

Ricerca corrente IZS VE 07/16

Influenza D: verso una migliore comprensione delle dinamiche patogeniche ed epidemiologiche di un virus emergente nella popolazione animale

Responsabile scientifico: Isabella Monne

Una nuova minaccia virale per la popolazione animale è stata di recente identificata negli Stati Uniti d'America, in Asia e anche in alcuni paesi europei. L'agente causale è un virus appartenente ad un nuovo genere della famiglia *Orthomyxoviridae*, riconosciuto ufficialmente con la denominazione di influenza D (IDV) dall'International Committee of Taxonomy of Viruses nel settembre 2016. Il virus è stato dimostrato capace di infettare bovini, suini e indagini sierologiche hanno rivelato la possibile suscettibilità all'infezione anche dei piccoli ruminanti. Studi sperimentali hanno dimostrato la capacità del virus di replicare e trasmettersi in cavie e furetti, mettendo in luce il potenziale rischio zoonosico rappresentato dal virus. Questo aspetto è stato preliminarmente esplorato in un'indagine condotta in Florida che ha rilevato la presenza di alte sieroprevalenze per il virus nei lavoratori del settore buiatico.

Sulla base delle evidenze scientifiche disponibili attualmente, i bovini si sono configurati come la specie reservoir dell'infezione. In questi animali il virus replica efficacemente ed in condizioni sperimentali sembra responsabile solo di una limitata sintomatologia respiratoria. Tuttavia, questo dato trova scarsa conferma nei dati clinici provenienti dal campo che rilevano la frequente presenza del virus in soggetti affetti da malattia respiratoria (bovine respiratory disease, BRD) attraverso studi di caratterizzazione metagenomica della popolazione virale.

In uno studio pubblicato nel 2016 (Chiapponi C, et al. *Emerg Infect Dis.* 2016 doi: 10.3201/eid2202.151439) è stata descritta per la prima volta l'identificazione del virus dell'influenza D in bovini e suini nel territorio italiano. Tuttavia ad oggi nulla si sa sull'entità della diffusione del virus nelle regioni del nord est d'Italia e i quesiti relativi alla reale minaccia rappresentata dal virus per la popolazione animale e per l'uomo restano irrisolti.

Alla luce di tali evidenze, questo progetto intende prima di tutto

- chiarire se il virus dell'influenza D stia circolando nelle popolazioni di bovini e suini del nord est Italiano
- investigare il significato di questo virus nel suino attraverso la caratterizzazione metagenomica delle popolazioni virali presenti nelle forme respiratorie del suino
- utilizzare i dati genetici già disponibili e quelli prodotti da questo progetto per ricostruire le dinamiche evolutive e spaziali globali dell'IDV
- comprendere la fitness e il tropismo del virus nei piccoli ruminanti attraverso l'uso di espianti (ex vivo organ culture (EVOC) system) e nell'uomo mediante utilizzo di linee primarie respiratorie umane.