

## **Rilevamento e caratterizzazione dei virus del morbillo in Liguria: continua circolazione del virus in Liguria e nelle Regioni limitrofe e comparsa di una nuova variante**

Filippo Ansaldi, Giancarlo Icardi - Laboratorio regionale di riferimento per morbillo e rosolia congenita - dipartimento di Scienze della salute (Dissal) dell'Università di Genova

L'attività di laboratorio, così come prevedono il Global Measles Laboratory Network dell'Organizzazione mondiale della sanità e 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 a 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'Oms. 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 2007-2008**

Dal 13 dicembre 2007 al 17 aprile 2008 sono pervenuti al dipartimento di Scienze della salute (Dissal)/Unità operativa igiene 167 campioni biologici (tamponi faringei o urine) raccolti da 89 soggetti con sospetto morbillo, di cui 75 residenti in Liguria e 14 residenti nelle Province di Cuneo, Firenze, Livorno e Lucca. Questi campioni sono stati testati al fine di migliorare la rintracciabilità del virus in corso di epidemia. I test molecolari hanno permesso di confermare 56 casi (74,7%) 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 all'Azienda sanitaria locale 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 dall'Oms, ha evidenziato la circolazione in Liguria di un'unica variante virale appartenente al genotipo D4. Lo stesso genotipo virale è stato riscontrato essere responsabile di un cluster di 9 casi verificatosi in un campo nomadi – Sinti stanziali – sito nella periferia di Genova. In Figura 3 è riportato l'albero filogenetico costruito con i ceppi di riferimento Oms, alcuni isolati italiani e i ceppi liguri caratterizzati nel corso dell'epidemia 2007-2008. 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) e irlandesi (Dublin-Irl-44-07) e 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 Stati Uniti a New York (NewYork-Usa-48-07), riconducibile a casi di importazione da Israele.

I principali cluster di morbillo, localizzati in Provincia di Imperia e nel Golfo del Tigullio, e i primi casi genovesi sembrano mostrare un collegamento epidemiologico con il basso Piemonte, dove è tuttora in corso un'epidemia. Questo collegamento è stato confermato mediante la caratterizzazione molecolare: virus isolati da pazienti del cuneese hanno infatti mostrato un'assoluta omologia con i ceppi liguri.

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 anglosassoni e in Spagna e più recentemente a Hong Kong. Gli altri virus identificati negli ultimi mesi in Toscana appartengono al genotipo D4 e sono risultati identici ai ceppi liguri e piemontesi.

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

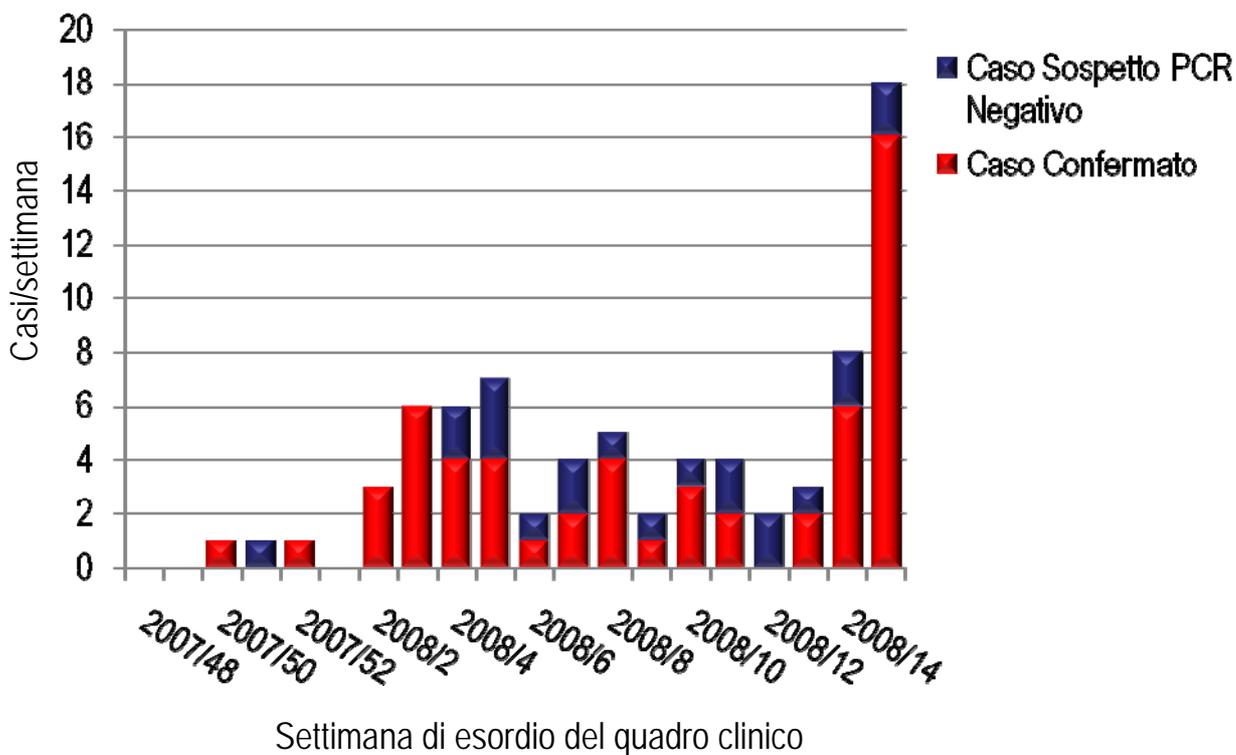


Fig.2 Distribuzione spaziale dei casi confermati in laboratorio.



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

