

P07 - ELEVATA DIFFUSIONE DI NOROVIRUS GII.17 IN MOLLUSCHI BIVALVI E ACQUE DI SCARICO IN AREE DI PRODUZIONE IN ITALIA.

La Rosa G¹., Della Libera S¹., Proroga Y²., Therese R²., De Medici D³., Vito M⁴., Suffredini E³.

¹*Dipartimento Ambiente e Connessa Prevenzione Primaria, Istituto Superiore di Sanità, Roma*

²*Dipartimento Ispezione degli Alimenti, Istituto Zooprofilattico Sperimentale del Mezzogiorno, Portici (Napoli)*

³*Dipartimento di Sanità Pubblica Veterinaria e Sicurezza Alimentare, Istituto Superiore di Sanità, Roma*

⁴*Dipartimento di Medicina veterinaria, Università degli studi di Bari*

Nella stagione invernale 2014/15, un nuovo ceppo di norovirus, GII.P17_GII.17 (Kawasaki 2014), è emerso come principale causa di gastroenterite in Asia, sostituendo in parte il genotipo GII.4 Sydney 2012, fino ad allora predominante. Tuttavia, il virus Kawasaki 2014 è stato segnalato solo in modo sporadico al di fuori del Sud Est asiatico, e non era prevedibile se tale virus avrebbe potuto acquisire rilevanza epidemiologica anche in altre aree geografiche. Inoltre, non è chiaro se i vaccini per norovirus attualmente in fase di sviluppo siano protettivi nei confronti del virus Kawasaki 2014 e se sia necessario rivedere il disegno dei vaccini. In Italia il ceppo Kawasaki 2014 è stato identificato nel Febbraio 2015 in due bambini ospedalizzati per gastroenterite e sembra avere acquisito carattere epidemico nella popolazione pediatrica nel corso della stagione invernale 2015-2016, sulla base dei dati di sorveglianza ospedaliera generati dalla rete ISGEV (Italian Study Group for Enteric Viruses).

Nel presente studio si riportano dati di sorveglianza ambientale che confermano la circolazione del virus Kawasaki 2014 in Italia nel corso del 2015. Campioni di molluschi (n=40), di acque di mare da zone di produzione (n=39) e di acque di scarico (n=29) sono stati raccolti in Campania nel corso del 2015 e sono stati analizzati per Norovirus GII utilizzando coppie di primer broad range (COG2F_G2SKR/ G2SKF_G2SKR). Il sequenziamento genico ha evidenziato la presenza di molteplici genotipi di Norovirus nei molluschi (GII.4, GII.2, GII.6, GII.12) e del genotipo GII.17 in 3 campioni, le cui sequenze hanno mostrato identità del 99-100% con il ceppo italiano PR668/2015/ITA identificato nel 2015. Nessuna positività per GII.17 è stata identificata con tale approccio analitico nei campioni di acque (in cui sono stati invece rilevati i genotipi GII.1, GII.2, GII.4 e GII.6). Poiché in presenza simultanea di più genotipi in un campione (condizione frequente in campioni di molluschi o di acque), il sequenziamento diretto del prodotto PCR mette in evidenza la sequenza prevalente nel campione o quella verso cui i primer mostrano maggiore affinità, al fine di rilevare l'eventuale presenza di stipiti GII.17 'nascosti' dai genotipi prevalenti, tutti i campioni positivi per norovirus GII sono stati ritestati con una nuova nested RT-PCR, specifica per norovirus GII.17. I primer sviluppati sono stati testati su un panel di 21 genotipi di norovirus GI e GII, oltre a feci di pazienti pediatrici positive per norovirus GII.17 per valutarne la specificità. Oltre ai 3 campioni già identificati mediante primer broad range, è stato così possibile identificare la presenza di norovirus GII.17 in altri 17 campioni di molluschi ed in un campione di acqua di scarico sottocosta, in cui precedentemente erano stati evidenziati norovirus di genotipi diversi.

Il presente studio ha rivelato che il genotipo di norovirus GII.17 è diffuso a livello ambientale nel nostro territorio, essendo rilevabile sia nei molluschi bivalvi che nelle acque di scarico, confermando i dati generati dalla sorveglianza ospedaliera. Questi dati sottolineano l'importanza di monitorare l'epidemiologia dei virus enterici con approccio integrato e la necessità di aggiornare prontamente gli strumenti diagnostici.

