

**40emes
RENCONTRAS
GEEFSM**

Saluzzo 21-24 set 2023

**RESUMES
RESUMENES
RIASSUNTI**

PREMIERE SESSION DE COMMUNICATION

LES TETRAONIDES EN DOMAINE SKIABLE, MODELE D'ETUDE DES INTERACTIONS FAUNE – ACTIVITES HUMAINES

MONTADERT M. (1), GOMEZ N. (1), CAVAILHES J. (2)

(1) OFB DRAS, (2) Parc National de la Vanoise

Les domaines skiables représentent des laboratoires des effets du développement des loisirs en montagne. Analyse de l'impact de la pression touristique sur le comportement et la survie des populations de Tétrasyre implantées en domaines skiables. Depuis 2017, une étude comportementale du Tétrasyre a été engagée sur les domaines skiables des trois vallées dans le but de comprendre comment une espèce à priori sensible au dérangement humain répond aux multiples modifications/altérations des conditions environnementales induites par le développement de l'industrie touristique. Deux thèmes sont principalement abordés, la réponse comportementale à la fréquentation hivernale intense et l'impact des infrastructures touristiques sur la survie. A travers le suivi de tétrasyres équipés de balises gps, nous cherchons aussi à documenter l'efficacité des mesures d'atténuation mises en place depuis quelques décennies pour diminuer les risques de percution dans les câbles de remontées mécaniques ainsi, que plus récemment, la création de refuges pour favoriser la quiétude au cœur des domaines skiables. Les premiers résultats attestent d'une forte capacité d'atténuation de l'effet direct du dérangement par l'utilisation intense de petites zones tranquilles généralement présentes dans les domaines skiables étudiés et par une activité de recherche alimentaire concentrée à l'aube et au crépuscule quand les remontées mécaniques sont fermées. Toutefois, il apparaît que les infrastructures touristiques sont des sources importantes de mortalités additionnelles auxquelles les oiseaux semblent incapables de s'adapter, même si certaines d'entre elles sont utilisées pour se percher, voire parader. L'importance des déplacements en vol à l'obscurité quasi complète révélés par les suivis gps explique en partie l'efficacité imparfaite des systèmes de visualisation localement mises en place.

LE SUIVI PARASITAIRE DES GALLIFORMES DE MONTAGNE : APPORT DES DERNIERS PROGRAMMES EUROPEENS

Eric BELLEAU

Vétérinaire consultant en faune sauvage, Barcelonnette, France eric.belleau@sfr.fr

De nombreuses populations de galliformes de montagne font l'objet d'un suivi parasitaire depuis plus de 35 ans. Ce suivi a permis de mieux connaître les relations

hôte-parasite chez ces espèces inféodées aux écosystèmes d'altitude et d'évaluer les effets du dérangement hivernal et du changement climatique chez le tétras-lyre et le lagopède alpin. Ces 5 dernières années, deux programmes européens ont donné l'occasion de poursuivre les recherches : Le POIA ESPECES ARCTICO-ALPINES avec un volet destiné à faire un nouvel état des lieux des populations de parasites du lagopède et à mesurer les effets du changement climatique ; le POIA BIRDSKI avec un volet consacré à l'évaluation de l'efficacité des zones de quiétude mises en place pour limiter le dérangement anthropique hivernal des tétras-lyres. Le POIA EAA a permis de mettre en évidence des perturbations des équilibres hôte-parasite en lien avec le changement climatique. Selon les populations de lagopèdes, divers scénarios se profilent : i) un déclin ou une extinction de certaines espèces parasitaires dans les populations subissant une forte diminution de densité et/ou une succession d'étés caniculaires et d'hivers peu enneigés, facteurs impactant négativement l'accomplissement des cycles (Alpes du sud). ii) une augmentation du parasitisme dans les petites populations isolées vivant aux plus basses altitudes (Préalpes) entraînant parfois une dégradation inquiétante de la condition physique des oiseaux (Dévoluy et Vercors). Le même phénomène peut être constaté sur les zones de grands rassemblements post-nuptiaux de plus en plus restreintes (réduction spatiale des combes à névés persistants et concentration des oiseaux sur ces dernières) (Vanoise). iii) une apparition de parasites fortement pathogènes en relation avec la colonisation de la niche écologique du lagopède par des espèces jusqu'alors plus thermophiles. C'est le cas pour les spirures et la perdrix grise dans les Pyrénées orientales et dans une moindre mesure pour *Ascaridia* et la perdrix bartavelle en Vanoise. Le POIA BIRDSKI a consacré un volet au suivi coproscopique de populations de tétras vivant en milieux perturbés par les activités humaines. La mise en évidence dès la fin des années 80 d'excrétions parasitaires très importantes chez les tétras-lyres soumis à un fort stress de dérangement hivernal a contribué à la mise en place de zones de quiétude au sein de nombreux domaines skiabiles pour atténuer les effets néfastes de la présence humaine en cette saison critique pour les oiseaux. Cependant, l'évaluation de l'efficacité de ces zones de quiétude est particulièrement difficile et la coproscopie a été à nouveau utilisée dans ce but, tout en ayant conscience de son manque de précision pour une telle problématique. Il est en effet impossible avec cette méthode de suivre finement l'état de santé de tétras fréquentant ou non de minuscules secteurs protégés. Seule une amélioration sanitaire globale à l'échelle des populations bénéficiant de tels aménagements est éventuellement prévisible et mesurable. Les résultats confirment malheureusement les faiblesses de cette méthode et ce d'autant plus que le changement climatique impacte ici aussi les parasites du tétras-lyre : i) dans les Alpes du Sud et quelques autres massifs, les populations parasitaires sont dominées par des espèces (cestodes) non évaluables par la coproscopie. Dans ces zones où les coproscopies sont toujours négatives, il n'a donc pas été possible de constater un effet positif des zones de quiétude sur l'état sanitaire des tétras-lyres. ii) sur un grand nombre de domaines skiabiles, le parasitisme mesuré se révèle faible, sans différence significative entre ceux équipés de zones de quiétude et ceux non protégés. iii) sur les deux domaines skiabiles suivis depuis 35 ans, présentant historiquement un fort parasitisme et des zones refuge naturelles, les résultats récents montrent une érosion marquée des fréquences et des intensités d'excrétion en *Capillaria*. La bascule semble s'être produite à la suite des premiers étés caniculaires perturbant fortement l'accomplissement des cycles parasitaires. Cette situation limite donc l'intérêt futur du suivi coproscopique en zone skiée pour mesurer le stress de dérangement. Si le suivi parasitaire montre ses limites dans cette application, les résultats des analyses coproscopiques menées chez les galliformes de montagne sur un long pas de temps sont un témoin supplémentaire des bouleversements qui apparaissent dans nos fragiles écosystèmes d'altitude, particulièrement vulnérables aux effets du changement climatique. Combiné à de nouvelles technologies telles que

suivis GPS et analyses génétiques par PCR, le suivi parasitaire reste donc un outil intéressant dans la surveillance de l'évolution de ces phénomènes.

EXPERIMENTATION DE LA VISION THERMIQUE POUR LA LOCALISATION DES LAGOPÈDES ALPINS DANS LE MASSIF DU VISO.

Pouchot E., Giordano O.*, Bernard S.**, Tenoux N., Faraut S., Creusot A., Brena P.

Parc Naturel Régional du Queyras, Arvieux, France

() Comprensorio Alpino CA CN2 – Valle Varaita, Melle (CN), Italia*

*(**) Office Français de la Biodiversité (OFB)*

La connaissance de l'habitat de reproduction du Lagopède alpin et des facteurs qui influencent sa sélection sont nécessaires à la mise en œuvre de mesures de conservation efficaces pour cette espèce menacée. Pour obtenir les localisations précises des individus et des nids et permettre une analyse de leurs micro habitats, nous testons une méthode non invasive reposant sur la vision thermique. Dans un premier temps, cette méthode a été testée en conditions contrôlées sur des poules naines dans plusieurs configurations de pente, de substrat et de modalité d'observation. Il est possible d'observer 75% des oiseaux pour une distance d'observation maximale de 30 mètres en terrain accidenté et 38 mètres en lande rase. La probabilité de détection et la précision des observations sont supérieures lorsque l'observateur prospecte vers l'aval. Dans un second temps, la méthode a été testée en conditions réelles tout au long de la saison de reproduction. Les jumelles thermiques paraissent être un outil complémentaire aux jumelles optiques pour le repérage des oiseaux et d'autres espèces montagnardes.

EXPLORATION DE L'ÉPIDÉMIE D'INFLUENZA AVIAIRE HAUTEMENT PATHOGÈNE H5N1 2.3.4.4B DE 2022 CHEZ LES VOUTOURS FAUVES FRANÇAIS

Julien Hirschinger 1 ; Olivier Duriez 2 ; Yohan Sassi 2 ; Ursula Hofle 3 ; Marta Barral 4 ; Anne Van De Wiele 5 ; Chloé Le Gall Ladevèze 1 ; Guillaume Croville 1 ; Claire Guinat 1 ; Thierry Boulinier 2 ; Jean Luc Guerin 1 ; Guillaume Le Loc'h 1

1: IHAP, ENVT, INRAE, Université de Toulouse, Toulouse, France

2: CEFE, Univ Montpellier, CNRS, EPHE, IRD, Montpellier, France

3: SaBio, IREC (CSIC-UCLM), Ciudad Real, Espagne

4: NEIKER, BRTA, Parque Científico y Tecnológico de Bizkaia, Derio, Espagne

5: OFB, Villeneuve de Rivière, France

Depuis 2011, une épizootie sans précédent d'influenza aviaire hautement pathogène (IAHP) est en cours dans le monde entier, suite à l'émergence d'un variant H5N1 du clade 2.3.4.4b. Les populations d'oiseaux sauvages ont été dramatiquement affectées, en particulier les espèces coloniales. Le virus a également atteint des populations qui n'étaient pas considérées comme des cibles classiques, telles que les vautours fauves (*Gyps fulvus*). Au printemps 2022, une infection par l'IAHP a été détectée dans les populations françaises de vautours fauves : une mortalité limitée chez les individus adultes et une mortalité élevée chez les juvéniles ont été observées, ainsi qu'une activité réduite des adultes. Afin de comprendre la dynamique de l'infection dans cette population d'hôtes remarquables, nous avons mis en place une étude complète du

foyer en combinant des approches sérologiques, biomoléculaires, phylogénétiques et écologiques. Deux sessions de capture ont été réalisées (été et automne 2022) sur quatre sites différents couvrant l'ensemble de l'aire de répartition de la population française de vautours fauves. Au total, 236 individus ont été capturés et échantillonnés. Tous les échantillons (écouvillons oropharyngés et cloacaux) ont été criblés pour le virus de l'influenza aviaire (VIA) par PCR et se sont révélés négatifs. En revanche, nous avons détecté une séroprévalence moyenne de 32% par ELISA compétitif H5 (allant de 0% à 59% pour les quatre colonies). Les échantillons positifs ont été confirmés par inhibition de l'hémagglutination (IHA) comme positifs pour les anticorps dirigés contre le clade H5 2.3.4.4b. Ces séroprévalences étaient relativement stables entre l'été et l'automne. L'analyse phylogénétique a indiqué une introduction unique probable dans les populations de vautours, probablement situées en Espagne. Le virus s'est ensuite largement répandu dans la métapopulation franco-espagnole, favorisé par l'écologie des mouvements des vautours, en particulier leur comportement alimentaire et leur reproduction coloniale. Enfin, la capacité à voler sur de longues distances et la propagation associée du virus ont été fortement suspectées par l'analyse des données télémétriques qui ont montré un chevauchement des aires de distribution de plusieurs individus français et espagnols au moment de l'épidémie. L'introduction à grande échelle du virus de l'IAHP dans une population naïve a entraîné de nombreuses morts directes ou indirectes d'individus juvéniles, ce qui a provoqué une forte baisse du succès annuel de la reproduction. En revanche, les individus adultes semblent avoir bien supporté l'infection qui n'a provoqué qu'une baisse d'activité et une mortalité limitée. A ce jour, on peut raisonnablement penser que le virus ne circule plus dans cette population et les données sérologiques suggèrent que les populations sont au moins partiellement immunisées.

SURVEILLANCE EPIDEMIOLOGIQUE DES CHIROPTERES EN FRANCE : PRESENTATION DU RESEAU SMAC ET DE CAS

Loïc Palumbo^{1,*}, Valérie Wiorek², Myriam Vrecourt¹, Julie Marmet³, Alexia Etlin⁴, Guillaume Le Loc'h⁵, Karin Lemberger⁶, Rozenn Le Net⁶, Dominique Gauthier⁷, Anouk Decors¹

1 Office français de la biodiversité, SantéAgri, France

2 Fédération des conservatoires d'espaces naturels, France

3 Office français de la biodiversité / MNHN, PatriNat., France

4 Groupe chiroptères de Provence, France

5 Ecole nationale vétérinaire de Toulouse, France

6 Faunapath, France

7 Laboratoire départemental vétérinaire et d'hygiène alimentaire des Hautes-Alpes, France

loic.palumbo@ofb.gouv.fr

Les chauves-souris fréquentent des écosystèmes variés, y compris en zones de montagne. Les populations des 34 espèces présentes en France métropolitaine, et les espèces présentes en Outre-mer sont actuellement menacées par la perte d'habitats et autres menaces d'origine anthropique, mais peuvent également être potentiellement vulnérables vis-à-vis des maladies (exotiques en particulier), du fait de leur statut de conservation fragile, de leur biologie (cycle de vie complexe, dynamique de population lente) et de leur phénologie (migration, capacité de dispersion, agrégation saisonnière, etc.). Les chiroptères de France métropolitaine font l'objet de Plans Nationaux d'Actions successifs en vue de leur protection qui ont conduit en 2014 à la création du réseau national de Surveillance des Mortalités Anormales de Chiroptères (SMAC),

étendu aux outre-mer. L'objectif du réseau, contrairement à ce qui est généralement le cas pour la surveillance des chiroptères, a pour vocation de déterminer les causes de mortalité en vue de la protection des chauves-souris, et non pas le dépistage d'un ou plusieurs pathogène(s) dont les chauves-souris pourraient être vectrices ou réservoirs pour l'Homme et les animaux domestiques. Bien que les chiroptères aient souvent co-évolué avec leurs agents infectieux et parasites et y soient peu sensibles, certains (et notamment des pathogènes et parasites « exotiques ») restent une menace majeure qu'il est nécessaire de surveiller. C'est par exemple le cas pour le champignon *Pseudogymnoascus destructans*, qui, introduit dans des populations naïves aux États-Unis et Canada, a provoqué la maladie du nez blanc (i.e., white-nose syndrome) et a conduit à des mortalités de masse menaçant les populations, et conduisant des espèces autochtones (e.g., *Myotis sodalis*) au bord de la disparition. De plus, les maladies des chiroptères sont encore peu décrites, nécessitant une surveillance généraliste recourant au diagnostic exploratoire pour les identifier. En quasi 10 ans d'existence, qu'avons-nous appris grâce à cette surveillance ? Quelles sont les et les principales causes de mortalités des chauves-souris en France ? Grâce à sa collaboration entre l'Office français de la biodiversité, les réseaux de chiroptérologues, la Fédération des conservatoires d'espaces naturels et les laboratoires vétérinaires départementaux, le réseau SMAC a permis d'investiguer en quasi 10 ans d'existence plus de 120 événements de mortalité concernant 21 espèces de métropole et d'Outre-mer, via une surveillance événementielle des mortalités « anormales » et une démarche diagnostique sans a priori. Le réseau présente de plus une forte interface avec la surveillance sanitaire des chiroptères réalisées dans les Parcs nationaux de montagne français. Préalablement à la création du réseau SMAC, une vingtaine de mortalités avaient été investiguées entre 2010 et 2014 en grande partie en zones de montagne. Les trois grands processus morbides identifiés sont 1) l'épuisement physiologique, 2) les traumatismes et prédatons, 3) les infections. Plusieurs parasites et pathogènes ont été identifiés, ayant causé la mort ou contribué au processus morbide. Les investigations du réseau ont d'ailleurs permis d'acquérir de nouvelles connaissances sur la circulation d'agents infectieux dans les populations. La mortalité juvénile « anormale » par l'épuisement physiologique semble être un bon indicateur de dérangement (d'origine anthropique ou non) (du fait un défaut de nutrition par abandon ou non).

ENFERMEDAD HEMORRAGICA EPIZOOTICA EN CIERVOS DE LA SIERRA DE ALBARRACIN (TERUEL, ARAGON)*

María Cruz Arnal¹, Juan José Álvarez², Juan Pedro Bueso², María Pilar Álvarez², Daniel Fernández de Luco¹

¹Dpto. de Patología Animal. Facultad de Veterinaria. Universidad de Zaragoza

²Laboratorio Agroambiental. Unidad de Sanidad Animal. Gobierno de Aragón

La Enfermedad Hemorrágica Epizootica (EHE) es una enfermedad infecciosa no contagiosa ni zoonótica causada por un virus del género *Orbivirus* (Familia *Reoviridae*). La infección está vinculada a la picadura de vectores del género *Culicoides*, lo que hace que sea una enfermedad habitualmente estacional. Las especies afectadas son ruminantes, principalmente de la familia de los cérvidos, afectando en menor grado al ganado bovino. El ovino, caprino y camélidos desarrollan normalmente un proceso poco manifiesto. En noviembre de 2022 se describen los primeros casos en España, en ganado bovino de Andalucía. Con el paso del tiempo los casos se han ido diagnosticando tanto en bovino como en ciervos en latitudes más

al Norte, como Extremadura, Castilla-La Mancha y Castilla-León. En la segunda quincena de agosto de 2023 se diagnostican los primeros casos en Aragón, con la aparición de ciervos muertos en la Reserva de Caza de Montes Universales (MM.UU.) en la Sierra de Albarracín (Teruel). Hasta el momento se han detectado unas 85 bajas en una población de 2.000 cérvidos o más, en un espacio de 50.000 ha. que tiene la Reserva**. Los primeros ciervos detectados (10) son diversos en cuanto a edad (5 adultos, 3 de 17-18 meses y 1 de 5-6 meses), sexo (4 hembras y 6 machos) y condición corporal (4 con grasa mesentérica y 5 con muy poca grasa). Las lesiones observadas son muy inespecíficas e inconstantes en 7 ciervos necropsiados, como leves erosiones en la mucosa labial (3) y gástrica (4), hiperemia de la conjuntiva (5), y mucosa del rumen (3), congestión y edema pulmonar (4) y enteritis hemorrágica (2). Además, algunos animales tenían compactación del contenido ruminal (5) y del ciego (3). La detección del virus ha sido con RT-PCR en 9 ciervos (8 bazos y 1 linfonodo retrofaríngeo). Siguen apareciendo nuevos casos en diferentes provincias del norte de España, donde no se había detectado la infección.

*Trabajo financiado por el Departamento de Agricultura, Ganadería y Alimentación, y la Universidad de Zaragoza. Gobierno de Aragón.

**Datos de la Dirección y Guarderío de la Reserva de Caza de MM.UU. (Teruel). Gobierno de Aragón.

BARGY 2022-2023 : BAISSÉ DE LA PREVALENCE, EXTENSION DU FOYER ET REDEFINITION DE LA SURVEILLANCE

Elodie Petit 1,2 , Emmanuelle Gilot-Fromont 2 , Anne Van de Wiele 1 , Pascal Marchand 1 , Carole Toïgo 1 , Clément Calenge 3 , Pauline Bouillot 2 , Anne Thebault 4 , Sébastien Lambert 5 , Jean-Jacques Pasquier 6 , Philippe Auliac 7 , Catherine Mestrallet 8 , Thomas Rambaud 9 , Claire Ponsart 10 , Antoine Greiller 11 , Stéphane Anselme-Martin 11 , Benoit Guyonnaud 11 , Arnaud Chartrain 12 , Beloeil Isabelle 13, Ariane Payne 1

1. *Office Français de la Biodiversité (OFB), Direction de la Recherche et de l'Appui Scientifique, France*
2. *VetAgro Sup, Marcy l'Etoile, France*
3. *Office Français de la Biodiversité (OFB), Direction de la Surveillance, de l'Évaluation, des Données, France*
4. *Anses, Direction de l'Évaluation des Risques, France*
5. *Ecole Nationale Vétérinaire de Toulouse, France*
6. *Fédération Départementale des Chasseurs de la Haute-Savoie, France*
7. *Fédération Départementale des Chasseurs de la Savoie, France*
8. *LIDAL, Laboratoire d'analyses biologiques et alimentaires des Savoie, France*
9. *Laboratoire Départemental d'Analyses Vétérinaires de la Savoie, France*
10. *Anses, Laboratoire National de Référence Brucellose, France*
11. *Office Français de la Biodiversité (OFB), Service Départementale de la Haute-Savoie (SD74), France*
12. *Office Français de la Biodiversité (OFB), Service Départementale de la Savoie (SD73), France*
13. *Office Français de la Biodiversité (OFB), Direction Auvergne-Rhône-Alpes, France*

Depuis son émergence en 2012, la brucellose à *B. melitensis* fait l'objet d'un suivi dans la région du massif du Bargy en France, en particulier chez les bouquetins. En 2022 et 2023, l'infection est toujours présente. D'importantes opérations ont été menées en 2022 (97 captures, 38 recaptures et 61 tirs) et, à la fin de l'année 2022, la

séroprévalence corrigée a été estimée à 4,9% (IC 90% : [2%- 8,8%]) pour les femelles de la zone cœur, 2,3% (IC 90% : [0,8%- 4,2%]) pour les mâles de la zone cœur et 6,3% (IC 90% : [1,7%- 12,8%]) pour les bouquetins de la zone périphérique. La séroprévalence se maintient donc à un niveau faible dans la population de bouquetins du Bargy, estimée à 435 (IC 95% : [406-471]) individus (hors cabris) à la fin de l'été 2022, soit avant l'abattage de 52 adultes. En outre, ces résultats ne permettent plus de détecter de différence significative de séroprévalence entre la zone cœur et la zone périphérique, ce qui suggère une efficacité des mesures de gestion mises en œuvre, en particulier dans la zone cœur, prioritairement ciblée ces dernières années. Toutefois, la présence d'animaux séropositifs jeunes et de titres en fixation du complément élevés suggèrent que des infections se sont produites depuis 2020. D'après ces résultats, l'avis de l'Anses, relatif à la saisine n° « 2022-SA-0220 », a préconisé la capture de 58 bouquetins non marqués (avec possibilité de compléter par des tirs), prioritairement des femelles, sur l'ensemble du massif du Bargy pour poursuivre un double objectif : surveillance et lutte. Au printemps 2023, 50 bouquetins ont été capturés (maximum du cadre légal en vigueur), parmi lesquels 4 se sont révélés séropositifs, et 19 ont été recapturés. Par ailleurs, le massif voisin des Aravis a également fait l'objet d'un suivi, suite à la découverte en juin 2022 d'une étagne porteuse de la brucellose. A l'automne 2022, 38 bouquetins ont été testés pour la brucellose et se sont avérés tous séronégatifs. Au printemps 2023, parmi les 71 bouquetins capturés, 2 mâles se sont révélés séropositifs. Le second troupeau bovin détecté positif, en 2021, infecté par une génisse qui avait pâturé dans le Bargy en 2020, et la découverte de cas de brucellose chez des bouquetins dans les Aravis ont également été des catalyseurs pour la révision des protocoles de surveillance de la faune sauvage vis-à-vis de la brucellose, instaurés depuis 2012. Ainsi, la surveillance événementielle par le réseau SAGIR a été détaillée et inclut un renfort de collecte (SAGIR renforcé) des bouquetins sur l'ensemble des départements de la Savoie et de la Haute-Savoie et des chamois, cerfs, chevreuils et mouflons dans les massifs du Bargy, des Aravis et de Sous-Dine. Par ailleurs, la surveillance programmée à la chasse s'élargit. En effet, outre le maintien de la surveillance des chamois sur les massifs du Bargy, des Aravis et les massifs adjacents, le protocole aura également pour objectif de reprendre la surveillance des cervidés en zone de circulation active de la bactérie, de s'assurer de l'absence de transmission du troupeau domestique impacté en 2021 à la faune sauvage environnante et d'élargir le périmètre de la surveillance sur le massif des Aravis en incluant le territoire savoyard concerné. Si la population de bouquetins du Bargy reste le réservoir identifié de brucellose et continue de faire l'objet de mesures de lutte, c'est l'ensemble des protocoles de surveillance de la brucellose, associés à la surveillance renforcée des troupeaux domestiques et aux travaux de modélisation et sur les interfaces interspécifiques, qui permettront de mieux appréhender l'évolution du foyer de brucellose dans le massif du Bargy et les massifs adjacents.

CONFERMA DELLA CIRCOLAZIONE DEL VIRUS DELL'ENCEFALITE DA ZECCHIE (TBEV) NELLE ALPI CENTRALI LOMBARDE : DIAGNOSI DI UN CASO CLINICO IN UN CAMOSCIO

Gaffuri A. (1), Calzolari M. (2), Karaman I. (3), Prati P. (4), Vicari N. (4), Pigoli C. (5), Gibelli L.R. (5), Sommariva M.P (1), Bianchi A. (3), Lelli D. (6), Pellicoli L. (7), Bertoletti I. (3)

ISTITUTO ZOOPROFILATTICO SPERIMENTALE DELLA LOMBARDIA E DELL'EMILIA ROMAGNA (IZSLER) - SEDI TERRITORIALI DI (1) Bergamo, (2) Reggio

Emilia, (3) Sondrio, (4) Pavia, (5) Milano e (6) Brescia, lab. Di Virologia, (7) A.T.S. Bergamo

Nel mese di maggio 2023 è stato rinvenuto nella Alpi Orobie in provincia di Bergamo un camoscio moribondo, di circa 15 anni, che presentava tremori muscolari, difficoltà di movimento, iporeattività e deglutizione frequente. L'animale è stato sottoposto ad eutanasia e conferito presso la sede territoriale di Bergamo dell'IZSLER, per sottoporlo a necropsia. L'esame autoptico ha messo in evidenza scadenti condizioni generali, assenza di tessuto adiposo, muta non completa e una massiva infestazione da zecche. Si osservavano inoltre: aderenze pleuro-costali, lesioni nodulari parassitarie, miocardio di aspetto pallido con focale aderenza tra i due foglietti pericardici; prestomaci repleti di alimento, presenza di nematodi gastro-intestinali, pallore del parenchima del rene e aspetto cribroso della superficie della corticale, ipertrofia dei surreni; pallore del fegato e focali lesioni biancastre irregolari sulla superficie. In applicazione del piano di monitoraggio dei patogeni da zecche in essere in regione Lombardia, dalla carcassa sono state raccolte 26 zecche (14 femmine e 12 maschi), di cui 12 sono risultate positive alla PCR per TBEV (8 femmine e 4 maschi). La ricerca del TBEV è stata eseguita anche da pool di visceri, sangue e da encefalo del camoscio, risultando positiva in tutti i campioni. Le sequenze ottenute da una zecca femmina, da una zecca maschio e dal camoscio sono risultate identiche tra di loro. Questa sequenza ricade in un cluster ben supportato con altre sequenze europee, classificato come sottotipo dell'Europa centro-occidentale. È stata messa in evidenza anche la presenza di anticorpi circolanti tramite tecnica ELISA, mentre le altre indagini batteriologiche e virologiche effettuate sono risultate negative. L'esame istopatologico ha evidenziato una grave meningoencefalite non purulenta cronica, caratterizzata da manicotti linfocitocitari perivascolari, necrosi neuronale e neuronofagia. L'esame immunohistochimico ha inoltre evidenziato positività neuronale per TBEV. Il piano di monitoraggio sanitario della regione Lombardia prevede dal 2020 il controllo sierologico per TBE nei ruminanti selvatici cacciati; in questo triennio è stata messa in evidenza la presenza di 48 sieri positivi, in particolare camosci (19/556) cervi (24/850) e caprioli (4/493). Di questi, 41 campioni corrispondono a soggetti abbattuti nel comprensorio alpino di provenienza del caso descritto. Inoltre ad ottobre 2022 un cacciatore bergamasco, che aveva frequentato le zone in cui si sono riscontrati animali sierologicamente positivi per TBE, veniva ricoverato presso l'ospedale di Bergamo, da cui era dimesso con diagnosi di Encefalite da zecca. La positività sierologica in ruminanti selvatici, il caso umano e l'evidenza del virus nel camoscio e nelle sue zecche confermano l'identificazione di un nuovo hot spot di TBE nelle Alpi Centrali. L'autorità sanitaria competente per il territorio (ATS) e la sezione di Bergamo del Club Alpino Italiano, in collaborazione con la Sede di Bergamo dell'IZSLER, hanno promosso una campagna informativa presso i rifugi delle Alpi Orobie Bergamasche, per sensibilizzare gli escursionisti alla problematica e per invitarli a conferire eventuali zecche ritrovate. Verrà inoltre intensificata la raccolta delle zecche dagli animali abbattuti e rinvenuti morti, e verranno programmate delle raccolte di campo in aree individuate in base alla localizzazione degli animali sieropositivi. È in corso anche la ricerca virologica in prodotti lattiero caseari a base di latte crudo che vengono prodotti dagli animali in alpeggio. Sono in corso indagini sierologiche retrospettive in ruminanti selvatici abbattuti nelle stagioni venatorie precedenti al 2020, per cercare di capire da quanto tempo sia in atto la circolazione del virus della TBE in queste aree, fino ad ora non considerate a rischio.

IL PARCO DEL MONVISO : CARATTERISTICHE AMBIENTALI E MONITORAGGI FAUNISTICI

Giorgio Ficetto, Marco Rastelli

Ente di Gestione delle Aree Protette del Monviso

Vengono presentati brevemente gli ambienti e le peculiarità naturalistiche del Parco del Monviso con cenni sulle altre aree protette gestite dell'EGAP Monviso. Ci sarà un breve approfondimento su alcune ricerche condotte nel Parco nell'ambito dei monitoraggi faunistici anche con riferimento ai report di cui all'art 17 della Direttiva Habitat: il monitoraggio dello Stambecco (*Capra ibex*), i modelli previsionali sulla distribuzione della Salamandra di Lanza (*Salamandra lanzai*) a seguito degli effetti dei cambiamenti climatici, il monitoraggio dei Lepidotteri di importanza comunitaria. Si accennerà, infine, ad un esempio di coinvolgimento del pubblico nei monitoraggi, attraverso il progetto « Migrants » che riguarda l'osservazione della migrazione post riproduttiva del Falco pecchiaiolo (*Pernis apivorus*).

DEUXIEME SESSION DE COMMUNICATION

EMERGENCE DE LA MALADIE DE CARRE DANS LA FAUNE SAUVAGE EN FRANCE

Julien Hirschinger 1 ; Guillaume Le Loc'h 1 ; Corinne Novella 2 ; Alexandre Garnier 2 ; Nicolas Toulet 3 ; Anouk Decors 3

1: IHAP, ENVT, INRAE, Université de Toulouse, Toulouse, France

2: Parc National des Pyrénées, Tarbes, France

3: OFB, Villeneuve de Rivière, France

Depuis le début des années 2000, l'Europe connaît des épizooties relativement nombreuses et intenses de maladie de Carré chez les canidés et mustélidés sauvages, notamment dans les pays frontaliers de la France (Italie 2006, Allemagne 2008, Suisse 2009, Belgique 2012, Espagne 2020). Depuis 2019, le réseau SAGIR a détecté l'émergence des cas cliniques d'allure épizootique dans les populations de blaireaux et renards des départements frontaliers avec la Suisse (Doubs et Haut-Rhin) ainsi que d'autres départements alpins (Savoie et Isère). Avant 2019, seuls de rares cas sporadiques avaient été mis en évidence par les surveillances conjointes du réseau SAGIR et des Parcs nationaux. L'apparition de cas cliniques peut suggérer l'émergence d'une souche virulente de virus de la maladie de Carré. La question du rôle épidémiologique de la faune sauvage dans la circulation de ce virus et de l'impact de cette circulation virale sur la santé des populations sauvages se pose donc : le virus circulant est-il inféodé au compartiment sauvage ? Est-il issu du compartiment domestique ? Représente-t-il un risque pour la faune sauvage, notamment pour les espèces à enjeux de conservation (Lynx) ? Et pour le compartiment domestique ? Pour tenter d'y répondre, nous nous sommes penchés sur les données collectées d'une part dans le cadre de la surveillance sanitaire réalisée à l'échelle nationale par le réseau SAGIR et d'autre part dans le cadre d'un suivi sanitaire longitudinal dédié à cet agent pathogène dans le Parc Naturel des Pyrénées (PNP) depuis 2010. Les résultats préliminaires issus du criblage virologique systématique du PNP confirment une recrudescence de la circulation du virus depuis 2018 avec un taux de positivité moyen dans l'échantillon analysé de l'ordre de 17% pour les années 2019 et 2020 contre 0% en moyenne pour les années 2013 à 2017. Le taux de positivité varie entre espèces avec un trio de tête constitué par le Renard roux (17%), la Martre des Pins (8%) et le Blaireau européen (5%). Les résultats préliminaires issus de la recherche diagnostique réalisée par le réseau SAGIR confirment une augmentation graduelle des cas cliniques, avec un taux de malades passant de 0% en 2018 à presque 8% en 2020. Les cas se concentrent dans les départements du Doubs et de la Savoie. L'espèce la plus détectée est le Renard roux avec 7% de cas cliniques. Les séquences virales rassemblées par ces deux réseaux ont ensuite été comparées à celles collectées ailleurs en Europe. L'analyse phylogénétique montre que les séquences collectées dans le Doubs présentent une diversité limitée et sont relativement proches de séquences virales détectées en Suisse en 2010 et en Italie en 2019. Au contraire, les séquences collectées dans le Parc Naturel des Pyrénées sont proches de séquences virales détectées en Espagne en 2020 et 2021. Bien que préliminaire, nous proposons grâce à cette étude une actualisation de la connaissance de la circulation du virus de la Maladie de Carré au sein de la faune sauvage en France.

STATO SANITARIO DEI CARNIVORI SELVATICI NELLA REGIONE FRIULI VENEZIA GIULIA (2018-2023)

BREGOLI Marco¹, DE ZAN Gabrita¹, PESARO Stefano², BERALDO Paola², DORIGO Luca³, SELLO Marco¹, BENEDETTI Paolo⁴, FATTORI Umberto⁴, PALEI Manlio⁴, LAPINI Luca³, DANESI Patrizia¹, OBBER Federica¹, CEGLIE Letizia¹, LEOPARDI Stefania¹, DE BENEDICTIS Paola¹, CITTERIO Carlo¹

¹Istituto Zooprofilattico Sperimentale delle Venezie

²Università degli Studi di Udine,

³Museo Friulano di Storia Naturale di Udine

⁴Regione Friuli Venezia Giulia

Nella Regione Friuli Venezia Giulia i carnivori selvatici sono sottoposti a sorveglianza passiva in base alle priorità e ai protocolli definiti nel piano regionale. Durante il periodo 2018-2023 sono stati analizzati 2908 esemplari delle specie volpe (*Vulpes vulpes* - 1840), tasso (*Meles meles* - 844), faina (*Martes foina* - 66) martora (*Martes martes* - 4), puzzola (*Mustela putorius* - 1), sciacallo dorato (*Canis aureus* - 83), lupo (*Canis lupus* - 14), gatto selvatico (*Felis silvestris* - 53) e lontra (*Lutra lutra* - 3). Le malattie/patogeni considerati prioritariamente dal piano di sorveglianza sono rabbia, cimurro, *Echinococcus multilocularis* (EM), *Trichinella*, *Leptospira* spp. e rogna sarcoptica. In seconda istanza e in particolare per le specie di interesse conservazionistico vengono monitorati anche parvovirus, adenovirus canino 1 e 2, peritonite infettiva felina (FCoV), virus della immunodeficienza felina (FIV), e il virus della leucosi felina (FeLV). La malattia virale più diffusa è risultata essere il cimurro (volpe 19,8%, tasso 7,3%, faina 4,9%, martora 16,6%, sciacallo 7,3%, gatto selvatico 2,2%) mentre abbiamo riscontrato casi di infezione anche da parvovirus (sciacallo 47,2%, lupo 8,3%, tasso 9% e gatto selvatico 2,3%), adenovirus canino tipo 2 (sciacallo 1,8%), di FeLV (6,9%) e FCoV (2,3%) nel gatto selvatico in assenza di forme cliniche evidenti. La negatività per rabbia in tutti i soggetti esaminati conferma la situazione epidemiologica per questa malattia (l'Italia è indenne dal 2012); anche per adenovirus canino tipo 1 e FIV non sono emerse positività. Nessuna positività è stata riscontrata per le zoonosi parassitarie considerate, confermando che allo stato attuale non c'è evidenza di EM nella fauna selvatica del territorio e la bassa carica di *Trichinella* nei carnivori selvatici dell'Italia nord-orientale. Gli investimenti stradali rappresentano la principale causa di mortalità in tutte le specie esaminate; tra i fattori sanitari emergono solamente cimurro e rogna sarcoptica e sporadicamente casi di leptospirosi, mentre tra le cause non infettive abbiamo riscontrato episodi di avvelenamento e bracconaggio, aggressione intra-interspecifica e casi di annegamento. Tra le altre patologie emerse dagli esami anatomopatologici segnaliamo in particolare i primi due casi di filariosi cardiopolmonare nello sciacallo dorato in Italia. Il trend delle popolazioni appare generalmente in aumento, non solo per le specie in espansione territoriale come lo sciacallo dorato, ma anche per altre specie come il tasso. Il riscontro di infezioni virali da cimurro nello sciacallo e nel gatto selvatico è emerso solo negli ultimi due anni, nei quali è stato osservato un incremento di queste specie. La diffusione del cimurro nella volpe e nei mustelidi negli ultimi due anni appare inoltre essere costante e senza picchi evidenti a differenza di quanto avevamo osservato in precedenza con ondate epidemiche distanziate di 4-5 anni. È necessario proseguire nell'attività di sorveglianza sanitaria implementandola anche con attività di ricerca e in stretto rapporto con gli enti che si occupano di gestione faunistica associando le informazioni ecologiche e demografiche in modo da ottimizzare il monitoraggio delle specie presenti nel territorio ed evidenziare l'emergenza o l'introduzione di malattie importanti nell'interfaccia con l'uomo e con le altre specie selvatiche e domestiche.

WOLF AND FOX CONSUMPTION OF CONSPECIFIC AND HETEROSPECIFIC CARCASSES IN THE WESTERN ITALIAN ALPS: IMPLICATIONS FOR THE TRANSMISSION OF *TRICHINELLA* SPP.

Daniel Redondo-Gómez¹, Luca Rossi², José A. Sánchez-Zapata³, Sergio Eguía⁴, Carlos Martínez-Carrasco⁵, Carlos Javier Durá⁶ & Marcos Moleón¹

1. *Departamento de Zoología, Universidad de Granada, España*

2. *Departamento de Ciencias Veterinarias, Universidad de Turín, Italia*

3. *Departamento de Biología Aplicada, Universidad Miguel Hernández, Elche, España*

4. *MENDIJOB, S.L, Murcia, España*

5. *Departamento de Sanidad Animal, Universidad de Murcia, España*

6. *Centro Internacional de Estudios de Derecho Ambiental (CIEDA-CIEMAT), Soria, Spain*

The recolonization of the Alps by wolves (*Canis lupus*) in the 90s after several decades of absence marked a significant change in the ecological and, likely, epidemiological dynamics of Alpine ecosystems. Here, we aim to study the consumption of both conspecific and heterospecific carrion by wolves and foxes (*Vulpes vulpes*), as a potential route of transmission of sylvatic *Trichinella* spp. after the recovery of the wolf as a top-predator host. During spring 2022 and 2023, we monitored the decomposition process of 30 wolf and 30 red fox carcasses in the Susa Valley (western Alps, Italy) using videos recorded by camera-traps. Wolves were recorded scavenging at 15 wolf carcasses (53 events) and seven fox carcass (11 event), while red foxes were observed scavenging at 26 wolf carcasses (363 events) and 24 fox carcasses (291 events). Although both carnivore species quickly detected the carcasses, the average time of first consumption was 19.0 days after carcass deployment (32.8 and 30.6 days for wolves in conspecific and fox carcasses, respectively; and 19.6 and 24.2 days for foxes in wolf and conspecific carcasses, respectively). In general, our results agree with previous findings on carnivore carcass avoidance by carnivores, as we recorded relatively few consumption events and most of them occurred at advanced stages of carcass decomposition, i.e., when the infectivity of *Trichinella* larvae is largely reduced. This suggests that further research, including a larger sample size, is needed to: i) identify the conditions favouring the consumption of both conspecific and heterospecific carrion by wolves and foxes, thus permitting the maintenance of a *Trichinella* spp. sylvatic cycle; and ii) understand how the recovery of top carnivores may influence the dynamics of *Trichinella* in the Alps.

REFLEXIONS ETHIQUES AUTOUR DE LA PRISE EN CHARGE D'UN ANIMAL SAUVAGE EN DETRESSE : EXEMPLE DU LYNX BOREAL

Julie Merlin^{1,3}, Pauline Bouillot^{1,3}, Nathan Thenon^{1,3}, Elise Huchard², Dominique Autier-Dérian^{1,5}, Emmanuelle Gilot-Fromont^{1,4*}, Marie-Pierre Callait-Cardinal¹, Anouk Decors³

1 *Pôle EVAAS Expertise Vétérinaire et Agronomique Animaux Sauvages, VetAgro Sup, Marcy-l'Etoile, France*

2 *Institut des Sciences de l'Evolution (CNRS-UMR 5554), Université de Montpellier, Montpellier, France*

3 *Direction de la Recherche et de l'Appui Scientifique, Unité sanitaire de la faune, Office Français de la Biodiversité (OFB), Orléans, France*

4 Université de Lyon, VetAgro Sup, CNRS, Laboratoire de Biométrie et Biologie Évolutive UMR 5558, Marcy-l'Etoile, France

5 Animal Welfare Consulting, Oullins, France

* Correspondance : emmanuelle.gilot-fromont@vetagro-sup.fr

Nous remercions l'ensemble des contributeurs à ce travail : Sylvain Larrat, Gilles Moyne, Benoît Quintard, Stéphanie Borel, Jean-Michel Vandiel, Julien Steinmetz, Sarah Pierre, Guillaume Le Loc'h, Françoise Pozet, Anja Molinari-Jobin, Coline Prevost, Nicolas Jean, Loïg Le Run, Dominique Gauthier, Frédéric Violot, Alain Viry, Ole Anders, Guillermo Lopez Zamora et Rodrigo Serra. Ainsi qu'une pensée spéciale à **Marie-Pierre Ryser-Degiorgis** qui a grandement contribué au travail de notre groupe, ainsi qu'à la conservation du lynx en général.

En France, le Lynx boréal a le statut d'espèce protégée et est une espèce menacée d'extinction. Un Plan National d'Actions a été élaboré avec pour objectif de rétablir le Lynx boréal dans un état de conservation favorable en France sur la durée 2022-2026. Il prévoit notamment de réduire les menaces sur la viabilité de l'espèce et de lever les freins à son expansion. Pour y répondre, l'Office Français de la Biodiversité (OFB) et VetAgro Sup ont coordonné une expertise collective pluridisciplinaire, via trois démarches : i) Réflexion sur les objectifs et les critères de prise en charge des lynx en détresse et de leur réhabilitation, ii) Hiérarchisation des dangers sanitaires à risque pour le lynx et réflexion sur un protocole de surveillance des lynx vivants et morts, iii) Anticipation des crises sanitaires (gestion de crise et prophylaxie) sur la base de la hiérarchisation des risques. Avec l'évolution du droit des animaux et la prise en compte croissante du bien-être animal, les considérations éthiques sont de plus en plus présentes lors de toute intervention humaine sur la faune domestique ou sauvage. Un questionnement a donc naturellement émergé au sein du groupe d'experts en amont de la réflexion sur la prise en charge des lynx en détresse, afin de proposer un cadre éthique partagé. Le cadre théorique proposé est à l'intersection entre l'éthique animale et la conservation. Il s'appuie sur la conservation compassionnelle - qui préconise la gestion des écosystèmes dans le respect strict des individus sentients - ou le principe de bien-être en conservation. La faisabilité d'une application pratique associée aux contraintes logistiques a également été considérée dans cette démarche éthique. Les premiers résultats de ces réflexions concluent qu'il semble justifié d'intervenir sur tout lynx en détresse en France, et pas seulement dans un objectif de réparation des torts causés par l'homme. Si elle est envisageable (selon l'état de santé de l'animal, les contraintes logistiques, etc.), une gestion in situ est à privilégier. Sinon, une gestion ex situ peut être décidée, et nécessite une durée la plus courte possible et une réévaluation régulière des indicateurs physiques et mentaux de l'animal. Dans le cas d'un lynx non réhabilitable, son état de bien-être prime dans le choix de son devenir et doit être réévalué de façon régulière. D'autres facteurs sont à prendre en compte (disponibilité de structures d'accueil appropriées, préservation des intérêts populationnels, contexte sociétal), et une réflexion au cas par cas est donc souvent nécessaire. L'euthanasie peut être envisagée en dernier recours. Les actes invasifs sur un lynx en liberté doivent être évités s'ils ne sont pas imposés par l'état sanitaire de l'individu ou par une nécessité majeure d'épidémiosurveillance. L'utilisation de colliers émetteurs, en complément de pièges photographiques, doit apporter des bénéfices supérieurs à leurs coûts pour l'individu porteur, voire, pour la population. La réintroduction d'un lynx nécessite plusieurs étapes pour évaluer en amont les conditions de réintroductions et limiter les menaces les plus immédiates à la survie des individus. L'impact de la distribution de proies vivantes aux lynx en captivité dans le succès des réintroductions ultérieures n'a pas été étudié à ce jour, et semble, a priori, incompatible avec le cadre éthique proposé par la conservation compassionnelle, dans l'état actuel de sa mise en place. Ces réflexions se traduiront dans les protocoles de prise en charge et de surveillance sanitaire en cours de rédaction. Certaines de ces

discussions éthiques pourraient être élargies à d'autres espèces sauvages dans le cadre de leur conservation.

COME PUO' INFLUIRE LA PRESENZA DI UN PREDATORE SULLE DINAMICHE DELLA POPOLAZIONE DI UNGULATI SELVATICI E LA GESTIONE DEGLI ANIMALI ALPEGGIANTI

Rinaudo Sergio (1), Giordano Omar (1), Vinai Giuseppe (2)

(1) *Comprensorio Alpino Cuneo 2 – Valle Varaita*

(2) *Servizio Veterinario Azienda Sanitaria Locale CN1*

In questa esposizione vengono presi in esame i dati storici degli ultimi undici anni (2012 – 2022) relativi alla presenza di ungulati di interesse venatorio (caprioli, camosci e cervi) presenti in Valle Varaita (Provincia di Cuneo – Italia). La raccolta di questi dati viene effettuata annualmente tramite censimento dal personale dipendente del Comprensorio Alpino CN2 Valle Varaita e dai cacciatori ad esso iscritti. I censimenti vengono effettuati in periodi dell'anno prestabiliti su transetti storici. L'elaborazione di questi dati porta ad una stima di popolazione di ungulati presenti. In base a questi elaborati vengono proporzionalmente stabiliti i piani di prelievo per la caccia di selezione. Al medesimo tempo sono stati raccolti i dati di bovini, ovini e caprini alpeggianti sul territorio della Valle Varaita. Questi dati sono stati forniti dal Servizio Veterinario dell'ASL CN1, Distretto di Saluzzo, che li ha estrapolati dalla Banca Dati Nazionale (BDN) relativa agli animali domestici da reddito. I Certificati di Alpeggio (Modelli 7) riportanti i dati riferiti al Codice di Stalla, ad ogni singolo animale, alla qualifica sanitaria, alla località di alpeggio, alla data di partenza, al conduttore) vengono rilasciati tramite la BDN dai Delegati degli allevatori (Associazioni Sindacali) o dall'Allevatore stesso al momento della monticazione. Sono stati riportati i numeri di predazione da lupo sui domestici. Questi dati vengono registrati dal 2018 sul portale ARVet (Anagrafe Regionale Veterinaria della Regione Piemonte) e quindi facilmente consultabili. I dati degli anni dal 2012 al 2017 sono stati elaborati dall'Ente Liquidatore dei danni (APA). Sono stati riportati inoltre i dati raccolti sulla presenza del lupo in Piemonte dal progetto "Lupo Piemonte", "Life WolfAlps" e "Life WolfAlps eu". Sono stati messi a confronto i dati della presenza del lupo sul territorio oggetto di indagine con l'evoluzione della popolazione di ungulati selvatici e il numero di predazioni sugli animali alpeggianti con l'impatto che il lupo ha avuto, in quest'ultimo caso, sulla realtà della gestione degli animali alpeggianti.

EFFECTOS DE LA DENSIDAD DE CIERVOS SOBRE LA ABUNDANCIA DE RHIPICEPHALUS BURSA EN UN AMBIENTE MEDITERRANEO: UNA APROXIMACION EXPERIMENTAL

Jesús CARDELLS¹, Irene TORRES-BLAS², Clara VILALTA², Santiago LAVÍN², INCREMENTO CONSORTIUM*, Víctor LIZANA^{1,2}, Carmen CATALÀ-TETUAN¹, Jordi LÓPEZ RAMON,¹ Alba MARTÍ¹, Ramon PEREA³, Emmanuel SERRANO²

1 Servicio de Análisis, Investigación, Gestión de Animales Silvestres (SAIGAS) and Wildlife Ecology & Health group (WE&H). Facultad de Veterinaria, Universidad Cardenal Herrera-CEU, Valencia, Spain.

2 *Wildlife Ecology & Health Group (WE&H) and Servei d'Ecopatologia de Fauna Salvatge (SEFaS), Departament de Medicina i Cirurgia Animals, Facultat de Veterinària, Universitat Autònoma de Barcelona (UAB), Bellaterra, Barcelona, Spain.*

3 *Departamento de Sistemas y Recursos Naturales, Universidad Politécnica de Madrid, Madrid, Spain.*

La precipitación, la temperatura, la cobertura vegetal y, en particular, la abundancia y diversidad de hospedadores condicionan la dinámica de las poblaciones de garrapatas. Si bien los efectos de las condiciones ambientales sobre estos parásitos se ha estudiado con trabajos tanto experimentales como observacionales, el conocimiento de la importancia de los hospedadores finales se basa sobre trabajos observacionales. En este trabajo se ha realizado un experimento donde se construyeron unos cercados con vegetación natural de 10 ha para evaluar el efecto de la densidad de ciervo rojo (*Cervus elaphus*, hospedador definitivo) sobre las poblaciones de garrapatas (*Rhipicephalus bursa*) en un ambiente mediterráneo en la Reserva Valenciana de Caza de la Muela de Cortes, España. Los ciervos (hembras) fueron mantenidas en cautividad durante un año y medio en condiciones de "hiper densidad" (83-102 ciervas/km²), o de alta densidad (58 ciervas/km²). También se construyeron cercados control (sin ciervos). Desde el 2021 al 2023, se realizaron muestreos mensuales (mayo a agosto) mediante el método "Flagging-dragging". El presente experimento confirma que la abundancia de garrapatas sigue un patrón estacional con un aumento progresivo en el número de capturas de mayo a julio (máximo), seguido de una disminución abrupta en agosto. Los ciervos tuvieron un claro efecto amplificador de las poblaciones de garrapatas, el cual tardó un año en manifestarse, en particular en el tratamiento de hiper densidad. En la primavera de 2023 se extrajeron las ciervas de los cercados, pero su efecto sobre las poblaciones de garrapatas aún seguía patente. No se capturó ninguna garrapata en los cercados control. Los resultados de este trabajo ponen de manifiesto la necesidad de gestionar las poblaciones de grandes herbívoros para minimizar el riesgo de transmisión de enfermedades transmitidas por garrapatas.

CONCOURS GEEFSM

PARASSITI GASTROINTESTINALI DEI GALLIFORMI ALPINI: AGGIORNAMENTO NELLE ALPI OCCIDENTALI ITALIANE

BELTRAMINO MATTIA

Questo studio ha riguardato i parassiti gastro-enterici di Fagiano di monte (*Tetrao tetrix tetrix*), Pernice bianca (*Lagopus muta helvetica*) e Coturnice delle Alpi (*Alectoris graeca saxatilis*), galliformi presenti sulle Alpi occidentali italiane. Queste specie hanno dimostrato di essere sensibili a variazioni ecologiche con possibilità di estinzione locale. Per questo sono considerati come indicatori biologici dello stato di integrità di un ecosistema. Dapprima si è valutato lo stato dell'arte tramite consultazione di 21 articoli pubblicati su riviste scientifiche, che hanno evidenziato la presenza di tre nematodi (*Ascaridia sp.*, *Capillaria sp.*, *Heterakis sp.*), un trematode (*Corrigia sp.*) e un cestode (specie non identificata). Si è deciso di svolgere lo studio in una zona poco indagata (Alpi Marittime), attraverso l'esame di 163 pacchetti intestinali: 86 di Fagiano di monte, 70 di Coturnice delle Alpi (N=70) e 7 di Pernice bianca (N=7) raccolti nell'autunno del 2021 e del 2022. L'esame di questi campioni ha confermato la presenza di specie parassitarie già segnalate nei lavori consultati ed ha evidenziato inoltre la presenza di: i) cestodi in tutte le tre specie ospite indagate, ii) *Cheilospirura hamulosa* nel ventriglio di *A.g.saxatilis*, parassita mai riportato precedentemente in Italia e che era stato segnalato per la prima volta nelle confinanti Alpi nizzarde, iii) due specie parassitarie (cestodi e Spiruridae) in *L. muta*, in contrapposizione ai risultati di precedenti analisi, dall'esito negativo, condotte nella stessa area. *C. hamulosa* era stato recentemente rinvenuto in Coturnici della Alpi sul versante francese con una prevalenza (39%) decisamente inferiore al 91% riscontrato in questo studio. Alla luce di questi risultati preliminari è importante aumentare il campionamento in aree poco esplorate, accrescere le conoscenze sui parassiti che possono influenzare la dinamica di popolazione delle specie ospiti, come *C.hamulosa*, e riverificare la presenza di parassiti nella Pernice bianca, eventualmente in relazione al cambio climatico.

CAUSES DE MORTALITE ET DE MORBIDITE DU LYNX EURASIEN (LYNX LYNX) EN SUISSE, 2000-2022

BOREL STEPHANIE

Cette étude a pour but de fournir une vue d'ensemble actualisée des causes de mortalité et de morbidité du lynx eurasien en Suisse entre 2000 et 2022. Au total, 346 lynx autopsiés (trouvés morts, euthanasiés ou abattus) sont inclus dans cette étude. Une cause de mortalité est identifiée pour 319 animaux (92%). La principale cause de mortalité est due à un traumatisme (n=191, 55% - principalement par collision avec un véhicule). La mort par sous-alimentation chronique due à la séparation des juvéniles dépendants de leur mère est la deuxième cause de mortalité (n=70, 20%). Les cas de maladies infectieuses fatales sont relativement faibles (n=33, 10%). Cependant, nous documentons quelques pathogènes importants tels que le virus de la maladie de Carré (CDV), le virus de l'immunodéficience féline (FIV), *Crenosoma sp.*, *Angiostrongylus chabaudi* et *A. vasorum*, dont certains sont détectés pour la première fois chez le lynx eurasien. L'abattage illégal a été diagnostiqué dans 24 cas (7%). Cependant, l'abattage illégal est probablement sous-estimé étant donné que, dans cette étude, les lynx munis de colliers émetteurs sont proportionnellement plus souvent abattus

illégalement que les lynx non monitorés trouvés par hasard. La plupart des individus (68%) sont touchés par au moins un processus inflammatoire léger à modéré, non spécifique, d'origine inconnue. Un contexte génétique est fortement suspecté pour certaines de ces pathologies secondaires, nécessitant des recherches supplémentaires. Cette étude confirme l'importance des examens pathologiques systématiques et de la surveillance générale de la santé du lynx eurasien en Suisse, non seulement pour l'utilisation de ces lynx dans des projets de translocation et pour la conservation de l'espèce, mais aussi pour une meilleure compréhension de leurs pathologies.

ÉTUDE RETROSPECTIVE DES LÉSIONS ASSOCIÉES AUX TRAUMATISMES PHYSIQUES CHEZ LES CARNIVORES SAUVAGES (LOUP, LYNX, RENARD) ET DOMESTIQUES (CHIEN ET CHAT) EN FRANCE

BOUILLOT PAULINE

Les traumatismes physiques sont des causes de mortalité majeures chez les grands carnivores. Connaître la nature exacte de ces traumatismes et leur part respective présente un enjeu particulier dans le cadre de la lutte contre la destruction de ces espèces ou la mise en place de mesures d'atténuation, dans l'objectif d'améliorer leur conservation. Déterminer la nature exacte d'un traumatisme a posteriori, sur un animal mort ou blessé, peut néanmoins se révéler difficile. Notre étude a été menée afin de fournir des aides diagnostiques aux laboratoires et vétérinaires en charge des nécropsies et examens radiologiques, lors d'une prise en charge d'un animal dans un cadre scientifique mais également judiciaire. Nous avons analysé de manière exploratoire la structuration des données nécropsiques relatives aux cadavres de loups, lynx et renards sauvages collectés par le réseau SAGIR entre 2014 et 2022, et des données issues des dossiers médicaux des chiens et chats, utilisés comme proxy de carnivores sauvages, reçus à l'École Nationale Vétérinaire de Toulouse entre 2011 et 2022, afin de mettre en évidence des associations entre lésions, espèces et nature des traumatismes. Les traumatismes intégrés dans l'étude sont les collisions (routières et ferroviaires), les tirs (légaux et illégaux), les morsures, les chutes de grande hauteur et les traumatismes de nature indéterminée. Ces résultats ont ensuite été confrontés aux données disponibles dans la littérature. Dans le cas des tirs, la nature du traumatisme connue avec certitude permet, chez le Loup gris, de décrire une association entre tir et lésions localisées en région thoracique. Les collisions routières seraient associées à des lésions localisées dans différentes régions du corps mais principalement au niveau de l'abdomen et des membres pelviens sur toutes espèces confondues. Pour l'ensemble des traumatismes étudiés, des différences sont observées dans la localisation des lésions entre les espèces. Elles pourraient s'expliquer par des comportements différents des Canidés et des Félidés, sauvages et domestiques, lors de collisions ou de conflits interspécifiques. Structurer l'expérience nécropsique et clinique permettra d'améliorer le niveau de confiance du diagnostic de la nature du traumatisme dans un contexte de surveillance épidémiologique et de participer à la distinction entre une destruction illégale et d'autres causes de mort violente lors d'enquêtes médico-légales.

ESCHERICHIA COLI PRODUTTORI DI SHIGA TOSSINA E BETA-LATTAMASI A SPETTRO ESTESO IN FECI AMBIENTALI DI CERVO E BOVINO IN AMBIENTE ALPINO

CRESPI CRISTINA

Il cervo (*Cervus elaphus*) è stato segnalato come potenziale reservoir di *Escherichia coli* produttori di Shiga tossina (STEC). Questo lavoro ha indagato e caratterizzato STEC e *E. coli* produttori di β -lattamasi a spettro esteso (ESBL) in cervi e bovini nel Parco Nazionale dello Stelvio per valutare la potenziale trasmissione inter-specie. Feci ambientali di entrambe le specie sono state raccolte in base alla disponibilità/area in agosto 2020 da tre aree del Parco (pascolo condiviso, area popolata da cervi e area da bovini) e sottoposte ad analisi batteriologica e molecolare per la ricerca di STEC ed *E. coli* produttori di ESBL. Sugli isolati STEC è stata eseguita l'analisi whole genome sequencing. Gli isolati di *E. coli* produttori di ESBL fenotipicamente confermati sono stati sottoposti a PCR per i geni *bla*_{CTX-M}, *bla*_{TEM} e *bla*_{SHV} e a valutazione della minima concentrazione inibente. In totale sono state raccolte 30 feci di cervo (di cui 24 da pascolo condiviso) e 36 di bovino (di cui 24 da pascolo condiviso). La presenza di STEC è stata osservata in 2/30 (6,7%) cervi e 5/36 (13,9%) bovini, provenienti solo dall'area di pascolo condiviso. Gli STEC da cervo possedevano il sottotipo *stx2b*, il locus *subAB* ed il gene *tia*. Gli STEC bovini avevano invece il sottotipo *stx2a* (n=4) e *stx1a* (n=1), e combinazione di geni di virulenza differenti rispetto agli STEC dai cervi. Tre isolati STEC bovini presentavano il gene *sta1*, caratteristico di *E. coli* enterotossigenici. Solo dalle feci di bovino è stato possibile isolare *E. coli* produttori di ESBL (3/36; 8,3%), confermati da *bla*_{CTX-M-1} (3/3) e *bla*_{TEM} (1/3), e multiresistenti, provenienti sia da pascolo condiviso che da area bovino. La differenza nell'assetto di geni di virulenza degli isolati dei cervi e dei bovini suggerisce una poco probabile cross-trasmissione di *E. coli* STEC ed ESBL tra queste specie.

MANIPOLAZIONE DEL COMPORTAMENTO MEDIATA DA PARASSITI? L'INFEZIONE DA *TOXOPLASMA GONDII* FAVORISCE L'ADOZIONE DI COMPORTAMENTI RISCHIOSI NEI CERVI ROSSI (*CERVUS ELAPHUS*) FACILITANDONE L'ABBATTIMENTO

NAVA MATTEO

I parassiti possono modificare il comportamento dell'ospite per aumentare le proprie possibilità di sopravvivenza e trasmissione. *Toxoplasma gondii* è un protozoo distribuito a livello globale la cui capacità di indurre comportamenti più rischiosi per la fitness dell'ospite è ben nota, sia nell'uomo sia nei roditori. Meno noti sono questi effetti nelle specie selvatiche, ad eccezione di alcuni studi su primati e carnivori. Nell'ambito del piano di contenimento del cervo (*Cervus elaphus*) in atto nel Parco Nazionale dello Stelvio (Italia), è stata testata l'ipotesi che *T. gondii* influenzi il comportamento di cervi infetti aumentandone le probabilità di abbattimento rispetto ai soggetti sieronegativi. A tale scopo, è stato utilizzato un indice di ranking temporale di abbattimento come variabile di risposta e lo stato sierologico di *T. gondii* come principale variabile esplicativa, tenendo conto di covariate come sesso, età, lunghezza della mandibola, grasso midollare e area di abbattimento. La sieroprevalenza complessiva di *T. gondii* è risultata del 31,5% (n=82/260) e i modelli selezionati mostrano come i cervi sieropositivi siano abbattuti prima di quelli sieronegativi, ma questo effetto è evidente solo nelle femmine, in individui con condizioni fisiche medio-buone e nelle aree con maggiore presenza umana. Durante l'ispezione veterinaria al punto di controllo, nessun animale ha mostrato segni di altre patologie, ad esempio disabilità motorie o

compromissione della funzionalità organiche, pertanto è improbabile che i risultati dati siano falsati da comorbidità cliniche. I risultati quindi suggeriscono che il *T. gondii* è coinvolto modificare il comportamento dei grandi erbivori, supportandone il ruolo di facilitatore del rischio di predazione.

LIENS ENTRE LE PARASITE D'AMPHIBIENS *BATRACHOCHYTRIUM DENDROBATIDIS* ET LES BIOFILMS BENTHIQUES DE LACS DE MONTAGNE PYRENEENS

HUGO SENTENAC

Les écosystèmes d'eau douce de montagne fournissent des services essentiels à l'humanité, comme la provision d'eau claire, mais sont fortement affectés par les changements globaux anthropogéniques malgré leur apparente isolation. Les biofilms benthiques, communautés d'organismes vivant dans une matrice adhérant aux surfaces immergées, ont des fonctions critiques dans les lacs de montagne : entre autres, ils détoxifient l'eau et forment la base des réseaux trophiques. Toutefois, leur composition et leur biodiversité sont encore mal connues. Aussi, dans les Pyrénées, certaines populations d'amphibiens sont menacées par la chytridiomycose, une maladie infectieuse causée par le champignon zoosporique *Batrachochytrium dendrobatidis* (Bd). Son épidémiologie n'est pas entièrement comprise mais pourrait dépendre des biofilms, abondants dans les lacs d'altitude et constituant la nourriture des têtards. Ici, j'avais deux objectifs principaux : premièrement, étudier les variations spatio-temporelles de la biodiversité microbienne des biofilms ; deuxièmement, investiguer le potentiel rôle des biofilms dans l'épidémiologie des infections à Bd. Pour ce faire, j'ai réalisé une analyse métataxonomique des assemblages procaryotes et micro-eucaryotes de 230 échantillons de biofilms collectés de 2016 à 2020 dans 26 lacs d'altitude des Pyrénées. En combinant cela avec des données d'infection par Bd de têtards échantillonnés dans les mêmes lacs, j'ai exploré les liens entre la composition des biofilms et la distribution, la fréquence et l'impact populationnel des infections par Bd. En laboratoire, j'ai aussi testé si un biofilm pouvait affecter le stade libre et infectieux de Bd, la zoospore. Mes hypothèses étaient que la biodiversité des biofilms diminuerait et leur composition changerait au cours de l'étude, que les biofilms des lacs dont les populations d'amphibiens sont moins infectées/impactées contiendraient plus d'antagonistes de Bd que les biofilms d'autres lacs, et que les biofilms produits en laboratoire n'affecteraient pas le nombre de zoospores à moins qu'ils ne contiennent des organismes consommateurs de zoospores de Bd. La diversité des assemblages procaryotes et micro-eucaryotes du biofilm a diminué au cours de la période d'étude. Leur composition a aussi changé pendant les cinq années, avec une augmentation des cyanobactéries (organismes possiblement toxigènes) chez les procaryotes et une diminution des diatomées (organismes indicateurs) chez les micro-eucaryotes. Pris ensemble, ces résultats montrent que les communautés de biofilms benthiques se dégradent avec des implications potentiellement négatives pour tout l'écosystème aquatique et la qualité de l'eau. D'autre part, j'ai constaté que les biofilms des lacs où les amphibiens sont moins infectés et moins impactés présentaient une plus grande abondance d'organismes inhibiteurs ou consommateurs de Bd. Enfin, j'ai montré que les biofilms, même lorsqu'ils ne contiennent pas de consommateur de Bd mais ne serait-ce qu'une seule algue phototrophique, peuvent affecter les zoospores de Bd en les inactivant ou en les forçant à s'immobiliser. Mes recherches transdisciplinaires illustrent les interactions entre la santé environnementale et les santés animale et publique. Les changements environnementaux contemporains détériorent les biofilms, la base même des réseaux alimentaires des lacs de montagne. Ceci pourrait avoir de profonds effets en cascade sur l'ensemble des socio-

écosystèmes de montagne, comme l'augmentation potentielle du risque infectieux posé par Bd et la chytridiomycose pour les amphibiens, et de cyanotoxicose pour tous les vertébrés qui fréquentent les lacs de montagne, y compris les humains et le bétail. Si l'on veut que les écosystèmes d'eau douce de montagne continuent à fournir des services plutôt que des disservices, il faudra rapidement identifier et atténuer les facteurs contribuant au changement des biofilms.

TROISIEME SESSION DE COMMUNICATION

COMMENT PRIORISER LES ENJEUX POUR L'EPIDEMIOSURVEILLANCE DANS LA FAUNE SAUVAGE ?

Emmanuelle Gilot-Fromont¹, Nathan Thenon¹, Julien Hirschinger², Thierry Durand³, Charlotte Dunoyer^{4*}, Florence Etoré^{4*}, Céline Dupuy^{4*}, Laurent Georges⁵, Céline Richomme^{4*}, Stéphanie Desvaux^{6*}, Anouk Decors^{6*}, Corettie Medjo-Byabot^{7*}, Guillaume Le Loc'h², Philippe Gourlay⁸, Loïc Palumbo⁶, Camille Sandor⁶, Yoann Bunz⁹, Romain Lacoste¹⁰, Sylvain Larrat¹

(1) VetAgro Sup – pole EVVAS, (2) ENVT, (3) DDT-M34, (4) Anses, (6) OFB, (7) BSA – DGAL – MASA, (8) Oniris, (9) Parc National des Ecrins, (10) Parc National du Mercantour

* GT Faune Sauvage, plateforme ESA

La santé de la faune sauvage est en enjeu à la fois pour la santé humaine (risque de zoonoses), la santé des animaux domestiques (maladies partagées entre espèces domestiques et sauvages) et la protection de la biodiversité. Une stratégie sanitaire sur un territoire, pertinente pour l'ensemble de sa faune sauvage s'appuie d'abord sur la surveillance sanitaire. Cependant, une telle surveillance concerne de très nombreuses espèces et agents pathogènes, alors qu'elle se déroule dans un cadre financier et humain contraint. La priorisation des enjeux de surveillance est donc une étape préliminaire indispensable, qui permet de concentrer la surveillance organisée par les gestionnaires du territoire sur les enjeux essentiels qui le concernent. Dans le cadre d'un projet mené par les Parcs Nationaux Français et le Pôle EVAAS de VetAgro Sup, financé par le plan France Relance et en lien avec le groupe Faune Sauvage de la Plateforme d'Epidémiologie en Santé Animale (PESA), une méthode de priorisation a été élaborée, permettant de hiérarchiser les enjeux sanitaires pour un espace donné. La méthode est basée sur la hiérarchisation des maladies ou des espèces sur la base de critères pondérés, et sur l'implication simultanée des acteurs de la santé publique, de la santé animale et de la santé de la faune sauvage concernés par l'espace considéré. Un outil en ligne, Priorité Santé Faune, a été créé afin de regrouper les informations pertinentes et de réaliser la hiérarchisation. Quatre hiérarchisations différentes peuvent être réalisées : hiérarchisation des espèces à surveiller pour la surveillance événementielle, et hiérarchisation des agents pathogènes à surveiller dans le cadre de la surveillance programmée, avec pour cette dernière une hiérarchisation distincte pour les enjeux de santé humaine, de santé animale et conservation de la biodiversité. Une fois les pondérations de critères établies et les listes hiérarchisées obtenues, la méthode consiste à discuter entre les acteurs porteurs des différents enjeux, pour obtenir une liste consensuelle des espèces à surveiller et des couples maladies/espèces à prioriser, dans ce contexte précis de lieu et de période. La démarche de priorisation peut être revue en fonction des changements de contexte sanitaire ou de priorité des acteurs. La base d'information Priorité Santé Faune est construite en se basant sur un travail conséquent de synthèse bibliographique, dans le cadre d'une collaboration élargie incluant les écoles vétérinaires françaises et l'Office Français de la Biodiversité. Elle inclura dans un premier temps les espèces et les maladies susceptibles d'être surveillées en milieu terrestre en France métropolitaine. La méthode et l'outil seront testés prochainement et les résultats comparés à des hiérarchisations pré-existantes des maladies et des

agents pathogènes à surveiller. Enfin, l'outil devra être pérennisé et les informations qu'il contient mises à jour périodiquement afin de rester pertinent. La méthode et l'outil seront mis à disposition pour être utilisés dans d'autres pays et dans d'autres contextes.

PROFIL SEROLOGIQUE DES POPULATIONS DE BOUQUETINS (*Capra ibex*) DES ALPES FRANÇAISES : UN GRADIENT NORD-SUD INFLUENCE PAR LES SYSTEMES PASTORAUX ET LE RECHAUFFEMENT CLIMATIQUE

Dominique GAUTHIER (1), Eric BELLEAU (2), Michel BOUCHE (4), Alexandre GARNIER (6), Franck PARCHOUD (3), Yoann CAILLOT (3), Jérôme CAVAILHES (3), Yoanne BUNTZ (4), Eric VANNARD (4), Marie CANUT (5), Patrick ORMEA (5), Yvette GAME (7), Gaël REYNAUD (7)

1. *Laboratoire Vétérinaire des Hautes Alpes – GAP*
2. *Vétérinaire référent des Parcs nationaux de la Vanoise et du Mercantour - BARCELONNETTE*
3. *Parc national de la Vanoise - CHAMBERY*
4. *Parc national des Ecrins - GAP*
5. *Parc national du Mercantour – NICE*
6. *Parc national des Pyrénées – TARBES*
7. *Laboratoire Départemental d'Analyses Vétérinaires de la Savoie*

La surveillance sanitaire des ongulés sauvages du Parc national de la Vanoise existe depuis 1979, elle repose notamment sur les analyses immuno-sérologiques des individus capturés aux fins d'études éco-éthologiques. Cette surveillance a été étendue aux autres parcs nationaux de montagne pour l'espèce bouquetin (*Capra ibex*), permettant de disposer d'un jeu de 871 individus en Vanoise, 136 dans les Ecrins et 123 pour le Mercantour, vis-à-vis de tout ou partie des 21 agents pathogènes suivants : *Brucella abortus/melitensis*, *Brucella ovis*, *Chlamydia abortus*, *Coxiella burnetii*, *Salmonella AbortusOvis*, *Mycobacterium avium var. paratuberculosis*, *Mycoplasma agalaxiae*, *Anaplasma phagocytophilum*, *Borrelia burgdorferi*, *Babesia bovis*, *Toxoplasma gondii*, *Neospora caninum*, *Besnoitia sp*, les pestivirus (BVDV et BDV), BHV1 (IBR protéine gB), CAEV / Visna Maedi Virus, RSV, PI3, Adénovirus, BTV 1 et 8 (Blue T à longue = FCO), SBV (Schmallenberg). Une sérothèque conservée à -80 °C permet en outre d'effectuer des enquêtes rétrospectives en cas de besoin. Les résultats permettent d'attester le caractère indemne des populations vis-à-vis de certaines maladies au regard d'un seuil calculé selon les effectifs testés, c'est en particulier le cas pour la Brucellose. Pour d'autres maladies, les résultats obtenus sur les bouquetins révèlent des particularités épidémiologiques locales, dont la source semble être domestique : c'est le cas dans les Ecrins du CAEV mettant en lumière le danger sanitaire des chèvres férales, et la fièvre Q à *Coxiella burnetii* pour laquelle le cheptel ovin local est considéré comme un réservoir endémique. Le spectre sérologique obtenu vis-à-vis des maladies abortives est significativement différent du Nord au Sud : notre hypothèse est qu'il reflète les différences de systèmes pastoraux et notamment la conduite de la reproduction dans les cheptels ovins-caprins en sympatrie avec les ongulés sauvages en estive. Enfin, cette surveillance sanitaire montre tout son intérêt comme dispositif-sentinel vis-à-vis des maladies émergentes liées au réchauffement climatique ; ainsi il a pu être détecté l'apparition récente de l'ehrlichiose et de la maladie de Lyme dans les populations les plus méridionales, puis leur extension en altitude et en latitude.

SORVEGLIANZA ATTIVA NEI CONFRONTI DELLA PARATUBERCOLOSI NEL CERVO (*CERVUS ELAPHUS*) NEL PARCO NAZIONALE DELLO STELVIO

Filippi A.¹, Garbarino C.¹, Nava M.^{2,3}, Russo S.¹, Filipe J.², Bianchi A.⁴, Corlatti L.^{5,6}, Gugiatti A.⁵, Buccheri Pederzoli C.², Pigoli C.⁷, Pedrotti L.⁵, Arrigoni N.¹, Ricchi M.¹, Bertoletti I.⁴, Luzzago C.^{2,3}

1_ Istituto Zooprofilattico Sperimentale della Lombardia e dell'Emilia Romagna, Sezione di Piacenza, National Reference Centre for Paratuberculosis, , Strada della Faggiola 1, Gariga di Podenzano 29027, Piacenza, Italy

2_ Department of Veterinary Medicine and Animal Sciences, University of Milan, Lodi, Italy

3_ WildlifeHealth Lab, University of Milan, Lodi, Italy

4_ Istituto Zooprofilattico Sperimentale della Lombardia e dell'Emilia Romagna, Sezione di Sondrio, Via Bormio 30, 23100, Sondrio, Italy

5_ Stelvio National Park – ERSAF Lombardia, Bormio, Italy

6_ Chair of Wildlife Ecology and Management, University of Freiburg, Freiburg, Germany

7_ Istituto Zooprofilattico Sperimentale della Lombardia e dell'Emilia Romagna, Sezione di Brescia, Via Antonio Bianchi, 7/9, 25124, Brescia Italy

La paratubercolosi (o malattia di Johne), causata da *Mycobacterium avium* subsp. *Paratuberculosis* (MAP), è una malattia infettiva che colpisce principalmente i ruminanti domestici e selvatici ed è stata recentemente inserita dall'Animal Health Law fra le patologie che richiedono sorveglianza nell'Unione Europea in specie selvatiche e domestiche potenziali serbatoio. L'interazione tra specie animali al pascolo può facilitare l'instaurazione di un sistema multi-ospite per MAP. Nel Parco Nazionale dello Stelvio è stata stimata una prevalenza di paratubercolosi del 20% nel cervo (*Cervus elaphus*) nel periodo 2011-2015. Utilizzando campioni prelevati nel corso degli abbattimenti volti al contenimento della popolazione dei cervi (anni 2018-2022) nel Parco, lo scopo di questo studio è stato quello di aggiornare i dati di prevalenza di paratubercolosi in questa specie e di indagare le correlate ecologiche rispetto alla probabilità di infezione. Durante questo periodo sono stati testati complessivamente 390 soggetti attraverso diverse metodologie diagnostiche: IS900 qPCR, coltura, istopatologia e sierologia. L'indagine ha evidenziato una diminuzione dell'infezione dal 12,4% al 2,1%, a fronte di assenza di lesioni macroscopiche ascrivibili a MAP nell'intero periodo. La riduzione della densità di popolazione del cervo, combinata con la selezione positiva causata dagli abbattimenti, che probabilmente porta all'eliminazione degli animali infetti, si ipotizza abbia contribuito alla riduzione della prevalenza nella popolazione in esame. La maggiore probabilità dell'animale con scadente stato corporeo di essere infettato evidenziata dalla nostra indagine è in sostegno a questa ipotesi. Il presente studio sottolinea la necessità di aumentare i controlli nei confronti della paratubercolosi anche nei ruminanti selvatici, soprattutto nelle zone in cui co-abitano diverse specie, essendo l'interfaccia domestico-selvatico un punto critico nella trasmissione e gestione di questa patologia.

EVALUATION DES ECHANGES DE PARASITES RESISTANTS AUX ANTHELMINTIQUES ENTRE LES OVINS DOMESTIQUES TRANSHUMANTS ET LES BOUQUETINS DANS LES ALPES FRANÇAISES

Camille Beaumelle^{a,b,c}, Carole Toïgo^d, Rodolphe Papet^e, Slimania Benabed^{a,b}, Mathieu Beurier^d, Léa Bordes^f, Anaïs Brignone^d, Nadine Curt-Grand-Gaudin^c, Mathieu Garel^d,

Justine Ginot^b, Philippe Jacquet^f, Christian Miquel^c, Marie-Thérèse Poirel^{a,b}, Anna Serafino^b, Eric Vannard^e, Glenn Yannic^c, Gilles Bourgoïn^{a,b}

^a Université de Lyon, Université Lyon 1, CNRS, Laboratoire de Biométrie et Biologie Evolutive UMR 5558, F-69100 Villeurbanne, France

^b Université de Lyon, VetAgro Sup, Campus Vétérinaire de Lyon, F-69280 Marcy l'Etoile, France

^c Université Grenoble Alpes, Université Savoie Mont Blanc, CNRS, LECA, 38000, Grenoble, France

^d Office Français de la Biodiversité, Unité Ongulés Sauvages, Gières, France

^e Parc national des Écrins, Secteur du Briançonnais, 05100 Briançon, France

^f Université de Toulouse, UMT Pilotage de la Santé des Ruminants, Ecole Nationale Vétérinaire de Toulouse, France

Lorsque des espèces partagent les mêmes habitats, des transmissions de parasites peuvent être observées, y compris de parasites résistants aux antiparasitaires. Dans les Alpes, les moutons domestiques sont conduits dans les montagnes chaque été dans des zones où vivent des ongulés sauvages tel que le bouquetin des Alpes *Capra ibex*. Dans cette étude, nous avons analysé le nématome des moutons domestiques et des bouquetins afin d'évaluer la transmission croisée des nématodes entre les deux espèces hôtes et la fréquence des nématodes résistants aux anthelminthiques chez les moutons et les bouquetins. Pour cela, des échantillons fécaux ont été prélevés sur des bouquetins avant l'arrivée des moutons dans trois zones différentes des Alpes françaises. Après coproculture, l'ADN a été extrait de pools de larves de stade 3. Nous avons amplifié puis séquencé l'ITS2 rDNA en utilisant le séquençage de nouvelle génération pour identifier la diversité des nématodes. Nous avons également séquencé l'isotype 1 du gène de la bêta-tubuline, dans lequel des mutations ont été associées à la résistance aux benzimidazoles. L'analyse des données obtenues montre que les moutons et les bouquetins ont des nématomes très similaires, à l'exception de quelques espèces de nématodes, telles que *Marshallagia marshalli* et *Trichostrongylus axei*. Des nématodes résistants ont été trouvés dans tous les troupeaux ovins testés et dans toutes les populations de bouquetins. De plus, une proportion relativement élevée de mutations conférant la résistance a été trouvée chez certaines espèces de parasites, à la fois chez les ovins et les bouquetins. Nos résultats suggèrent que la cooccurrence à long terme des moutons et des bouquetins sur les alpages a favorisé l'échange de nématodes gastro-intestinaux. Malgré l'absence de moutons sur l'alpage pendant plus de 9 mois, les bouquetins excrètent des œufs de nématodes résistants qui peuvent éclore et se développer jusqu'au stade L3, suggérant qu'ils peuvent maintenir ces parasites résistants en l'absence des moutons. Une analyse plus poussée pourrait permettre d'étudier le rôle potentiel des bouquetins en tant que réservoir de nématodes résistants pour les moutons transhumants et l'impact de la transmission de nématodes par les moutons sur la santé des bouquetins.

“MEAT BORNE PARASITES” NEL CINGHIALE IN REGIONE CAMPANIA: INDAGINE SULLA PRESENZA, DISTRIBUZIONE E POTENZIALE RISCHIO PER IL CONSUMATORE

Scarcelli Stefano¹, Pacifico Laura^{1,2}, Rubiola Selene³, Sgadari Mariafrancesca¹, Buono Francesco¹, D'Alessio Nicola^{4,5}, Sgroi Giovanni⁴, Chiesa Francesco², Restucci Brunella¹, Toscano Valerio⁶, Rufrano Domenico⁷, Fioretti Alessandro^{1,5}, Veneziano Vincenzo^{1,5}

¹ Dipartimento di Medicina Veterinaria e Produzioni Animali, Università degli Studi di Napoli "Federico II", Via Delpino 1, Napoli, Italia; ² Dipartimento di prevenzione area

della sanità pubblica veterinaria e della sicurezza alimentare, Azienda Sanitaria Locale Caserta, Via Feudo di San Martino, Caserta, Italia; 3 Dipartimento di Scienze Veterinarie, Università di Torino, Largo Braccini 2, Grugliasco, Torino, Italia; 4 Dipartimento di Sanità Animale, Istituto Zooprofilattico sperimentale del sud Italia, Portici, via Salute 2, Italia; 5 Osservatorio Faunistico Venatorio - Regione Campania, Napoli, Italia; 6 CRIUV, Centro di riferimento regionale per l'Igiene Urbana Veterinaria, Presidio ospedaliero veterinario dell'ASL Napoli 1 centro, via Cupa del principe ex O.P. Frullone, Napoli. 7 Dipartimento di prevenzione area della sanità pubblica veterinaria e della sicurezza alimentare, Azienda Sanitaria Locale Salerno, Via Nizza 146, Salerno, Italia

Negli ultimi anni le popolazioni di cinghiali (*Sus scrofa*) hanno subito un drammatico incremento in tutta Europa, associando anche un aumento del consumo delle loro carni e prodotti derivati. Le abitudini legate al consumo di queste carni, crude o poco cotte, possono aumentare il rischio per l'essere umano di contrarre malattie di origine alimentare. Il cinghiale, infatti, è ospite di diversi parassiti zoonotici, tra cui *Trichinella* spp., *Toxoplasma gondii*, *Sarcocystis* spp. e *Alaria alata*, la cui presenza potrebbe essere sottostimata perché la sorveglianza sanitaria, ad eccezione di *Trichinella* spp., è variabile a seconda della legislazione e dello scenario epidemiologico di ciascun paese europeo. Lo scopo di questo lavoro è stato quello di indagare la presenza e la distribuzione di *Sarcocystis* spp. e *Alaria alata* nella popolazione di cinghiali della regione Campania. L'infezione da *Sarcocystis* spp. è stata ricercata in 311 cinghiali cacciati durante le stagioni venatorie 2019 e 2020, da cui sono state campionate diverse matrici per un totale di 997 tessuti muscolari (n=269 esofago, n=277 diaframma, n=298 cuore, n=153 lingua). Le variabili, sesso, età, area di caccia e matrici campionate sono state considerate come fattori predittivi dell'infezione. I campioni sono stati analizzati mediante esame istologico, da cui è emersa una prevalenza di infezione per *Sarcocystis* spp. dell' 80.7% (251/311), attribuibile a *S. suicanis*. Successivamente, i campioni positivi sono stati analizzati, mediante Multiplex PCR, per la differenziazione di *S. suihominis* e *S. suicanis*. Il DNA è stato estratto da un pool di tessuti positivi per ciascun animale. Primer specifici mirati al gene *cox1* del mtDNA sono stati progettati allineando le sequenze parziali di *S. suicanis* e *S. suihominis* disponibili in GenBank. I primer realizzati sono stati prima testati singolarmente e poi combinati, fino ad ottenere un unico forward primer in comune e due reverse primer specifici. La multiplex PCR ha mostrato la specificità dei primer di nuova concezione, identificando il DNA di *S. suicanis* in 230 campioni di cinghiali su 251 animali positivi all'esame istologico (91,63%, IC 95%: 87,50-94,75). Nessuno dei campioni analizzati ha rivelato la presenza di DNA di *S. suihominis*. Per la ricerca di *Alaria alata* sono stati analizzati tessuti appartenenti a 589 cinghiali cacciati nelle stesse stagioni venatorie. In totale sono stati campionati 546 diaframmi, 444 lingue, 260 muscoli addominali, 249 campioni di muscoli del collo e 216 tessuti adiposi retroperitoneali. Inizialmente è stato effettuato il campionamento dei cinghiali in modo casuale da tutte le aree di caccia e in un secondo momento, sono stati effettuati campionamenti mirati utilizzando una mappa di "idoneità" ottenuta dai dati di temperatura, umidità, idrografia, altitudine e piovosità dell'area di studio. Per la ricerca del parassita nei tessuti dei cinghiali è stata utilizzata la Tecnica di migrazione delle mesocercarie. La tecnica non ha rilevato la presenza di tali elementi parassitari in tutti i campioni testati. In questa ricerca sono stati presentati i dati relativi a due potenziali zoonosi parassitarie trasmesse per via alimentare dalla carne di cinghiale. I risultati hanno mostrato che il rischio zoonosico risulta trascurabile. Si conferma quindi, la necessità di strutturare a livello nazionale una rete di sorveglianza sanitaria che riguardi le principali zoonosi parassitarie. Inoltre, le diverse figure professionali e i cittadini (in particolare cacciatori, allevatori e ambientalisti) risultano fondamentali come parte attiva nella tutela della salute pubblica, in armonia con il concetto di Citizen science e di One Health.

POSTERS

THELAZIA CALLIPAEDA EN EL ZORRO ROJO DE ZONAS MEDITERRANEAS SEMIARIDAS: ¿ES UN MOTIVO DE PREOCUPACION AUNQUE LA PREVALENCIA SEA BAJA?

Aleix-Mata, Gaël¹; Arcenillas-Hernández, Irene²; Sánchez-Baca, Antonio¹; González, Moisés^{2,3}; Muñoz-Hernández, Clara^{2,4}; Escribano, Fernando⁵; Ruiz de Ybáñez, Rocío²; Huertas-López, Ana^{2,6}; Martínez-Carrasco, Carlos²

1- Departamento de Biología Experimental, Área de Genética, Universidad de Jaén, Paraje de las Lagunillas s/n, 23071-Jaén (España).

2- Departamento de Sanidad Animal. Campus de Excelencia Internacional Regional "Campus Mare Nostrum", Universidad de Murcia. 30001-Murcia (España).

3- Departamento de Sanidad Animal, Grupo de Investigación en Sanidad Animal y Zoonosis (GISAZ), Universidad de Córdoba, 14014-Córdoba (España).

4- Grupo Sanidad y Biotecnología (SaBio), Instituto de Investigación en Recursos Cinegéticos, IREC (CSIC-UCLM-JCCM), 13005-Ciudad Real (España).

5- Centro de Recuperación de Fauna Silvestre "El Valle". Ctra. Subida del Valle, 62, 30150-La Alberca, Murcia (España)

6- SALUVET, Departamento de Sanidad Animal, Universidad Complutense de Madrid. Ciudad Universitaria s/n, 28040-Madrid (España).

El zorro rojo (*Vulpes vulpes*) es un cánido silvestre que frecuentemente ocupa áreas antropizadas, lo que supone un riesgo de transmisión cruzada de patógenos entre este carnívoro, otras especies domésticas y el ser humano. Debido a su ubicuidad y abundancia, el zorro es una especie paradigmática para estudiar la distribución de agentes infectocontagiosos, tanto en ambientes naturales como en zonas antropizadas. *Thelazia callipaeda* es un nematodo zoonótico y emergente en Europa, causante de conjuntivitis, queratitis y ulceraciones corneales en cánidos y humanos. Se ha descrito en numerosas especies de mamíferos silvestres, entre ellos el zorro, lobo, gato montés, mustélidos, osos, lepóridos y suidos. Aunque *T. callipaeda* procede de Asia, se ha comprobado que, desde su primera detección en Europa (Italia, 1989), se ha extendido por todo el continente europeo. Se transmite a través de los machos de moscas de la fruta (*Phortica variegata*) que, al alimentarse de las secreciones lagrimales del hospedador, depositan las larvas infectivas. Durante 2015-2023 se recogieron 238 cadáveres de zorros recién atropellados o cazados en la Región de Murcia (SE España), un área mediterránea de clima semiárido. Se clasificaron según la edad (66 juveniles y 172 adultos) y el sexo (101 hembras y 137 machos). Durante la necropsia se extrajeron los ojos, incluyendo los párpados, y se conservaron a -20°C hasta su posterior análisis. El estudio de los ojos, tras descongelarlos, se realizó con un estereomicroscopio, examinando la conjuntiva bulbar y palpebral, la membrana nictitante y el saco conjuntival. Los nematodos encontrados se lavaron en agua destilada y se conservaron en etanol 70%. Solo se detectaron dos zorros parasitados (prevalencia: 0.84%), procedentes del Noroeste y Altiplano (que son las zonas más montañosa y húmedas de la región), ambos con infección bilateral: 1) un macho adulto atropellado en Moratalla en noviembre de 2021 (con 10 nematodos), y 2) una hembra adulta cazada en Jumilla en enero de 2023 (con 23 nematodos). El examen morfométrico coincidió, según la literatura científica, con el descrito para *T. callipaeda*. Además, se realizó la identificación molecular de un ejemplar basada en la amplificación y secuenciación de tres marcadores moleculares, dos nucleares de los genes rRNA (28s y ITS2) y uno mitocondrial (COI). La comparación de las secuencias obtenidas del 28s y del COI confirmaron que los ejemplares analizados pertenecían a

la especie *T. callipaeda*, dado su alto porcentaje de identidad con las disponibles para esta especie en GenBank (>99.2% 28S; 99.71% COI). El marcador ITS2 de esta especie no había sido descrito hasta el momento, por lo que nuestro estudio es el primero en aportar dicha información. A pesar de que la prevalencia de la thelaziosis es baja en los zorros de áreas mediterráneas semiáridas del sureste de la península ibérica, no debemos despreciar el riesgo sanitario que conlleva. La mosca vector se distribuye habitualmente en áreas montañosas por encima de los 600 m de altitud, con humedad relativa del 50-75%, y desarrolla su actividad máxima a 20-25°C; además, es más abundante en zonas de cultivo de frutales. Por tanto, las condiciones ambientales del área de estudio coinciden con las necesarias para que el hospedador intermediario prolifere y, con ello, se incremente el riesgo de transmisión de *T. callipaeda*. De hecho, varios estudios han demostrado que la prevalencia se ha incrementando en áreas de interfaz silvestre-doméstico-humano del centro y norte de Europa, principalmente en zonas donde abundan perros y zorros, transformándose en áreas endémicas en pocos años. Por ello, es necesario seguir investigando durante los próximos años cómo evoluciona la prevalencia y distribución de *T. callipaeda* en áreas mediterráneas semiáridas de España, incluyendo perros, zorros, otras especies silvestres y el ser humano.

Proyecto 20952/PI/18 financiado por la Comunidad Autónoma de la Región de Murcia a través de la convocatoria de Ayudas a proyectos para el desarrollo de investigación científica y técnica por grupos competitivos, incluida en el Programa Regional de Fomento de la Investigación (Plan de Actuación 2019) de la Fundación Séneca, Agencia de Ciencia y Tecnología de la Región de Murcia.

¿NUEVA AMENAZA PARA LOS CAMELIDOS SUDAMERICANOS SILVESTRES? ESTUDIO MOLECULAR DE LA SARNA SARCOPTICA EN ARGENTINA

Melina Anello*(1), Hebe Ferreyra (2,3), Marcela Uhart (4), Sandra R. Romero (5), Fabiana Sosa (5,6), Mónica Florin-Christensen (7), Barbara Moroni (8), Anna Rita Molinar (9), Luca Rossi (9), Florencia Di Rocco (1)

(1) Instituto Multidisciplinario de Biología Celular, CONICET-UNLP-CIC, La Plata, Buenos Aires, Argentina. (2) Dirección Nacional de Conservación, Delegación Regional Centro de la Administración de Parques Nacionales. (3) Universidad Nacional de Villa María, Córdoba, Argentina. (4) Director Latin America Program One Health Institute School of Veterinary Medicine, University of California, Davis. (5) Instituto de Investigación y Desarrollo Tecnológico para la Agricultura Familiar, Región NOA, INTA. (6) Consejo Nacional de Investigaciones Científicas Y Técnicas (CONICET). (7) Instituto de Patobiología Veterinaria, INTA-CONICET, Centro de Investigaciones en Ciencias Veterinarias y Agronómicas, INTA. (8) Instituto Zooprofiláctico Experimental de Piemonte, Liguria y Valle d'Aosta, Torino, Italia. (9) Departamento de Ciencias Veterinarias, Universidad de Torino, Grugliasco, Italia.

*correspondencia: melianello@gmail.com

La sarna sarcóptica, causada por el ácaro *Sarcoptes scabiei*, es una enfermedad de la piel altamente contagiosa que afecta a un gran número de especies, incluidos los camélidos sudamericanos. En Argentina existen situaciones epidemiológicas diversas: por un lado en la provincia de San Juan, se detectó la enfermedad en el Parque Nacional San Guillermo (PNSG) por primera vez en 2014 y en cinco años diezmo las poblaciones de guanacos y vicuñas del parque. Además, se han reportado casos en zonas aledañas, incluida la Reserva Provincial Laguna Brava en la vecina provincia de La Rioja. Estudios previos proponen como hipótesis que el origen del brote de PNSG fueron llamas, camélidos domésticos, proveniente de Jujuy que fueron introducidas en San Juan, aunque esto aún debe confirmarse. Por otro lado, en la provincia de Jujuy,

la enfermedad es endémica en camélidos domésticos y hasta hace poco tenía una baja prevalencia en vicuñas silvestres. Sin embargo en los últimos años los reportes de sarna en vicuñas silvestres han ido aumentando y se observó hasta un 23% de prevalencia en Lagunilla del Farallón. La sarna podría representar una amenaza emergente para los camélidos silvestres de Argentina, quienes ya se encuentran amenazados por otros factores. El objetivo general de este trabajo es contribuir a la conservación del guanaco y la vicuña aportando información que ayude a prevenir la propagación de la enfermedad. En particular, realizar un estudio molecular de las cepas de *S. scabiei* que causan sarna en los camélidos silvestres del noroeste argentino y determinar las relaciones genéticas entre las mismas. Para ello, se colectaron muestras de piel de camélidos nativos con sarna en 7 sitios de las provincias de San Juan (SG1, SG2- ambas especies), La Rioja (LB- ambas especies) y Jujuy (CN, LF, QU, CY - vicuña). Se extrajo ADN de ácaros individuales (n=86) siguiendo la técnica HotSHOT Plus ThermalSHOCK y se amplificó por PCR un set de 10 marcadores microsatélites. Se calcularon parámetros estándar de diversidad genética con el programa GenAEx y se usó STRUCTURE para estudiar la diferenciación genética. La diversidad genética medida a través de H_e y H_o para el conjunto de datos fue $H_o=0,032 \pm 0,008$ y $H_e=0,100 \pm 0,018$. El número de alelos por locus varió de 1 a 3 con una alta proporción de loci monomórficos mientras que el número total de alelos observados fue de 36. En los sitios donde se colectaron ácaros de guanacos y vicuñas, se encontró que estos presentaron el mismo genotipo en ambas especies. Además, el número de grupos genéticos que mejor se ajustó a los datos fue tres: los ácaros de San Juan y La Rioja (SG1, SG2, LB) conforman el primer grupo, el segundo grupo está integrado por ácaros provenientes de CN, CY y QU, mientras que LF solo conformara el tercer grupo. También, en CY, y en menor medida en LF, se observaron ácaros de diferentes composiciones genéticas, algunos de los cuales se asemejan genéticamente a los del grupo San Juan-La Rioja. Por tanto, se concluye que existe una relación genética entre los brotes de sarna en estas tres provincias. Los resultados obtenidos hasta el momento no excluyen la hipótesis planteada sobre el origen del brote de PNSG en camélidos domésticos pero permiten plantear una hipótesis alternativa sobre la transmisión de la enfermedad desde otras poblaciones de camélidos silvestres en contacto con las de PNSG. Actualmente se continua investigando la enfermedad en los camélidos sudamericanos al mismo tiempo que se proponen medidas de control y manejo para evitar la propagación de la sarna en la vida silvestre.

DESPARASITACION ESPONTANEA EN CIERVO : DINAMICA DE LA CARGA PARASITARIA DE NEMATODOS GASTROINTESTINALES EN REBAÑOS LIBERADOS PARA UN EXPERIMENTO DE SOBREABUNDANCIA

Jesús CARDELLS¹, Irene TORRES-BLAS², Santiago LAVÍN², Jorge Ramón López-Olvera², INCREMENTO CONSORTIUM*, Víctor LIZANA¹, Carmen CATALÀ-TETUAN¹, Jordi LÓPEZ RAMON¹, Ramon PEREA³, Alba MARTÍ¹, Emmanuel SERRANO²

1 Servicio de Análisis, Investigación, Gestión de Animales Silvestres (SAIGAS) and Wildlife Ecology & Health group (WE&H). Facultad de Veterinaria, Universidad Cardenal Herrera-CEU, Valencia, Spain

2 Wildlife Ecology & Health Group (WE&H) and Servei d'Ecopatologia de Fauna Salvatge (SEFaS), Departament de Medicina i Cirurgia Animals, Facultat de Veterinària, Universitat Autònoma de Barcelona (UAB), Bellaterra, Barcelona, Spain

3 Departamento de Sistemas y Recursos Naturales, Universidad Politécnica de Madrid, Madrid, Spain

La transmisión y mantenimiento de las comunidades de nematodos gastrointestinales dependen tanto de condiciones externas que afectan a la eclosión y supervivencia de las fases larvares infectivas como de condiciones internas del hospedador (p.ej., tipo, edad, alimentación). La dieta del hospedador, sobre todo en herbívoros, puede tener una función antiparasitaria debido a la actividad vermífuga de muchas familias de plantas. Además, en aquellos parásitos de ciclo directo, la temperatura, humedad y el tipo de vegetación condicionará la probabilidad de eclosión y supervivencia de las larvas antes de infectar a su hospedador. En este trabajo se quiere mostrar un curioso ejemplo de cuatro rebaños de ciervas que se liberaron en cercados con vegetación natural en Quintos de Mora (Toledo) y Muela de Cortes (Valencia) que se desparasitaron de forma natural transcurridos unos meses de su suelta. Los rebaños de Quintos de Mora (12 y 7 ciervas) se liberaron con una carga parasitaria media de 293 hpg de tipo estrongilado (min = 0, máx = 3200) y los de Muela de Cortes (11 y 5 ciervas) con una carga de 97 hpg (min = 0, máx = 500). En Quintos, donde la vegetación herbácea es escasa, la desparasitación total ocurrió 7 meses tras la suelta. En la Muela de Cortes, donde existen gramíneas perennes, la desparasitación ocurrió 11 meses tras la suelta. Cuando se recapturaron las ciervas un año y medio tras su suelta no se detectó ningún huevo en el análisis coprológico. Se desconoce si esta desparasitación natural se debió a la dieta de las ciervas (principalmente basada en arbustos) o a la baja supervivencia de las larvas en el suelo, pero se produjo en dos ambientes diferentes con rebaños de ciervas de diferente procedencia.

Palabras clave: *Cervus elaphus*, estrongilado desparasitación

GATOS FERALES COMO RESERVORIO DE ENFERMEDADES EN LA REINTRODUCCIÓN DEL LINCE IBERICO EN EL LEVANTE ESPAÑOL. DATOS PRELIMINARES.

Carmen CATALÀ-TETUÁN, Francesca SUITA, Jordi LÓPEZ-RAMON¹ Víctor LIZANA, Jesús CARDELLS

Servicio de Análisis, Investigación, Gestión de Animales Silvestres (SAIGAS) and Wildlife Ecology & Health group (WE&H). Facultad de Veterinaria, Universidad Cardenal Herrera-CEU, Valencia, Spain

La evaluación de la presión de patógenos para la especie a reintroducir es uno de los criterios de la UICN para las reintroducciones. La leucemia felina (FeLV) y la inmunodeficiencia felina (FIV) son dos de los patógenos más importantes según el protocolo sanitario del lince ibérico. Recientemente se ha detectado por primera vez la presencia del protozoo *Leishmania infantum* en lince ibérico (*Lynx pardinus*) en Portugal. Por lo que este agente patógeno debería de ser tenido en cuenta y más en zonas endémicas de leishmaniosis canina. El objetivo del presente trabajo es conocer si la leucemia felina, inmunodeficiencia felina y *Leishmania infantum* podrían ser un riesgo sanitario para la reintroducción del Lince ibérico en el área del Alto Turia y Valle de Ayora-Cofrentes. Se examinaron 23 sueros de gatos de las dos áreas de estudio y se realizaron test serológicos para la detección de anticuerpos. Para FeLV y FIV se utilizaron test rápidos de inmunocromatografía del laboratorio UranoLab y para *Leishmania* el test ELISA VetLine de Nova Tec. Las seroprevalencias para leucemia e inmunodeficiencia felina resultaron moderadas (17,4 % para FeLV y 26.1 % para FIV), a diferencia de la seroprevalencia de *Leishmania* que no se encontró ningún animal positivo. Las seroprevalencias obtenidas en el presente trabajo para FeLV y FIV son superiores a las reportadas por otros trabajos en otras partes del mundo. A diferencia de la seroprevalencia de *Leishmania* que en los trabajos realizados en España es más

elevada que la encontrada en el presente trabajo. La leucemia e inmunodeficiencia felina son un riesgo sanitario moderado para la reintroducción del lince ibérico en el Alto Turia y en el valle de Ayora-Cofrentes a diferencia de la leishmaniosis felina que no representa ningún riesgo sanitario aparente para el lince ibérico.

ANALYSE EXPLORATOIRE DES IMPREGNATIONS ENVIRONNEMENTALES AUX ANTICOAGULANTS ANTIVITAMINE K (AVK) CHEZ LE LYNX BOREAL (LYNX LYNX), DETECTEES PAR LE RESEAU SAGIR, EN FRANCE METROPOLITAINE

Aurélien Duflon (OFB)¹, Olivier Cardoso (OFB)¹, Loïc Palumbo (OFB)¹, Clément Calenge (OFB)², Sarah Bauduin (OFB)³, Jean-Michel Vandiel (OFB)³, Ariane Payne (OFB)¹, Nicolas Toulet (OFB)¹, Philippe Berny (VAS)⁴, Valentin Bondoux (VAS)⁴, Anouk Decors (OFB)¹

¹Office Français de la Biodiversité, DRAS, Service SantéAgri, Réseau SAGIR

²Office Français de la Biodiversité, DSUED, Service SOAD-uDAM,

³Office Français de la Biodiversité, DRAS, Service Conservation et Gestion des Espèces à enjeux, Réseau SAGIR

⁴VetAgroSup, laboratoire de Toxicologie Vétérinaire

Le lynx boréal (*Lynx lynx*) est l'une des trois espèces de grands prédateurs terrestres présentes en France métropolitaine. De par son statut de conservation défavorable ('EN', liste UICN Fr), cette espèce est protégée en France. Le lynx boréal bénéficie d'une surveillance étroite au travers des activités du réseau Loup-lynx (surveillance des populations), et celles du réseau SAGIR (surveillance des événements infectieux et/ou toxicologiques remarquables dans la faune sauvage). L'exposition à des substances toxiques comptent parmi les pressions anthropiques susceptibles d'altérer l'état de santé des individus, et potentiellement la dynamique de population de l'espèce. Parmi les micropolluants persistants les plus fréquemment analysés (et retrouvés) chez les espèces prédatrices terrestres, figurent les anticoagulants de type antivitamine K (AVK), utilisés en tant que rodenticides. Les AVK contaminent 'secondairement' les prédateurs consommant directement les rongeurs intoxiqués, ou indirectement via des phénomènes complexes de transferts trophiques. L'objectif principal de cette étude exploratoire était de faire un premier bilan, des contaminations aux AVK chez le lynx, détectées et quantifiées par le réseau SAGIR, et d'identifier d'éventuels facteurs de risques d'exposition tels que des caractéristiques individuelles (âge/sexe/état corporel...) ou environnementales (ex: proportion de types d'habitat). La question d'une éventuelle corrélation entre la contamination aux AVK et le risque de collision routière (première cause de mortalité des lynx) a également été explorée. Les analyses systématiques des AVK (2018-2022), montrent une contamination hépatique de l'ordre de 27% des individus analysés (n= 86), à au moins une de ces substances. Les substances les plus fréquemment retrouvées sont la bromadiolone, et le brodifacoum. Les niveaux totaux d'AVK semblent régulièrement compatibles avec l'apparition de signes cliniques hémorragiques : environ 39% des individus positifs pour une valeur seuil appliquée (0.1 ppm, à dire d'expert). Les résultats soulignent que les lynx les plus fréquemment contaminés aux AVK, sont des sujets (sub)adultes, avec des domaines vitaux théoriques les plus anthropisés. Ces premiers éléments plaident en faveur d'une implication des usages 'biocides' généraux. Au regard des données disponibles, aucune association entre contamination aux AVK et risque de collision routière des lynx n'a pu être démontré.

MICROBIOME STRUCTURE AND DIVERSITY OF *HYALOMMA LUSITANICUM* IN SOUTH SPAIN

Márquez, F.J.¹, De Rojas, M.², Canet, L. M.³ & Caruz, J. A.⁴

¹ Dpto. de Biología Animal, Biología Vegetal y Ecología. Universidad de Jaén, Jaén, Spain. Research group: BIO-294 "Inmunogenética". jmarquez@ujaen.es.

² Dpto. Microbiología y Parasitología, Universidad de Sevilla, Sevilla, Spain. derojas@us.es.

³ Unidad de Genómica. Instituto de Parasitología y Biomedicina "López-Neyra", C.S.I.C., Granada, Spain. luz.m.canet@ipb.csic.es.

⁴ Dpto. de Biología Experimental. Universidad de Jaén, Jaén, Spain. Research group: BIO-294 "Inmunogenética". caruz@ujaen.es.

Ticks (Acarina, Ixodidae) are proven to be vectors of different pathogens that affect both people and domestic and wild animals to different degrees. In the Iberian Peninsula, *Hyalomma lusitanicum* has been mentioned as a vector of several pathogenic bacteria [*Coxiella burnetii* (Q fever), *Anaplasma phagocytophilum* (Anaplasmosis), *Francisella tularensis* (Tularemia), *Rickettsia aeschlimannii*], and piroplasmida [*Theileria annulata* (agent of Mediterranean theileriosis), *T. equi* and *Babesia caballi*]. It has recently been implicated in the transmission of Crimea-Congo virus, which is recognized to have an increasing distribution associated with the two *Hyalomma* species (*H. marginatum* and *H. lusitanicum*). In order to determine the structure and diversity of microbiome of *H. lusitanicum*, a total of 85 questing adults ticks (50 females and 35 males) were used for the study of their bacterial profile. Ticks had been obtained by flagging methods over vegetation in six localities from Andalusia, three in the province of Jaén (47 ticks) and one in the provinces of Almería (12), Málaga (7) and Seville (12), respectively. DNA extraction were made under appropriate sterile conditions. Sterile single-use instruments were used whenever possible. Ticks were transferred to sterile petri dishes and longitudinally cut into two halves. The DNA was extracted using DNeasy Blood and Tissue kit (Macherey-Nagel, Düren, Germany), following the manufacturer's instructions. Negative controls of extraction corresponding to extraction tubes without tick samples were included in parallel. Library preparation and Illumina sequencing were carried out at the IPBLN Genomics Facility (CSIC, Granada, Spain). Amplicon libraries targeting the 16S rRNA gene, were generated by a two-steps PCR strategy. Gene-specific amplification was performed in triplicate with 15 ng of gDNA in a final volume of 10 µl. Gene specific primers V3/V4 regions of 16S rRNA were used with Nextera overhang adapters. Amplicon libraries were generated by a two-steps PCR strategy. Sequencing was conducted on a MiSeq sequencer, according with Illumina MiSeq library preparation guide. Library preparation and Illumina sequencing of gene were carried out at the IPBLN Genomics Facility (CSIC, Granada, Spain). Fastq files were pre-processed and analysed using the microbiome program DADA2 v.1.14.0, applied to raw sequence data from each sample with standard parameters defined in the pipeline tutorial. Chimeras were identified among inexact matches using a combination of program-specific chimera finding software (removeBimeraDenovo), followed by FindChimeras from the DECIPHER package. In order to reduce the number of taxa included in the analysis, most part of analysis has been made at family-genus level. In the next step, an environment object of the phyloseq package is generated. The initial resulting Amplicon Sequence Variants ASV table consisted of 21,638 ASVs. After taxa assignation, we retain 174 taxa features containing 11 phylum, 44 orders, 73 families and 174 genera. Six group samples were defined, according to the geographical origin of ticks. Overall, *H. lusitanicum* it is enriched by the phylum Proteobacteriae, Actinobacteriota, followed by Bacteroidota and Firmicutes and dominated by *Francisella* spp and candidatus Midichloria. It is known that non-pathogenic microorganisms may be involved in the transmission of

tick-borne pathogens (TBP), which affects the health of both wild and domestic populations of various hosts as well as humans. On the other hand, when studying the intragenus phylogeny of tick-transmissible pathogens, it has been recognized that within these lineages there are some mutualistic symbionts of the tick itself with defined metabolic functions. In this circumstance, within the bacteriome of the *H. lusitanicum* populations studied, the case of *Francisella* and candidatus Midichloria would stand out. A portion of the detected bacteria could be interpreted as non-pathogenic microorganisms that exhibit alternative lifestyles as mutualistic tick symbionts.

CHARACTERIZING THE BACTERIOMA OF *LINOGNATHUS STENOPSIS* FROM IBERIAN IBEX. PRELIMINARY RESULTS

Francisco J. Márquez¹, José E Granados² & Jesús M. Pérez¹

¹ Dpto. de Biología Animal, Biología Vegetal y Ecología. Universidad de Jaén, Jaén, Spain. Research groups: BIO-294 "Inmunogenética" and RNM-118. "Especies cinegéticas y plagas".

² Parque Nacional y Parque Natural de Sierra Nevada. Consejería de Sostenibilidad, Medio Ambiente y Economía Azul. Junta de Andalucía. Pinos Genil, Granada, Spain.

The sucking lice *Linognathus stenopsis* (Burmeister, 1838) (Phthiraptera, Anoplura, Linognathidae) represent a permanent, strictly host specific ectoparasite of ibex, domestic goats and chamois (*Capra* sp. and *Rupicapra* sp.) around the world. From a sanitary point of view, sucking lice can cause weight loss, skin damage, moderate to severe anaemia, hypoproteinaemia, insufficient absorption of food and reduced vitality in infected goats. In addition, they can transmit viruses, bacteria, protozoa and fungi like *Rickettsia* spp. and *Anaplasma ovis*. Recent technological developments in DNA sequencing, as New Generation Sequencing have enabled "the microbiome revolution". Within this context, we have developed a strategy aimed at revealing the complete microbiome (both superficial and internal) including "non-culturable" species of bacteria present in *L. stenopsis*. *Linognathus stenopsis* specimens were collected from two Iberian ibex (*Capra pyrenaica hispanica*) from Sierra Nevada Natural Space (southern Spain), preserved in 70° ethanol for laboratory identification, morphological observation, preparing photographic material and DNA extraction. The study of bacterial profile of *L. stenopsis* began with the preparation of three batches of 12 adult lice. DNA extraction was made under appropriate sterile conditions using DNeasy Blood and Tissue kit (Macherey-Nagel, Düren, Germany), following the manufacturer's instructions. Library preparation and Illumina sequencing of V3V4 regions of 16S rRNA gene were carried out at the IPBLN Genomics Facility (CSIC, Granada, Spain). Amplicon libraries were generated by a two-steps PCR strategy. Sequencing was conducted on a MiSeq sequencer, according with Illumina MiSeq library preparation guide. As a part of Bioinformatic study, Fastq files were pre-processed and analysed using specific analysis of microbiome packages [DADA2 v.1.14.0 (Callahan et al., 2016) and Phyloseq (McMurdie & Holmes, 2013)], complemented with other R packages (microbiome, microbiomeMarker, etc.) in the R 4.2.3 environment. The results gathered from our study showed that the bacterial composition of *L. stenopsis*, considering surface and internal microbiome, has a high biodiversity that include several hundred of taxa. Microorganism taxonomic composition of each replica show a high predominance of a sequence related with the order Enterobacteriales, which we notated as "Linognathus stenopsis endosymbiont" (LSE), initially identified by the system as belonging to the genus *Sodalis*. In order to obtain more information about the possible identity of this taxa and the phylogenetic relationships of the LSE sequences, we performed a phylogenetic analysis on the V3-V4 region of the 16S rRNA sequences, using Blast to search for the highest sequence identity in GenBank.

Blast revealed that the two selected 429 bp sequences of LSE have a maximum percentage identity (id) ranging from 94.61% to 93.01% with the Enterobacteriales, mainly Pectobacteriaceae of the genus *Sodalis*, Yersiniaceae of the genus *Serratia*, or several uncultured endosymbiont as "candidatus Steffania", among others. Of relevant sanitary importance should be considered the presence of *Rickettsia* sp. (100% id with a large range of species), *Coxiella* sp. (100% to 96% id with *Coxiella*-like endosymbiont of the tick *Haemaphysalis punctata* (GenBank accession MT313147), *Francisella* sp. (100% id with several *Francisella* like endosymbionts of ticks of genus *Dermacentor*, *Hyalomma* and *Haemaphysalis*) and *Acinetobacter* sp. (100% id with *Acinetobacter johnsonii*, GenBank accession MN826149). We consider highly probable that LSE may correspond to a primary endosymbiont (P endosymbiont) of this sucking lice, taking into account that they are a key factor in the evolutionary success of approximately 15% of insect species. P-endosymbionts are obligate and mutualistic bacterial endosymbionts vertically inherited, implicated in strict cospeciation processes. A particularly relevant aspect is determined by the presence of at least four genera with health concern such as *Rickettsia*, *Coxiella*, *Francisella* and *Acinetobacter*.

PESTE SUINA AFRICANA E SISTEMI DI CATTURA PER CINGHIALI : IL PROGETTO SUINNOVA

Barbara Moroni 1 , Walter Martelli 1 , Mattia Begovoeva 1 , Sara A. Chiarlone 1 , Barbara Franzetti 2 , Andrea Monaco 2 , Valeria Genovese 3 , Laura Gola 3 , Pietro Pontiggia 4 , Stefania Bergagna 1 , Simona Zoppi, Giuseppe Ru1 , Alessandro Dondo1

1. Istituto Zooprofilattico Sperimentale di Piemonte, Liguria e Valle d'Aosta, Via Bologna 148, 10154 Torino, Italy

2. Istituto Superiore per la Protezione e la Ricerca Ambientale, Via Vitaliano Brancati 48, 00147, Roma, Italy

3. Ente di gestione delle Aree Protette del Po piemontese, Via Alessandria, 2 - 10090 Castagneto Po (TO)

4. Field Engine Wildlife Research and Management LLC

Il riscontro della Peste Suina Africana in Italia nel gennaio 2022, e la continua espansione del focolaio epidemico, ha sottolineato l'urgenza di rendere sempre più efficaci le azioni di contrasto alla diffusione della malattia, tra le quali la riduzione della popolazione di cinghiali circolanti sul territorio. Il progetto SuINNOVA - Peste Suina Africana – studio di tecnologie innovative in campo per l'eradicazione della malattia, coordinato dall'Istituto Zooprofilattico Sperimentale del Piemonte, Liguria e Valle d'Aosta e realizzato in collaborazione con l'ISPRA, l'Ente di gestione delle Aree Protette del Po piemontese e gli enti territoriali con competenza in sanità animale, ha tra i suoi obiettivi quello di sperimentare nuovi sistemi di cattura che garantiscano un depopolamento efficace, sicuro per gli operatori e con il minimo impatto sul benessere animale. La sperimentazione su campo prevede l'utilizzo di una trappola innovativa denominata "Pig Brig Trap System" e la successiva comparazione, in termini di efficacia, praticità di utilizzo e impatto sul benessere, con le metodologie di cattura attualmente in uso, tra cui gabbie trappole. Al termine di ogni cattura, lo stato di benessere dei cinghiali è valutato sulla base di alcuni parametri ematici e del cortisolo salivare, indicatori di stress acuto. Le analisi sono effettuate a partire da campioni di sangue intero o in EDTA prelevato mediante provette vacutainer dalle camere cardiache del cinghiale o, in caso di impossibilità (es. colpo vicino alla regione cardiaca), dal seno cavernoso retrobulbare. Il sangue appena arrivato presso i laboratori dell'IZSPLV viene centrifugato a 3500 rpm per 15 minuti a 20°C. Il siero

ottenuto è separato dal coagulo e stoccato in aliquote di 1 ml alla temperatura di -80°C fino all'esecuzione delle analisi. Il sangue in EDTA viene processato per esame emocromocitometrico. I valori di riferimento sulla specie suina (*Sus scrofa*) sono stati ricavati dalla bibliografia ("Clinical Biochemistry of Domestic Animals", Kaneko 2008). A seguito delle due catture tramite Pig Brig effettuate a luglio e agosto 2023 presso la tenuta del Bosco della Partecipanza (Vercelli), è stato possibile trarre alcuni risultati preliminari sul sangue analizzato. In totale sono stati catturati 10 cinghiali, 6 alla prima cattura e 4 alla seconda, di cui 6 femmine e 4 maschi, 3 striati, 2 adulti e 5 subadulti. I risultati mettono in evidenza valori mediamente più alti rispetto ai valori di riferimento del suino domestico. Inoltre, è osservabile un aumento progressivo dell'enzima lattato deidrogenasi (LDH), indice di danno muscolare acuto, che ricalca il progressivo ordine di abbattimento, ad indicare un possibile aumento di sforzo muscolare degli animali abbattuti per ultimi. Allo stesso modo si evidenzia una linfocitosi progressiva degli animali abbattuti, tipica del cosiddetto leucogramma da stress. Con le prossime catture sarà possibile aumentare il numero di animali inclusi nello studio e confermare dal punto di vista statistico le osservazioni preliminari ottenute con questi primi campioni e comparare lo stato di stress tra diversi metodi di cattura.

SUPERVIVENCIA DE SARCOPTES SCABIEI FUERA DEL HOSPEDADOR Y ACTIVIDAD ACARICIDA IN VITRO DE VARIOS COMPUESTOS NATURALES

Jesús M. Pérez ¹, Emiliano N. Jesser ², Jorge O. Werdin ², Colin Berry ³, Mohamed Gebely, Raquel Crespo ^{1,4}, José E. Granados ⁵, Antonio J. López-Montoya ⁶

¹ *Departamento de Biología Animal, Vegetal y Ecología, Universidad de Jaén, Campus Las Lagunillas, s.n., E-23071, Jaén, Spain ;*

² *Departamento de Biología, Bioquímica y Farmacia, Universidad Nacional del Sur, San Juan 670, Bahía Blanca, B 8000CPB, Argentina ;*

³ *School of Biosciences, Cardiff University, Museum Avenue, Cardiff, CF10 3AX, UK ;*

⁴ *Instituto de Investigación en Recursos Cinegéticos (IREC-CSIC, UCLM, JCCM), Ronda de Toledo 12, E-13071, Ciudad Real, Spain ;*

⁵ *Centro Administrativo Parque Nacional y Parque Natural Sierra Nevada, Carretera Antigua Sierra Nevada, Km 7, E-18071, Pinos Genil, Granada, Spain;*

⁶ *Departament of Statistics and Operational Research, Jaén University, Campus Las Lagunillas, s.n., E-23071, Jaén, Spain.*

In this study we analyzed the effect of the temperature and several natural compounds (crystal proteins of diverse strains of *Bacillus thuringiensis* and nanoformulations with essential plant oils) on the survival of *Sarcoptes scabiei* mites derived from naturally-infested Iberian ibex (*Capra pyrenaica*). In general, mites maintained at 12°C survived more than those maintained at 35°C. Mites with no treatment survived 27.6 h on average. Mites treated with Bt konkukian and nanogeranio 35 showed significant reduction in their survival. Despite the fact that these agents seem to be promising candidates for controlling sarcoptic mange in the field, further research is still needed to get stable, efficient and eco-friendly acaricides.

VOLPI ROSSE E PARASSITI NEGLETTI : LO STRANO CASO DI PHARYNGOSTOMUM CORDATUM

Selene Rubiola¹ , Isabel Blasco-Costa² , Gianluca Marucci³ , Silvia Agresti¹ , Tiziana Civera¹ , Stefania Zanet¹ , Ezio Ferroglio¹ , Francesco Chiesa¹

¹ Dipartimento di Scienze Veterinarie, Università degli Studi di Torino, Grugliasco (TO), Italy

² Muséum d'histoire naturelle (MHN), Département de la culture et de la transition numérique, Geneve, Switzerland

³ Dipartimento di Malattie Infettive, Istituto Superiore di Sanità, Roma, Italy

Alaria alata, trematode intestinale della volpe rossa (*Vulpes vulpes*) e di altri carnivori europei, è il solo membro del suo genere segnalato come endemico in Europa. Rinvenimenti casuali di mesocercarie di *A. alata* in carcasse di cinghiale durante i controlli ufficiali per *Trichinella* hanno accresciuto l'interesse per questo trematode dal potenziale zoonosico. L'essere umano, che può infestarsi tramite il consumo di carne cruda o poco cotta di cinghiale, assume il ruolo di ospite paratenico, con possibili conseguenze anche gravi. In Italia, i report si limitano a tre rinvenimenti occasionali. Data l'attuale scarsità di dati confermati molecolarmente relativi alla presenza di *A. alata* in Italia, e considerando la crescente attenzione che è stata riservata a questo trematode negli ultimi anni, lo scopo del presente studio è stato quello di valutare la presenza di *A. alata* nelle volpi rosse in Piemonte (IT). Al fine di raggiungere lo scopo sopra citato, sono stati campionati e analizzati i contenuti gastrointestinali di 100 volpi provenienti da 4 enti faunistici piemontesi. I trematodi morfologicamente ascrivibili alla sottofamiglia delle Alariinae rinvenuti nell'intestino delle volpi campionate sono stati sottoposti ad identificazione molecolare mediante l'applicazione della PCR specifica per *A. alata* descritta da Riehn et al. nel 2011, avente come target un frammento di circa 300 bp del gene 28S rRNA, e il successivo sequenziamento. In seguito ai risultati ottenuti dalla prima indagine, a marzo 2021 è stato effettuato un ulteriore campionamento di 13 volpi provenienti da Novara e Vercelli, distretti risultati maggiormente interessati dalla presenza di Alariinae, al fine di ottenere trematodi freschi per ulteriori indagini, data l'inconsistenza dei dati molecolari. I trematodi morfologicamente ascrivibili alla sottofamiglia delle Alariinae rinvenuti nell'intestino delle volpi campionate sono stati sottoposti ad indagini morfologiche (microscopia ottica, elettronica ed istologia) e ad amplificazione e sequenziamento del gene 28S rRNA, delle regioni ITS1 e ITS2 e del gene *cox1* mtDNA. Infine, 50 cinghiali provenienti dai medesimi distretti sono stati sottoposti alla *Alaria* mesocercariae migration technique (AMT), al fine di valutare la presenza dello stadio larvale. Il 21% (n=21) delle volpi prelevate nel contesto del primo campionamento sono risultate positive alla presenza di trematodi morfologicamente ascrivibili alla sottofamiglia delle Alariinae., identificazione confermata dall'amplificazione del gene 28S rRNA. Il sequenziamento e la successiva analisi filogenetica non hanno tuttavia confermato l'identità dei trematodi riscontrati con *A. alata*, nè con alcun'altra sequenza disponibile sul database di NCBI. Il prelievo effettuato nel contesto del secondo campionamento ha evidenziato la presenza dei sopracitati trematodi nel 100% delle volpi campionate (n=13), con elevate intensità di infestazione (30-4500 Alariinae per soggetto). L'indagine morfologica ha consentito di identificare i parassiti come appartenenti alla specie *Pharyngostomum cordatum*, trematode negletto e poco investigato appartenente alla sottofamiglia delle Alariinae, la cui presenza nelle volpi non era ancora stata indagata. L'AMT ha dato esito negativo nei cinghiali campionati. I risultati evidenziano la presenza di *P.*

cordatum, un trematode sporadicamente segnalato in Asia e in Europa nei felidi domestici e selvatici, nell'intestino tenue della volpe rossa in Italia nordoccidentale. Il DNA del trematode è risultato amplificabile con primers specifici riportati in letteratura per la diagnosi di *A. alata*, suggerendo possibili sovrastime o errori diagnostici relativi alla presenza di questo trematode nei carnivori europei. I dati relativi alla presenza di *P. cordatum* in Europa sono limitati; date le similitudini tra il ciclo di *P. cordatum* e il ciclo di *A. alata*, e dato il ritrovamento dello stadio larvale di *P. cordatum* nei cinghiali in Asia, il potenziale zoonosico di questo parassita non può essere escluso.

BARTONELLA SPP. DISTRIBUTION ASSESSMENT IN FOXES COUPLING GEOSPATIALLY-BASED TECHNIQUES

Annalisa Viani (1), Tommaso Orusa (2,3,4), Sara Divari (5), Stella Lovisolo (5), Stefania Zanet (5), Enrico Borgogno-Mondino (2), Riccardo Orusa (1), Enrico Bollo (5)

1_Istituto Zooprofilattico Sperimentale del Piemonte, Liguria e Valle d'Aosta (IZS PLV) SC Aosta-CeRMAS (National Reference Center for Wildlife Diseases), Località Amerique 7/C, 11020 Quart (AO), Italy

2_Department of Agricultural, Forest and Food Sciences (DISAFA), GEO4Agri DISAFA Lab, Università degli Studi di Torino, Largo Paolo Braccini 2, 10095 Grugliasco, Italy

3_Earth Observation Valle d'Aosta - eoVdA, Località L'Île-Blonde, 5, 11020 Brissogne, Italy

4_IN.VA spa, GIS Unit, Località L'Île-Blonde 5, 11020 Brissogne, Italy

5_Department of Veterinary Sciences (DSV), Università degli Studi di Torino, Largo Paolo Braccini 2, 10095 Grugliasco, Italy

Abrupt changes in climate conditions may influence species distribution and pathogens' spreading. Therefore, researches on the complex combination between wildlife diseases dispersion and environmental patterns have to be strengthened, and the assessment of wildlife and zoonotic diseases will represent a key point. In particular, geospatially-based analysis can help Veterinarians and Public Health Officials, to better understand changes in eco-epidemiological factors related to climate changes. Nowadays, reports on the presence of Bartonella spp. in Italy, especially in wild canids, are few in literature. In this study, the prevalence of *Bartonella* spp. was investigated with reference to fox populations (*Vulpes vulpes* L.) culled or found dead in the provinces of Cuneo and Biella (Piedmont) and Aosta Valley (NW Italy). The analysis was carried out at municipality level by coupling molecular diagnostic techniques and satellite remote sensing with the aim of testing possible relationships between pathogen presence and environmental conditions. The DNA was extracted from the spleen of 114 sampled animals and 7.9% (9/114) of samples yielded Bartonella spp DNA by means of qPCR (ssrA gene). Positive samples were further analyzed by end-point PCR for ssrA, gltA and rpoB genes of *Bartonella* spp.: PCR products of eight samples were sequenced and based on the results, *Bartonella schoenbuchensis* R1 was found to be the most abundant *Bartonella* species (62.5%, 5/8). Candidatus "*Bartonella gerbillinarum*" was found in 25% (2/8) of samples. Concerning remote sensing contribution, data from NASA USGS Landsat 4-9 missions (TOA collection), ranging from 2011 to 2022, were processed in Google Earth Engine. Assuming (as reported in literature) that pathogens, especially in rangelands, can be influenced by humidity, the Tasseled Cap Wetness index (TCW) was computed (Baig & DeVries, 2020) for each date temporal profile consisting of composite images for each meteorological season. Seasonal TCW was positively associated to *Bartonella* spp. infection in foxes as infection was always associated to TCW >0.7. This threshold seems to be an important parameter for the *Bartonella* spp. risk mapping. To test the

relationship between TCW and *Bartonella* spp. presence, the Moran's index I was calculated per each composite imagery to test the existence of a spatial correlation, and LISA (Local Indicators of Spatial Autocorrelation) maps at the municipal scale were created. Moran I proved to be always ≥ 0.90 , and therefore statistically significant. Moreover, Canonical Corresponding Analysis between pathogen prevalence and municipal-based TCW show a strong link between positivity and TCW, demonstrating the possible use of TCW as a parameter to facilitate disease management and control. In conclusion, a simultaneous spatial correlation between *Bartonella* spp. DNA presence in foxes of the municipalities considered and the TCW was detected.