

Ecdc: la valutazione del rischio per i casi di influenza A/H1N1 nell'uomo

20 maggio 2009 - Un nuovo virus influenzale A/H1N1 è stato identificato per la prima volta dai Cdc americani il 17 aprile 2009 in campioni prelevati da due bambini californiani. È stato riportato nel Morbidity and Mortality Weekly Report (Mmwr) il 21 aprile 2009 [1]. La struttura genetica di base del virus, che è stata descritta per la prima volta su Eurosurveillance il 30 aprile 2009 [2], ha dimostrato che il virus aveva molti elementi genetici dell'influenza suina. Per questo il nuovo virus all'inizio è stato chiamato "influenza suina", anche se le sue origini suine sono state messe in discussione successivamente, e ora è evidente che è capace di trasmettersi da uomo a uomo.

Al momento sono più di 8 mila i casi confermati in almeno quattro continenti, di cui 300 in Europa.

Il virus ha componenti genetiche dell'influenza suina (due diversi tipi), dell'influenza aviaria e dell'influenza umana. È, quindi, un virus ricombinante "quadriplo". Virus di influenza suina ricombinati tre volte con geni aviari, umani e suini hanno circolato in passato tra i maiali negli Stati Uniti, e sono stati poi trasmessi agli esseri umani [3,4]. Sono molti gli esempi recenti di virus influenzali di origine animale che sono stati trasmessi non solo dall'animale all'essere umano ma anche da uomo a uomo. L'esempio più chiaro è l'influenza aviaria H5N1 che sta circolando nel Sudest asiatico da più di un decennio e che sta ancora causando decessi in quella regione (anche se la trasmissione uomo-uomo è stata molto limitata per questo virus).

L'attuale focolaio di influenza A/H1N1 è ben radicato nel Nord America e nuovi casi vengono continuamente riportati dall'Europa, dall'Oceania e dall'Asia. Le recenti notifiche dal Giappone potrebbero indicare una diffusione a livello di comunità, il che significherebbe che ora siamo molto vicini alla definizione di pandemia.

Valutazione del rischio per l'Europa

La precedente (8 maggio) valutazione del rischio ha elencato un certo numero di parametri non conosciuti necessari per una valutazione appropriata. Molti di questi sono ancora ignoti, ma per alcuni stiamo raccogliendo nuovi dati:

Curva epidemica cumulativa: la figura sotto mostra come, dopo aver seguito per i primi dieci giorni di maggio il tasso di incremento del Messico, ora il tasso di incremento dei nuovi casi nell'Ue potrebbe seguire un andamento più lento di quello registrato nei tre Paesi del Nord America.

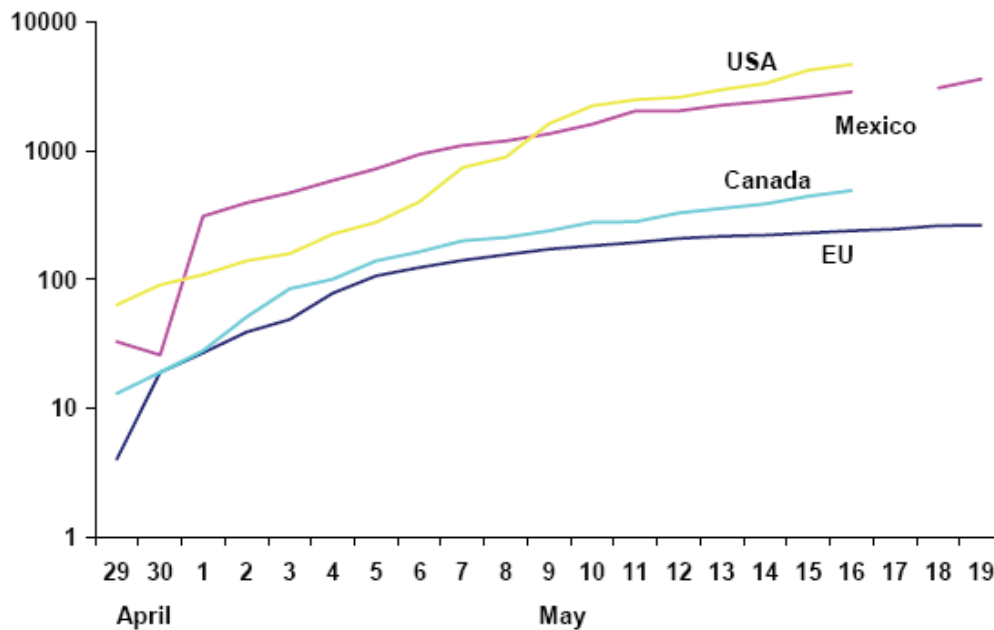


Figura 1: Incidenza cumulativa (logaritmica) riportata nei Paesi Eu/Efta a confronto con il Messico, il Canada e gli Stati Uniti (alcune lacune nei dati dell'America del Nord nel weekend)

Infettività: a giudicare dall'ampia trasmissione negli Stati Uniti, attualmente ci sono evidenze che il virus si trasmetta nello stesso modo e con la stessa facilità dell'influenza stagionale. Ci sono già state diverse stime del "tasso di riproduzione di base" (indicato con R_0 , è il numero medio di nuovi casi provocati da ogni caso in una popolazione completamente suscettibile alla malattia) e si trovano tutte tra 1 e 2 (con alcuni valori anomali). L'intervallo di valori più probabile è tra 1,4 e 1,6. Si tratta di un valore superiore a quello osservato per l'influenza stagionale, ma in linea con le precedenti pandemie. Attualmente, circa un terzo dei casi in Europa ha acquisito l'infezione nel proprio Paese (soprattutto in Spagna e nel Regno Unito). Quasi tutti questi casi autoctoni sono secondari a qualcuno che si è recato in America del Nord, anche se sono stati riferiti alcuni casi di trasmissione terziaria.

Immunità: sono in corso studi di laboratorio che stanno mostrando una certa reattività incrociata nel siero delle persone anziane. I dati epidemiologici degli Usa indicano anche che la fascia di popolazione più anziana può risultare quella meno colpita. Un virus dello stesso sottotipo, A/H1N1, è stato responsabile dell'influenza stagionale per diversi anni, anche se quel sottotipo è molto diverso da quello attuale. La maggior parte dei geni del nuovo virus sono simili ai geni che, probabilmente sin dal 1918, si sono sviluppati nei suini, indipendentemente dai virus umani H1N1.

Virulenza e gruppi a rischio: non si sa ancora quante persone infette svilupperanno effettivamente la malattia. È un elemento che dovrà essere valutato sulla base di specifici studi sierologici. Non ci sono studi su marker genetici associati a malattia grave, e anche se test su animali dimostrano che il virus provoca la malattia, i risultati sono meno gravi rispetto, per esempio, al virus dell'influenza aviaria altamente patogeno (A/H5N1). Finora, la malattia sembra essere stata generalmente lieve in Europa. Va osservato, tuttavia, che la maggior parte dei casi fino ad ora sono stati giovani adulti di ritorno da viaggi nel continente americano, che non costituiscono un campione rappresentativo dell'intera popolazione.

Quadro clinico della malattia: si sta cominciando a descriverlo. Gli unici aspetti degni di nota sono rapporti preliminari sul periodo di incubazione, che pare possa avere una coda più lunga di quella osservata in precedenza (fino a 8 giorni). Ci sono anche segnalazioni sulla maggiore presenza di sintomi gastro-enterici rispetto a quelli tipici dell'influenza stagionale. Ci

saranno probabilmente molti casi lievi, che saranno difficili da distinguere da altre infezioni del tratto respiratorio fino a quando non verranno effettuati studi sierologici.

Tasso di letalità: al momento è sconosciuto, ma ci sono certamente alcuni casi di malattia grave e decessi segnalati in Messico e Stati Uniti. L'attuale tasso di letalità rilevato in Messico (circa il 2%) è probabilmente distorto dal fatto che i casi più gravi vengono diagnosticati più rapidamente. Il valore per gli Stati Uniti di circa 1 decesso per 1000 è prossimo a quello che si registra per l'influenza stagionale.

Distribuzione per età: l'attuale distribuzione per età è sbilanciata verso le fasce più giovani. Si tratta di viaggiatori nella fascia d'età 20-29 anni e, con la diffusione secondaria nelle scuole, di studenti nella fascia d'età degli adolescenti. Secondo alcuni studi epidemiologici e sierologici, sembra che le persone anziane possano essere meno suscettibili, forse a causa di una qualche memoria immunologica di una precedente infezione da virus A(H1N1).

Sensibilità ai farmaci antivirali: le prove genetiche indicano che gli inibitori della neuraminidasi (oseltamivir e zanamivir) costituiranno un trattamento efficace. Il virus è però resistente all'amantadina. Una certa preoccupazione desta la possibile ricombinazione genetica all'interno di virus in circolazione già resistenti all'oseltamivir.

Diffusione a livello di comunità: poiché l'attuale definizione di caso è destinata soprattutto a individuare le persone che hanno viaggiato in Nord America, ci può essere il rischio che la diffusione a livello di comunità in Europa non venga rilevata tempestivamente. Tuttavia, il sistema europeo di sorveglianza dell'influenza è abbastanza sensibile per individuare l'inizio di una stagione influenzale, e lo si può già notare dall'aumento del numero di campioni di laboratorio raccolti dai medici sentinella la scorsa settimana. Normalmente, in questo periodo dell'anno, non vengono effettuati i test per l'influenza. Inoltre, il fatto che una trasmissione del virus a catena a seguito della diagnosi di un caso non sia andata oltre i due casi, depone a sfavore di una diffusione a livello di comunità.

Insieme a una stretta sorveglianza dei casi nell'Ue, l'Ecdc continuerà a monitorare attentamente la situazione in Messico e negli Stati Uniti. È soprattutto da questi due Paesi, infatti, che dovranno pervenire le maggior parte delle informazioni per valutare i parametri sopra considerati. Continueremo a fornire informazioni sul nostro sito web e ad aggiornare Queste valutazioni del rischio. Per aggiornamenti rapidi, si prega di consultare i Situation Reports pubblicati quotidianamente sul nostro sito (www.ecdc.europa.eu).

Secondo l'attuale valutazione del rischio dell'Ecdc, il nuovo virus dell'influenza A/H1N1 continuerà a diffondersi. Anche se sembra presentarsi in forma lieve negli Stati Uniti e in Europa, il suo profilo non è ancora chiaro perché non vi è stata sufficiente trasmissione per giudicarne gli effetti, soprattutto nelle persone più a rischio. Inoltre i virus pandemici sono imprevedibili, e possono cambiare le loro caratteristiche evolvendosi. Le pandemie di solito rallentano in estate, per poi riacutizzarsi in autunno: il virus allora può ritornare, può darsi in forma più aggressiva, come è già accaduto nel 1919.

Scarica il [documento originale](#) in inglese (pdf 60 kb).

Riferimenti

1. Centers for Disease Control and Prevention (CDC). Swine influenza A (H1N1) infection in two children--Southern California, March-April 2009. MMWR Morb Mortal Wkly Rep. 2009 Apr 24;58(15):400-2. Available online: www.cdc.gov/mmwr/preview/mmwrhtml/mm5815a5.htm
2. Trifonov V, Khiabani H, Greenbaum B, Rabadan R. The origin of the recent swine influenza A(H1N1) virus infecting humans. Euro Surveill. 2009;14(17):pii=19193. Available online: <http://www.eurosurveillance.org/ViewArticle.aspx?ArticleId=19193>
3. Olsen CW, Karasin AI, Carman S, Li Y, Bastien N, Ojkic D, et al. Triple reassortant H3N2 influenza A viruses, Canada, 2005. Emerg Infect Dis. 2006;12(7):1132-5.
4. Newman AP, Reisdorf E, Beinemann J, Uyeki TM, Balish A, Shu B, et al. Human case of swine influenza A (H1N1) triple reassortant virus infection, Wisconsin. Emerg Infect Dis. 2008;14(9):1470-2.