

# Monitoraggio della malattia da deperimento cronico (CWD)



La Commissione europea ha richiesto un'analisi del programma di monitoraggio della malattia da deperimento cronico (CWD) in Norvegia, Svezia, Finlandia, Islanda, Estonia, Lettonia, Lituania e Polonia (9 gennaio 2017-28 febbraio 2022).

Sono stati riscontrati 13 casi nelle renne, 15 nell'alce e 3 nei cervi rossi. Gli animali esaminati hanno mostrato due fenotipi, distinti per la presenza o l'assenza della normale proteina prionica cellulare (PrP) associata alla malattia, rilevabile nei tessuti linforeticolari.

La CWD è stata rilevata per la prima volta in Finlandia, Svezia e in altre zone della Norvegia. Nei paesi in cui la malattia non è stata rilevata, le prove erano insufficienti per escluderne del tutto la presenza. Laddove sono stati rilevati casi, la prevalenza era inferiore all'1%.

I dati suggeriscono inoltre che i gruppi di animali target ad alto rischio sui quali si concentra la sorveglianza dovrebbero essere rivisti, e che gli animali morti per "*incidente stradale*" non dovrebbero essere più testati per CWD.

I dati rivelano che, **oltre alle differenze per età e sesso, la proteina prionica (PRNP) differisce anche tra le renne**

## **selvatiche positive e negative.**

Per quanto riguarda la sorveglianza è stato proposto un sistema graduale basato su un'attività minima di base da attuare in tutti i paesi europei dove vivono popolazioni di cervidi sensibili che può essere poi ampliata con indagini *ad hoc* rivolte al raggiungimento di obiettivi specifici, e sulla base della presenza o meno di casi. Queste indagini, sostenute nel tempo, si avvalgono di test in parallelo di obex e linfonodi provenienti da popolazioni di cervidi target ad alto rischio e si basano su unità di campionamento e prevalenza stimata sui dati disponibili.

Valutare la probabilità di presenza della malattia sarà possibile grazie ai seguenti criteri appositamente delineati: definizione dell'area geografica, valutazione annuale del rischio di introduzione, sorveglianza di base, formazione e coinvolgimento delle parti interessate e attuazione di un programma di sorveglianza basato su parametri stabiliti a partire dai dati presenti in letteratura.

Tutti i casi positivi devono essere genotipizzati. Sono state proposte le dimensioni del campione per rilevare e stimare la frequenza dei polimorfismi PRNP. Il sequenziamento a doppio filamento dell'intero quadro di lettura aperto del gene PRNP dovrebbe essere effettuato per tutti i campioni selezionati e successivamente i dati andrebbero raccolti in un sistema centralizzato a livello dell'UE.

Fonte: IZS Teramo