

INFEZIONI respiratorie nei camosci

DANIELE BONATO

JOEL FILIPE

CAMILLA LUZZAGO

Dipartimento di Medicina Veterinaria e Scienze

Animali - Laboratorio di

ricerca "Sanità e Gestione della Fauna" - Università degli Studi di Milano

**Indagine siero-epidemiologica
per valutare la diffusione
di respirovirus nel camoscio alpino e in capre al pascolo.
Un recente lavoro di UNIMI
con UNCZA**

Una rilevante problematica sanitaria del camoscio è rappresentata dalle patologie a carico dell'apparato respiratorio, come testimoniano i focolai epidemici verificatisi in diverse realtà alpine ed il frequente riscontro di lesioni a livello polmonare negli animali abbattuti e/o rinvenuti morti. Il complesso delle polmoniti trasmissibili è infatti riconosciuto quale causa di un rilevante impatto demografico per le popolazioni di camoscio (Citterio et al., 2003; Posautz et al., 2014). Nei focolai caratterizzati da estese mortalità, sebbene sia stato evidenziato il contributo di agenti infettivi, il ruolo quale causa primaria o secondaria nel determinare l'evoluzione della patologia è ancora controverso.

In tal senso, l'attività di monitoraggio sanitario in popolazioni sottoposte a prelievo risulta fondamentale per acquisire informazioni relative alla dinamica di infezioni respiratorie, virali e batteriche, in "tempo di pace", ovvero in assenza di forme respiratorie conclamate e/o di ritrovamento di carcasse con lesioni.

Questo approccio trova un'esemplificazione nell'indagine condotta in occasione dell'epidemia verificatasi sulle Alpi Lecchesi nel 2000-2001, nel corso della quale è stata documentata un'elevata mortalità nel camoscio che ha interessato tutte le classi di età e prevalentemente concentrata nei mesi invernali (Citterio et al., 2003). La mortalità e le lesioni polmonari rilevabili sulle carcasse erano state precedute da segnalazioni di soggetti affetti da sintomi respiratori, in particolare tosse e dispnea, con sporadici episodi di mortalità. In questo contesto, il monitoraggio sanitario, in corso da alcuni anni sui capi oggetto di prelievo venatorio, ha permesso di rilevare un incremento della siero-prevalenza post pandemia nei confronti del virus respiratorio sinciziale e dei relativi titoli anticorpali nelle aree interessate dalla mortalità, che ha raggiunto livelli dell'80% (Citterio et al., 2003). È stato ipotizzato che alcuni fattori predisponenti, quali la scarsa qualità del foraggio e le scadenti condizioni nutrizionali dei camosci, abbiano favorito la diffusione e l'impatto del virus.

Nelle Alpi austriache è stata condotta un'indagine in concomitanza di un'epidemia di polmonite, che ha causato la riduzione della popolazione di camoscio del 30%, interessando tutte le classi di età. Quali agenti infettivi coinvolti sono

stati identificati batteri della famiglia delle *Pasteurellaceae* (Posautz et al., 2014), che sono in grado di infettare anche i ruminanti domestici e determinare possibili cross-trasmissioni fra specie.

Alla luce delle precedenti considerazioni, la segnalazione di camosci con sintomi respiratori nelle Alpi Lepontine nell'autunno del 2014, in una popolazione soggetta da alcuni anni a monitoraggio sanitario sui capi oggetto di prelievo venatorio, ha consentito l'identificazione di un nuovo virus respiratorio, simile a quello della parainfluenza, patogeno dei ruminanti domestici. Analisi genetiche estese all'intero genoma del virus lo hanno inquadrato quale nuova specie virale appartenente ai respirovirus (precedentemente denominati virus della parainfluenza), simile a quello ovi-caprino (Luzzago et al., 2020).

Il respirovirus ovi-caprino (CRV3) è stato recentemente identificato in capre e pecore con sintomatologia respiratoria in Cina (Yang et al., 2016, Mao et al., 2019) mentre, ad oggi, non è stato segnalato in altri paesi. Diversamente, il respirovirus del bovino (BRV3), diffuso a livello mondiale, è uno degli agenti infettivi coinvolto nel complesso della malattia respiratoria bovina, una malattia multifattoriale che colpisce sia i bovini adulti che i giovani.

In Europa la densità di popolazione del camoscio è aumentata sensibilmente negli ultimi decenni. Con quasi 500.000 individui distribuiti tra Francia, Italia, Svizzera, Liechtenstein, Germania, Austria, Slovenia e Croazia, il camoscio alpino è la sottospecie più abbondante di *Rupicapra spp.* (Corlatti et al., 2022). L'incremento delle popolazioni implica un maggior rischio di interazioni con altre specie di ruminanti domestici e selvatici e di cross-trasmissione di patogeni, con possibilità di persistenza ed evoluzione dei patogeni stessi (Rossi et al., 2019).

In questo contesto si inserisce il recente studio condotto dall'Università degli Studi di Milano con il supporto di UNCZA che riporta i risultati di un'indagine sierologica retrospettiva finalizzata a valutare quanto l'infezione da respirovirus, identificato nel 2014, sia diffusa nel camoscio e verificare la possibile trasmissione interspecifica con capre al pascolo.

Le aree di studio sono localizzate nelle Alpi Lepontine (comprensorio Verbano Cusio Ossola 2-VCO2), area di identificazione del respirovirus nel camoscio nel 2014, e nei territori del lecchese (comprensori Alpi Lecclesi e Prealpi Lecclesi). Le caratteristiche tipicamente alpine del VCO2, con oltre l'80% della superficie ad una quota superiore ai 900 m s.l.m., sono particolarmente favorevoli al camoscio che è il più abbondante tra gli ungulati selvatici con densità di 6,6 individui/km² (Besozzi et al., 2019), nel periodo antecedente all'identificazione del virus.

Nel territorio delle Alpi e Prealpi Lecclesi i camosci si sono diffusi all'inizio degli anni '80 da valli alpine contigue, tranne in alcuni distretti dove sono stati reintrodotti a causa della presenza di barriere naturali e artificiali. La popolazione è presente dai 300 fino ai 2000-2500 m s.l.m., con una densità media di popolazione di 8-6 individui/km² negli anni precedenti all'epidemia (Citterio et al., 2003). I ruminanti domestici condividono i pascoli con i camosci in entrambe le aree durante la stagione del pascolo estivo.

L'attività di monitoraggio sanitario condotta nelle popolazioni di camosci di queste aree, che prevedeva la raccolta di campioni biologici, ha permesso di indagare retrospettivamente i sieri ematici raccolti e conservati in condizioni idonee. Nello specifico è stato possibile analizzare un totale di 198 sieri di camoscio, prelevati in quattro stagioni venatorie (2010, 2013-2014-2015) nel VCO2 e due stagioni venatorie nei comprensori del Lecchese (2013-2014). La tabella 1 riporta nel dettaglio il numero di capi testati per anno di campionamento. Nell'area del VCO2, è stato possibile testare anche sieri ematici di capre monticanti (n=177), che rappresentano il sotto-campione di un precedente campionamento per indagare la diffusione di Febbre Q in Piemonte nel 2012 (Rizzo et al., 2016).

L'identificazione e l'isolamento del nuovo respirovirus del camoscio ha permesso di mantenere il virus vivo e infettante in laboratorio ed utilizzare una metodica sierologica, denominata siero-neutralizzazione, che permette di rilevare e quantificare anticorpi neutralizzanti specifici per un determinato virus. Nello specifico è possibile identificare non solo gli animali positivi e negativi, ma anche definire il titolo anticorpale, ovvero il livello di risposta immunitaria in seguito all'infezione.

I sieri di camosci e capre sono stati testati sia verso il respirovirus del camoscio sia verso il virus bovino, BRV3 ceppo Abbott, unica specie virale dei ruminanti domestici ad oggi identificata in Europa e disponibile per l'utilizzo in laboratorio. La metodica sierologica è riportata in dettaglio in Luzzago et al. (2020).

Nella popolazione di camosci del VCO2 (tabella 1) è stata evidenziata una siero-prevalenza del 35.3% (IC 95% 27.3 - 43.9) e comunque sempre superiore al 30% verso il respirovirus del camoscio nel periodo compreso fra il 2010 e il 2015. Inoltre sono presenti animali sieropositivi già negli yearlings, sebbene gli adulti sieropositivi siano più frequenti rispetto ai giovani (p<0.0001). Non sono state invece osservate differenze fra gli anni e fra femmine e maschi. La siero-prevalenza verso BRV3 è risultata essere inferiore con un valore complessivo nel periodo di 11.8% (IC 95% 6.9 -18.4). Particolarmente interessante è il risultato ottenuto dalla titolazione anticorpale, che ha evidenziato valori superiori verso il respirovirus del camoscio rispetto a BRV3 (p<0.001), che conferma la circolazione del "ceppo selvatico" e non quello ad oggi conosciuto del bovino.

Per quanto riguarda la popolazione di capre del VCO2, abbiamo riscontrato una scarsa siero prevalenza (2.8%) con titoli anticorpali contenuti per entrambi i virus (tabella 2). Risultati simili per i camosci del lecchese, con un solo soggetto sieropositivo su 62 con titolo anticorpale basso (tabella 1). Tali risultati evidenziano la scarsa circolazione virale in entrambe le specie ospite.

In conclusione i risultati emersi dimostrano che l'infezione da respirovirus nella popolazione di camosci, in cui era stata segnalata nel 2014, risulta diffusa e mostra un'attiva circolazione virale supportata dalla sieropositività riscontrata negli yearlings e dai valori di siero-prevalenza elevati e costanti negli anni. In particolare, l'analisi retrospettiva permette di affermare che tale infezione circolasse nei camosci dell'area di studio almeno dal 2010. Per quanto riguarda l'interazione interspecifica camoscio-capra, i risultati evidenziano uno scarso coinvolgimento della specie domestica, come attestato dalla bassa siero-prevalenza riscontrata.

È inoltre interessante quanto emerso nel Lecchese, con una situazione opposta a quella delle Alpi Lepontine, con la popolazione di camoscio che risulta di fatto non coinvolta nella circolazione del respirovirus. A fronte della peculiare situazione epidemiologica del VCO2 rispetto alla circolazione di questo nuovo virus, va sottolineato che negli anni di monitoraggio non sono stati segnalati focolai epidemici con mortalità elevata.

Un interrogativo che emerge dai risultati ottenuti è quale sia l'origine del virus respiratorio del camoscio. A questo proposito va ricordato che, da un punto di vista genetico, il virus identificato è simile a quello dei piccoli ruminanti. Indagini rivolte ad altre popolazioni di camoscio dell'arco alpino e di piccoli ruminanti, ovvero caprini domestici e selvatici, risultano pertanto un tassello importante per definire l'origine dell'infezione e il ruolo delle diverse specie potenzialmente coinvolte. D'altra parte, il riscontro di un nuovo virus, che si aggiunge ai diversi agenti coinvolti nel complesso delle polmoniti trasmissibili del camoscio, conferma la suscettibilità di questa specie a numerosi agenti patogeni, che possono determinare o contribuire a diversi gradi di patogenicità in base allo stato di salute della popolazione stessa. In questo senso, a prescindere da aspetti che dovranno essere approfonditi per chiarire il ruolo epidemiologico delle diverse specie, il mantenimento di popolazioni selvatiche e domestiche in salute e in equilibrio con il territorio rappresenta l'obiettivo da perseguire a tutela dell'ecosistema, grazie al contributo delle diverse figure coinvolte (*Referenze bibliografiche disponibili su richiesta agli* ☐ *autori*).