ISTITUTO ZOOPROFILATTICO SPERIMENTALE DEL PIEMONTE, LIGURIA E VALLE D'AOSTA
IZSTO
istituto per le piante da legno e l'ambiente ipla spa
società controllata dalla Regione Piemonte

CULICIDI VETTORI DI FLAVIVIRUS: IL SISTEMA DI SORVEGLIANZA IN PIEMONTE

Desiato Rosanna (a), Radaelli Maria Cristina (a), Bertolini Silvia (a), Vitale Nicoletta (a), Pautasso Alessandra (a), Maurella Cristiana (a), Ru Giuseppe (a), Rizzo Francesca (a), Mandola Maria Lucia (a), Prearo Marino (a), Mosca Andrea (b), Masoero Loretta (a), Casalone Cristina (a), Chiavacci Laura (a)
(a) Istituto Zooprofilattico Sperimentale del Piemonte, Liguria e Valle d'Aosta, Torino; (b) IPLA, Torino

INTRODUZIONE

Globalizzazione e cambiamenti climatici hanno aumentato negli ultimi anni in Europa il rischio di introduzione e diffusione di patologie virali trasmesse da vettori.
In Italia è stata registrata di recente l'introduzione di 3 tra i principali virus trasmessi da vettori di origine tropicale: West Nile virus (WNV, fig. 1), Usutu virus (USUV) e Chikungunya virus (CHIKV). Il Piemonte, pur essendo ancora indenne da casi clinici umani e animali di malattie da vettore, confina con aree in cui tali patologie sono già state ripetutamente rilevate (Camargue con WNV, Emilia Romagna WNV e CHIKV e Lombardia dove nel Parco fluviale del Ticino è stata dimostrata la presenza di Tahyna virus (TV) e Batai virus (BV)). Per questo motivo si è deciso di attivare un sistema di sorveglianza ad ampio raggio, diretto alla valutazione della reale diffusione di vettori sul territorio e alla rilevazione di eventuali circolazioni virali non connesse direttamente a casi clinici manifesti.
Lo scopo di questo lavoro è quello di presentare i risultati del primo anno di attività del sistema di sorveglianza attuato in Piemonte.

MATERIALI E METODI

Il sistema è stato attivato a partire dal 2011 ed include le seguenti attività:
Sorveglianza entomologica attiva: il territorio regionale situato al di sotto dei 600 m s.l.m. è stato suddiviso tramite una griglia virtuale in 42 celle 20x20 km in cui sono state posizionate e georeferenziate 50 trappole attrattive (CDC modificate) con ghiaccio secco per la cattura di zanzare (fig. 2). Le catture si sono svolte nelle ore notturne, con frequenza settimanale o quindicinale nel periodo compreso tra maggio e settembre per le zanzare catturate è stata adottata l'identificazione di specie sulla base di criteri morfologici (Stojanovich et al., 1997, Romi et al., 2009).
Sorveglianza virologica: sulla base di fattori di rischio (prossimità di aree umide, vicinanza ad aeroporti, presenza di avifauna migratoria) sono state selezionate 16 trappole (fig. 3) in cui i vettori catturati sono stati identificati, raggruppati in pool per un massimo di 200 soggetti suddivisi per specie e sottoposti a diagnostica virologica per la ricerca di Flavivirus (RT PCR che identifica la regione NS5 del genoma virale, Scaramozzino et al., 2001).

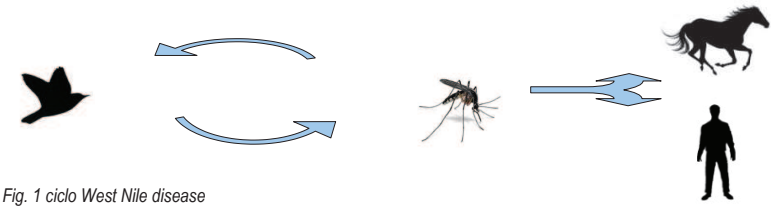

Fig. 1 ciclo West Nile disease

Fig. 2 trappola CDC modificata per la cattura delle zanzare adulte.

RISULTATI

La sorveglianza entomologica attiva ha permesso di catturare e identificare 45.842 zanzare in 683 sessioni di cattura (fig. 4). Le zanzare appartenevano a 5 generi (*Aedes, Anopheles, Culex, Culiseta, Ochlerotatus*) all'interno dei quali le specie maggiormente rappresentate sono state: (1) *Culex pipiens* (48.8%); (2) *Ochlerotatus caspius* (33.4%); (3) *Culex modestus* (11.3%). Il 99.9% delle zanzare catturate è stato ricondotto a specie ad elevata e media competenza vettoriale. La sorveglianza virologica è stata effettuata su 7.833 zanzare raggruppate in 266 pool. Le ricerche effettuate hanno permesso di rilevare 4 positività (fig. 5) per: (1) USUV in un pool di *Culex pipiens* catturati il 15/09/11: (1/266, 0.38% (IC95%: 0.01%-2.1%)); (2) mosquito flavivirus (Mo Flav) in 3 pool rispettivamente: 2 di *Ochlerotatus caspius* e 1 di *Culex pipiens* provenienti da un'unica cattura effettuata il 4/08/11 (3/266, 1.13% (IC95%: 0.3%-2.3%)). L'indagine filogenetica ha dimostrato l'appartenenza della sequenza di USUV al cluster identificato in Austria nel 2004, responsabile di una grave moria di corvidi, mentre per Mo Flav, si tratta di una sequenza ad elevata affinità per il gruppo antigenico Mosquito Borne Viruses, con potenziale zoonosico.

Fig.3 localizzazione delle trappole

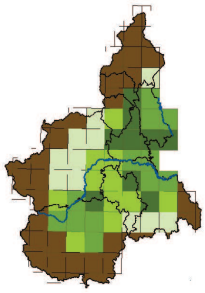

Fig. 4 numero medio di zanzare catturate per cella

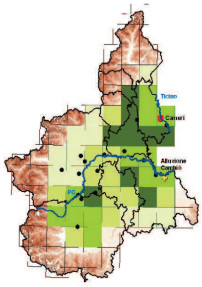

Fig. 5 localizzazione delle trappole positive

DISCUSSIONE E CONCLUSIONI

I risultati del presente lavoro evidenziando la diffusione di specie di culicidi ad alta competenza vettoriale in Piemonte. L'applicazione dei criteri risk based durante la pianificazione della sorveglianza virologica ha permesso di rilevare le positività proprio nelle aree identificate a rischio, e in assenza di casi clinici negli animali o nell'uomo. Il mantenimento di questo sistema di sorveglianza per i prossimi anni consentirà di evidenziare precocemente l'introduzione di nuovi vettori e l'eventuale circolazione di arbovirus, e di acquisire dati utili alla pianificazione delle attività di prevenzione e controllo in un'ottica basata sul rischio.

Ringraziamenti:
si ringraziano tutti i referenti e i tecnici dei progetti di lotta alle zanzare attivi in Piemonte e tutti i collaboratori dell'attività di sorveglianza.
Questo studio è stato finanziato dal Ministero della Salute

Vettori di malattia e mutamenti climatici, 5 ottobre 2012, Torino