



Resoconto dell'attività di sorveglianza nell'avifauna selvatica italiana svolta nel corso del 2007



Di seguito sono riportati i risultati dell'attività di sorveglianza per l'influenza aviaria nell'avifauna. I dati si riferiscono ai campioni raccolti nelle principali aree umide italiane nel corso del 2007 secondo le modalità concordate con il Ministero della Salute, l'Istituto Nazionale per la Fauna Selvatica (INFS) ed il CERMAS.

I campioni esaminati sono stati in prevalenza tamponi cloacali e tamponi oro-faringei/tracheali, in minor misura feci, organi e sangue. In molti casi, al fine di aumentare la sensibilità del campionamento, sono stati effettuati sullo stesso soggetto sia tamponi tracheali che cloacali. I campioni sono stati raccolti da differenti specie appartenenti soprattutto all'ordine degli Anseriformi e dei Caradriiformi catturati o abbattuti durante la normale attività venatoria.

Di 7.652 soggetti esaminati 162 sono risultati positivi in Real time RT-PCR o RT-PCR (2,1%) per virus influenzali di tipo A. Nel complesso, nel corso del 2007, sono stati isolati, da volatili acquatici migratori e stanziali appartenenti all'Ordine degli Anseriformi (vedi tabella 3), 47 virus influenzali a bassa patogenicità appartenenti a 17 differenti sottotipi (7x H1N1, 1x H2N5, 1x H2N6, 2x H2N3, 1x H3N1, 7x H3N8, 3x H4N6, 7x H5N2, 2x H5N3, 1x H5N8, 1x H6N5, 1x H7N1, 5x H7N3, 2x H9N2, 2x H10N1, 2x H10N7, 2x H11N9). Un virus è stato isolato da uccelli dell'Ordine dei Caradriiformi (1 H13N8 da Gabbiano comune).

Non è stata rilevata la circolazione di virus ad alta patogenicità (HPAI) nelle aree campionate.

Tabella 1: Riepilogo dei campioni esaminati nei diversi periodi del 2007

Periodo		Origine campioni	N. soggetti campionati	N. campioni esaminati	Totale campioni esaminati	Totale soggetti esaminati
PRIMO	Gennaio - marzo	IZSVE*	2754	2371	3318	2829
		Altri Istituti**	564	458		
SECONDO	Aprile - giugno	IZSVE	1005	664	1426	1057
		Altri Istituti	421	393		
TERZO	Luglio - settembre	IZSVE	1199	1176	1771	1590
		Altri Istituti	572	414		
QUARTO	Ottobre - dicembre	IZSVE	3231	1897	3640	2176
		Altri Istituti	409	279		
TOTALE					10.155	7.652

*Sono compresi campioni analizzati presso l'IZS delle Venezie raccolti dall'Istituto Nazionale per la Fauna Selvatica nelle seguenti regioni: Veneto, Trentino Alto Adige, Friuli Venezia Giulia, Emilia-Romagna, Toscana, Lombardia, Marche, Sardegna.

Tabella 2: Origine dei campioni esaminati

Periodo	Ente	N. campioni esaminati	N. soggetti esaminati
Gennaio-marzo	IZS Lazio e Toscana	215	175
	IZS Lombardia ed Emilia-Romagna	94	93
	IZS Piemonte, Liguria e V. D'Aosta	87	86
	IZS Puglia e Basilicata	26	26
	IZS- Sardegna	1	1
	IZS-Sicilia	20	15
	IZS Umbria e Marche	121	62
	IZS delle Venezie	2754	2371
Aprile-giugno	IZS Lazio e Toscana	200	197
	IZS Lombardia ed Emilia-Romagna	23	23
	IZS -Mezzogiorno	14	14
	IZS Piemonte, Liguria e V. D'Aosta	138	138
	IZS-Sicilia	38	14
	IZS Umbria e Marche	8	7
	IZS delle Venezie	1005	664
Luglio-settembre	IZS Lazio e Toscana	67	65
	IZS Lombardia ed Emilia-Romagna	21	21
	IZS -Mezzogiorno	4	4
	IZS Piemonte, Liguria e V. D'Aosta	202	177
	IZS- Sardegna	18	18
	IZS-Sicilia	254	123
	IZS Umbria e Marche	6	6
	IZS delle Venezie	1199	1176
Ottobre-dicembre	IZS Lazio e Toscana	48	43
	IZS Lombardia ed Emilia-Romagna	35	26
	IZS -Mezzogiorno	4	4
	IZS Piemonte, Liguria e V. D'Aosta	80	73
	IZS Puglia e Basilicata	117	58
	IZS- Sardegna	1	1
	IZS-Sicilia	120	70
	IZS Umbria e Marche	4	4
	IZS delle Venezie	3231	1897
	Totale	10.155	7.652



Analisi filogenetica dei ceppi H7 e H5 isolati da uccelli selvatici in Italia nel 2007

H7

Analisi filogenetica

L'analisi filogenetica effettuata sulla sequenza completa del gene HA ha evidenziato una stretta correlazione (omologia di sequenza compresa tra il 99,1% e il 99,8%) tra i ceppi A/mallard/Italy/6103-5/2007 (H7N1), A/mallard/Italy/6103-12/2007 (H7N3) e A/shoveler/Italy/6323-11/2007 (H7N3) isolati da uccelli selvatici nel corso del 2007.

Questi ceppi, isolati nel periodo invernale, hanno una bassa omologia di sequenza (95,2%-95,7%) con il campione A/mallard/Italy/1336/2007 (H7N3) isolato nel corso della primavera del 2007.

Infatti, mentre i ceppi A/mallard/Italy/6103-5/2007 (H7N1), A/mallard/Italy/6103-12/2007 (H7N3) e A/shoveler/Italy/6323-11/2007 (H7N3) formano un cluster con i virus H7N7 isolati da uccelli selvatici in Italia nel 2006 (omologia compresa tra 97,4%-98,3%), il ceppo A/mallard/Italy/1336/2007 presenta una maggiore omologia (97,5%) con i virus H7N3 A/mallard/Italy/33/2001 e A/mallard/Italy/43/2001 (isolati da germani selvatici in Toscana nel 2001) e forma un cluster con i ceppi H7N3 isolati da volatili domestici nel comune di S. Maria di Sala (VE) il 24/05/07: A/chicken/Italy/2837-54/2007 e A/chicken/Italy/2837-58/2007 (omologia rispettivamente del 97,3%-97%), con il ceppo inglese A/chicken/England/4054/2006 e con i virus H7N7 isolati in Italia nel 2004 (omologia compresa tra 96,5% e il 100%).

Le sequenze del gene codificante per la neuraminidasi (NA) ottenute per i ceppi A/shoveler/Italy/6323-11/2007 e A/mallard/Italy/6103-12/2007 presentano tra loro un'omologia del 99,8% e sono strettamente correlate (omologia compresa tra 97,7% e il 98,4%) con ceppi H5N3 isolati in Italia e Francia tra il 2000 e il 2005 e con il virus H7N3 A/chicken/Italy/2837-54/2007 (isolato nel comune di S. Maria di Sala (VE) il 24/05/07).

In conclusione dall'analisi filogenetica non è stata evidenziata nessuna significativa correlazione tra i ceppi H7 isolati nel corso del 2007 da volatili selvatici e quelli isolati da uccelli domestici (omologia inferiore al 94% per il gene HA), ad eccezione dei ceppi A/chicken/Italy/2837-54/2007 e A/chicken/Italy/2837-58/2007 che, come detto precedentemente, hanno riportato una percentuale di omologia più elevata e (pari al 97%) con il ceppo isolato da germani selvatici A/mallard/Italy/1336/2007.

Nei ceppi isolati nel 2007 il gene che codifica per l'HA non possiede i siti di glicosilazione addizionali (posizione 133 e 158, numerazione sulla base della sequenza degli H3).

Non sono state osservate differenze nella sequenza aminoacidica a livello del sito recettoriale rispetto ad altri ceppi H7.



La sequenza aminoacidica a livello del sito di clivaggio è quella tipica dei virus LPAI (PEIPKGR*GLF). Il gene che codifica per l'NA dei ceppi in analisi non possiede la stalk deletion o sostituzioni aminoacidiche responsabili della resistenza verso gli inibitori della neuroaminidasi.

H5

Analisi filogenetica

Dall'analisi filogenetica della sequenza completa del gene HA è stato osservato che i virus H5 LPAI isolati nel corso del 2007 in Italia da volatili selvatici formano un cluster con ceppi H5N2 e H5N3 isolati da uccelli selvatici in Europa nel 2004-2005.

In particolare i ceppi A/mallard/Italy/5582-21/2007 (H5N2) e A/mallard/Italy/5582-31/2007 (H5N2) sono strettamente correlati tra loro e con il ceppo isolato da anatre domestiche A/duck/Italy/4445/2007 in provincia di Ravenna il 14 agosto 2007 (omologia di sequenza compresa tra il 99,8% e il 99,9%) a testimonianza di una recente introduzione di questo virus a partire dal serbatoio selvatico.

Una minore omologia di sequenza è stata osservata con i ceppi A/mallard/Italy/5366/2007 e A/mallard/Italy/6514-9/2007 (H5N3) (rispettivamente del 97,9% e del 96,3%).

Analisi della sequenza aminoacidica

Dall'analisi della sequenza aminoacidica del gene HA dei ceppi analizzati non sono state osservate mutazioni a livello del sito recettoriale e i siti di glicosilazione sono conservati.

La sequenza aminoacidica a livello del sito di clivaggio è quella tipica dei virus LPAI (PQRETR*GLF).

Il gene NA non presenta la stalk deletion e dall'analisi della sequenza aminoacidiche non sono state osservate mutazioni che determinano la resistenza agli inibitori della neuroaminidasi.

Nella sequenza del gene NA dei campioni H5N2 A/mallard/Italy/5582-21/2007 e A/mallard/Italy/5582-31/2007 sono assenti due siti di glicosilazione (posizione 70 e 86, numerazione sulla base della sequenza degli N2) presenti in molti altri ceppi dello stesso sottotipo.

Tabella 3: Sottotipi virali isolati e specie positive all'isolamento virale

SPECIE	SOTTOTIPO E N. CEPPI VIRALI ISOLATI																		
	H10N1	H10N7	H11N9	H13N8	H1N1	H2N3	H2N5	H2N6	H3N1	H3N8	H4N6	H5N2 LPAI	H5N3 LPAI	H5N8 LPAI	H6N5	H7N1 LPAI	H7N3 LPAI	H9N2	Totale soggetti positivi
CIGNO REALE (<i>Cignus olor</i>)										1									1
FISCHIONE (<i>Anas penelope</i>)		1													1				2
GERMANO REALE (<i>Anas platyrhynchos</i>)	2	1	2		5	1	1	1	1	6	1	5	2	1		1	3	2	35
MARZAIOLA (<i>Anas querquedula</i>)											1								1
GABBIANO COMUNE (<i>Larus ridibundus</i>)				1															1
CIGNO NERO (<i>Cignus atratus</i>)												2							2
ALZAVOLA (<i>Anas crecca</i>)					2	1													3
MESTOLONE (<i>Anas clypeata</i>)											1						2		3
Totale complessivo	2	2	2	1	7	2	1	1	1	7	3	7	2	1	1	1	5	2	48