

Continua circolazione del virus in Liguria e nelle Regioni limitrofe e comparsa di una nuova variante

L'attività di laboratorio, così come prevedono il Global Measles Laboratory Network dell'OMS ed il Piano Nazionale per l'Eliminazione del Morbillo e della Rosolia Congenita, approvato dalla Conferenza Stato Regioni nel novembre 2003, comprende (i) la diagnosi qualitativa mediante test molecolari ad elevata sensibilità su diversi campioni biologici raccolti da caso sospetto, permettendo l'immediato approntamento delle misure per il controllo dell'infezione, e (ii) la caratterizzazione molecolare dei virus rilevati mediante l'analisi di sequenza delle due regioni genomiche indicate dall'O.M.S.. L'attività di caratterizzazione ha gli obiettivi di individuare il percorso del microrganismo all'interno della comunità, consentendo di individuare i punti critici dell'attività di contenimento, le vie di trasmissione e di migliorare le procedure di controllo.

Quadro epidemiologico ligure

Dal 13 Dicembre 2007, data in cui è stato raccolto il primo campione da caso sospetto di morbillo, sono pervenuti al DiSSal/UO Igiene **167 campioni** [tamponi faringei o urine] raccolti da **75 soggetti con sospetto morbillo** residenti in Liguria e da **14 soggetti** residenti nelle provincie di Cuneo, Firenze, Livorno, Empoli e Lucca; questi ultimi sono stati testati al fine di migliorare il tracing del virus in corso di epidemia. I test molecolari hanno permesso di confermare **56** (positive rate: 74,7%) **casi in Liguria**, 2 in Piemonte e 5 in Toscana. La distribuzione temporale dei casi sospetti e confermati residenti in Liguria è illustrata in Figura 1.

In Figura 2, è riportata la distribuzione spaziale in relazione alla ASL di residenza dei casi liguri confermati in laboratorio. Tutte le ASL riportano almeno un caso confermato, con cluster più numerosi nelle ASL 3 (33 casi) e 4 (14 casi).

La successiva caratterizzazione dei campioni positivi, mediante analisi di sequenza delle due regioni indicate dal OMS, ha evidenziato la circolazione in Liguria di un'unica variante virale appartenente al genotipo D4. In Figura 3 è riportato l'albero filogenetico costruito con i ceppi di riferimento O.M.S., alcuni isolati italiani e i ceppi liguri caratterizzati nel corso dell'epidemia 2007-08. I ceppi isolati nel periodo dicembre 2007-aprile 2008 appaiono filogeneticamente distinti dai virus circolati in Italia nel 2006 in diverse regioni (Toscana, Lazio, Trentino Alto Adige), anch'essi riconducibili al genotipo D4. I ceppi isolati dai pazienti liguri risultano avere un'omologia del 100% con ceppi rilevati nel 2007 in pazienti inglesi (Enfield-GBR-14-07) ed irlandesi (Dublin-IRL-44-07) ed in viaggiatori dalla Gran Bretagna (NOR-07), suggerendo la recente importazione di questo clone in Italia dal Paese anglosassone. Lo stesso clone è stato, inoltre, responsabile di un cluster negli USA a New York (NewYork-USA-48-07), riconducibile a casi di importazione da Israele.

Quadro epidemiologico ligure (continua)	<p>I principali cluster, localizzati in Provincia di Imperia e nel Golfo del Tigullio, e i primi casi genovesi sembrano mostrare un link epidemiologico con il Basso Piemonte, dove è tuttora in corso un'epidemia. Questo link è stato confermato mediante la caratterizzazione molecolare: virus isolati da pazienti del cuneese hanno, infatti, mostrato un'assoluta omologia con i ceppi liguri.</p> <p>Degno di nota è l'isolamento di un ceppo isolato da paziente residente in Toscana, la cui analisi di sequenza ha permesso di caratterizzarlo come appartenente al genotipo D9 (Figura 3). Varianti filogeneticamente simili hanno circolato negli anni precedenti nei Paesi anglossassoni ed in Spagna e più recentemente ad Hong Kong. Gli altri virus identificati negli ultimi mesi in Toscana appartengono al genotipo D4 e sono risultati identici ai ceppi liguri e piemontesi.</p>
Per l'invio dei campioni rivolgersi	Dott. Filippo Ansaldi Laboratori Dipartimento di Scienze della Salute Via Pastore 1 16132 Genova Telefono 010 3533001 e 010 3538503

Fig.1. Distribuzione temporale dei casi sospetti e confermati liguri i cui campioni sono pervenuti al laboratorio, Dicembre 2007-Aprile 2008

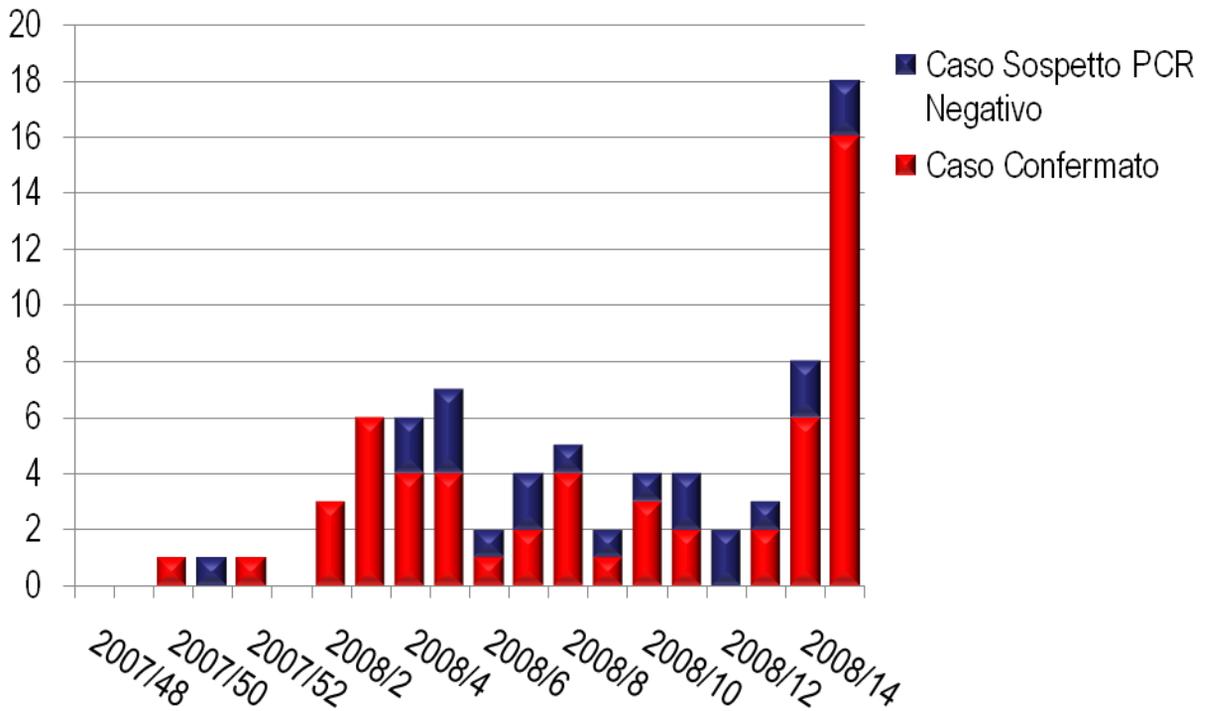


Fig.2 Distribuzione spaziale dei casi confermati in laboratorio.



Fig.3. Albero filogenetico costruito con i ceppi di riferimento O.M.S., alcuni isolati italiani e i ceppi liguri caratterizzati nel corso dell'epidemia 2007/08

