

SINTESI

L'epatite virale ha recentemente acquisito rilevanza nella medicina veterinaria a causa della varietà di nuovi virus scoperti. L'Epacivirus Equino (EqHV) è un virus a RNA della famiglia Flaviviridae che può causare epatite subclinica nei cavalli e, occasionalmente, evolvere in una malattia cronica. EqHV è stato identificato in tutto il mondo pertanto è molto importante studiarne le caratteristiche, soprattutto considerando l'ampio uso di emoderivati e trasfusioni nelle pratiche veterinarie.

L'obiettivo di questo studio è valutare la presenza del virus in Italia stimando la prevalenza dell'infezione e fare una caratterizzazione molecolare dei diversi ceppi virali. È stato raccolto un campione di 1801 cavalli, stratificato per regione e categoria di produzione (Equestre, Competizione, Riproduzione, Produzione/Carne/Lavoro) in base al numero totale di stabilimenti equidi registrati nella Banca Dati Nazionale. Tra i 77 campioni positivi alla Real Time PCR, sono stati selezionati quelli con $CT \leq 30$ e sottoposti a RT-PCR. I campioni eligibili (35) sono stati poi analizzati mediante sequenziamento Sanger e le sequenze ottenute sono state utilizzate per lo studio filogenetico. Le sequenze sono risultate appartenenti ai 3 sottotipi precedentemente descritti in letteratura ed omogeneamente distribuite sia geograficamente che all'interno delle categorie produttive. Questo studio dimostra che questo virus è equamente distribuito a livello nazionale, probabilmente perché non era ancora incluso nei controlli per il movimento degli equidi e per questo dovrebbe essere incluso nei protocolli diagnostici di laboratorio per il territorio e per le malattie epatiche. Questo dato conferma anche la necessità di includere questo

virus nei protocolli sanitari per gli equidi donatori di sangue o produttori di emoderivati. I polimorfismi rilevati confermano inoltre che l'EqHV è l'Hepacivirus più vicino all'HCV.

Parole chiave: Hepacivirus; equidi; prevalenza virologica; filogenesi