

Ricerca corrente IZSve 14/09 Dinamiche epidemiologiche ed evolutive dell'influenza aviaria.

Responsabile scientifico: dott.ssa Isabella Monne

Abstract

Il miglioramento delle tecnologie per il sequenziamento genetico e la disponibilità di strumenti di calcolo sempre più potenti e sofisticati hanno permesso di riconoscere nel genoma dei patogeni un importante strumento per lo studio epidemiologico-evolutivo delle infezioni. Questa evidenza è particolarmente significativa per i virus ad RNA che si caratterizzano per la rapidità di evoluzione e per la conseguente caratteristica di tenere traccia della loro storia evolutiva nel proprio materiale genetico. Il virus dell'Influenza Aviaria (IA) è un virus a RNA segmentato e si caratterizza per un'estrema variabilità genetica e antigenica in gran parte dovuta a meccanismi evolutivi quali il drift antigenico (mutazioni puntiformi) e il riassortimento genico o shift antigenico. La capacità di questo virus di mutare ed evolvere gioca un ruolo cruciale nelle epidemie e nel verificarsi di eventi pandemici nella popolazione umana. Nell'ultimo decennio, numerosi strumenti bioinformatici sono stati sviluppati e utilizzati per lo studio di grandi set di dati genetici ottenuti da patogeni umani e zoonosici (Gilbert et al., 2007, Rambaut et al, 2008; Talbi et al., 2009). Proprio questi studi hanno avuto il merito di identificare nel patrimonio genetico dei patogeni una fonte straordinaria di informazioni epidemiologiche. L'approccio genetico per descrivere i processi evolutivi ed epidemiologici delle recenti epidemie causate da virus influenzali aviari nei volatili è stato finora raramente e solo marginalmente utilizzato (Vijaykrishna et al., 2008). E' quindi importante considerare la possibilità di aumentare e rafforzare le informazioni epidemiologiche ed evolutive, ad oggi disponibili, sulle recenti epidemie influenzali nei volatili ricorrendo ai nuovi strumenti messi a disposizione dalle tecnologie di sequenziamento, dalla statistica e dalla bioinformatica. Il presente studio si pone anzitutto l'obiettivo di incrementare il numero di sequenze genetiche disponibili per i

virus influenzali aviari di sottotipo notificabile (2005/94/EC) coinvolti in alcuni dei più importanti eventi epidemici dell'ultimo decennio. A tal scopo il genoma di circa 250 virus di influenza aviaria isolati nel corso di distinte epidemie influenzali verrà sequenziato totalmente e i dati genetici ottenuti da ogni distinta emergenza epidemica verranno utilizzati come caso studio nelle analisi bioinformatiche. L'applicazione di sofisticati modelli statistici per lo studio delle dinamiche evolutive consentirà di valutare l'impatto dell'analisi genetica, compiuta su grandi numeri di sequenze, sulla comprensione dell'evoluzione, l'epidemiologia e la patogenesi di questo virus ad RNA. Importanti quesiti tuttora in gran parte irrisolti e relativi al tempo di introduzione e di trasmissione dei virus influenzali, alle specie e alle aree geografiche interessate nella loro comparsa e diffusione verranno indirizzati nel presente progetto.