) è una streptococcosi di acqua calda, sostenuta da *Lactococcus garvieae*: essa determina l'insorgenza di una patologia di notevole impatto economico per la trota coltura.

Le strategie di controllo disponibili si basano sull'utilizzo di vaccini stabulogeni e sul trattamento terapeutico. In entrambi i casi vi sono grossi limiti dovuti alla ridotta efficacia dei vaccini nelle forme giovanili il cui sistema immunitario non è ancora adeguatamente competente e ad una funzionalità del vaccino ridotta nel tempo. Il trattamento terapeutico, determina d'altro canto una rilevante immissione di antibiotici nell'ambiente e incrementa l'insorgenza di ceppi antibiotico resistenti; da qui l'esigenza di implementare forme alternative di controllo della malattia.

In alcune specie ittiche i polimorfismi dei geni codificanti per le molecole del sistema maggiore di istocompatibilità (MHC) di classe II, sono risultati coinvolti nel conferire resistenza a patologie batteriche, quali aeromonosi e vibriosi. Questi dimeri proteici operano all'interno dei meccanismi di immunità innata presentando ai linfociti, i frammenti in cui l'agente patogeno, penetrato nell'organismo ospite, viene disgregato.

Questo studio si basa sull'esame delle differenze riscontrate nella struttura nucleotidica e aminoacidica del gene codificante per la catena  $\beta$ , tra trote decedute e sopravvissute a seguito di esposizione ad acque naturalmente contaminate da *L. garvieae*.

Sono stati ottenuti risultati promettenti, infatti uno specifico polimorfismo al nucleotide 140 (c>t) codificante per la sostituzione aminoacidica in posizione 47, da serina a fenilalanina, è risultato statisticamente associato a resistenza alla malattia; l'aplotipo 25, caratterizzato dal polimorfismo 140 e dai polimorfismi adiacenti (143 a>t; 145 g>t) è risultato anch'esso associato a resistenza alla lattococcosi. A livello proteico esso codifica per la comparsa di un sito di poli-fenilalanina costituito dai residui 47, 48 e 49, a cui si aggiunge un quarto residuo di fenilalanina in posizione 50 codificato dalla sequenza wild-type.

La fenilalanina si contraddistingue per la capacità di legare siti di poli-prolina; numerose proteine di superficie isolate in stafilococchi e streptococchi patogeni presentano una struttura caratterizzata da siti ricchi di prolina e una struttura analoga è ipotizzabile anche sulla superficie di *L. garvieae*.

L'associazione con la mutazione 140 t riscontrata sia come mutazione a singolo nucleotide sia come aplotipo induce a pensare che questa posizione da sola sia sufficiente a conferire resistenza alla lattococcosi, ma non consente di escludere che tale ruolo sia rafforzato dalle altre mutazioni coinvolte nell'aplotipo.

Ulteriori approfondimenti sono al momento in corso per verificare se questa mutazione possa rappresentare, in futuro, un marcatore d'elezione da applicare nella selezione genetica in trota coltura.

Studio realizzato con fondi del Ministero della Salute, Ricerca Corrente