



*Pubblicato su PLOS ONE uno studio dell'Università Statale di Milano che ricostruisce l'origine e le modalità di diffusione dell'epidemia del West Nile Virus-2 in Europa: in Italia, paese più colpito in Europa, l'infezione trasmessa dalle zanzare si espande seguendo il corso del Po e dei suoi affluenti*



Milano, 7 luglio 2017 - Nel 1999 un nuovo virus trasmesso da zanzare fa la sua improvvisa comparsa nel continente americano, causando un'epidemia nella città di New York. Nel giro di pochi anni diventerà endemico in tutto il continente, dal Canada al Venezuela, causando nei soli Stati Uniti circa 20.000 casi di malattia neuro invasiva e più di 2.000 decessi.

Il responsabile di tutto questo è il virus del Nilo Occidentale, che prende il nome dal distretto dell'Uganda dove è stato isolato per la prima volta nel 1937. Uomini, cavalli e altri mammiferi possono essere accidentalmente infettati da zanzare che si sono precedentemente nutrite col sangue di uccelli infetti, che rappresentano il vero serbatoio del virus.

L'infezione umana è asintomatica nell'80% dei casi, ma può causare febbre e - in circa un caso su 150 - una meningo-encefalite frequentemente mortale, soprattutto nei pazienti anziani.

In Europa West Nile era noto per essere stato isolato in animali e in casi umani sporadici fino dagli anni '60 e per aver causato nel 1996 un'epidemia in Romania, durante la quale erano stati segnalati i primi casi di malattia neuro invasiva, di cui era risultato responsabile il lignaggio 1 del virus (WNV-1).

Col nuovo secolo, lo scenario cambia. Nel 2004, per la prima volta fuori dall'Africa, una variante diversa dello stesso virus, denominata WNV-2, viene isolata in uccelli selvatici catturati in Ungheria. WNV-2 si diffonde rapidamente verso sud-est, nella penisola Balcanica e nel Mediterraneo Orientale: nel 2010 causa una grave epidemia nel Nord della Grecia e successivamente penetra anche in Italia, che dal 2015 è il paese europeo col maggior numero di casi segnalati all'anno.

La ricerca svolta del team di Gianguglielmo Zehender, professore presso il Laboratorio di Malattie Infettive dell'Università degli Studi di Milano, in collaborazione con le Università di Padova e Pavia, e gli Istituti Zooprofilattici di Lombardia, Emilia Romagna e Veneto, rappresenta una delle prime applicazioni in Italia delle tecniche di analisi filogenetica avanzata.

Grazie alla caratterizzazione della sequenza di virus isolati in Italia e a competenze peculiari dell'Università Statale di Milano nella ricostruzione su base filogenetica dell'origine e diffusione di patogeni emergenti, è stato possibile fornire informazioni utili a contrastare l'ulteriore diffusione dell'infezione.

Per la prevenzione della trasmissione trasfusionale di WNV in Italia dal 2008 è in atto un piano di sorveglianza nazionale, che prevede la ricerca sistematica, tra giugno e ottobre, del virus in campioni di zanzare e animali sentinella (uccelli e cavalli).

“Dopo il suo ingresso in Ungheria nel 2004, si ipotizza che WNV-2 abbia raggiunto il nostro Paese intorno al 2008, quattro anni prima del suo primo isolamento in ospiti umani. Il luogo di ingresso è stato stimato in un'area compresa tra l'Adriatico e la valle centrale del Po. Da qui, il virus si sarebbe diffuso lungo l'asse del maggior fiume Italiano: verso Est raggiungendo il delta del Po e il Veneto e verso Ovest, penetrando in Lombardia e in Piemonte. Nella stagione passata (2016) l'epidemia sembra essersi diretta verso sud, lungo il corso dei principali affluenti del Po, frequente tappa di uccelli migratori, potenziali serbatoi dell'infezione – osserva Gianguglielmo Zehender – mentre per la nuova stagione estivo-autunnale, appena iniziata, non si sono ancora palesate segnalazioni dagli animali sentinella”.