

Ricerca corrente IZS VE 12/15

Norovirus: verso una migliore comprensione della loro circolazione nella popolazione suina del Nord Est

Responsabile Scientifico: Maria Serena Beato

A livello mondiale più del 90% delle gastroenteriti non batteriche nell'uomo sono causate da Norovirus. In particolare negli Stati Uniti è stato stimato che circa 23 milioni di casi di gastroenterite nell'uomo sono attribuibili a infezioni da Norovirus e che questa infezione contribuisce all'ospedalizzazione di circa 70.000 persone l'anno con circa 800 decessi [1,2].

I norovirus sono suddivisi in 5 genogruppi comprendenti circa 30 diversi genotipi. I virus appartenenti ai gruppi GI, GII e GIV sono responsabili di gastroenteriti nell'uomo [3,4]. La trasmissione avviene attraverso il contatto con persone infette che possono eliminare il virus attraverso le feci sia prima dell'insorgenza della sintomatologia sia nei 3 giorni successivi la remissione dei sintomi [3].

Il cibo contaminato durante le fasi di preparazione, verdure contaminate a seguito di irrigazione con acque contaminate, acqua contaminata, sono le principali fonti di infezione per l'uomo [5-7]. I vari genotipi virali appartenenti al GII sono i principali responsabili di casi umani di gastroenterite. In particolare, il genotipo 4 del genogruppo II (GII.4), e le varianti GII.4-2006a e GII.4-2006b, sono le varianti predominanti a livello globale [8]. L'identificazione nei suini in Giappone, Europa e America di Norovirus appartenenti al GII ha posto l'attenzione sul potenziale zoonosico dei Norovirus e sul ruolo del suino nell'epidemiologia di questa complessa infezione anche come fonte di nuovi genotipi pericolosi per l'uomo [9-11]. Attualmente in Italia sono assenti i dati sulla prevalenza di Norovirus nel serbatoio animale quale il suino ed è ancora da chiarire il suo ruolo zoonotico. Il presente progetto ha come obiettivo la realizzazione di un'indagine conoscitiva sulla prevalenza di Norovirus nella popolazione suina di Veneto e Friuli. Le informazioni che saranno generate potranno contribuire a comprendere il possibile ruolo zoonosico dei Norovirus suini e a generare dati preliminari da utilizzare per la valutazione del ruolo zoonosico del suino e il rischio che questa specie animale rappresenta nel determinare fenomeni di sindromi gastroenteriche nell'uomo.

Bibliografia

- [1] Bank-Wolf BR, König M, Thiel HJ. Zoonotic aspects of infections with noroviruses and sapoviruses. *Vet Microbiol* 2010;140(3-4):204-12.
- [2] Belliot G, Lopman BA, Ambert-Balay K, Pothier P. The burden of norovirus gastroenteritis: an important foodborne and healthcare-related infection. *Clin Microbiol Infect* 2014;20(8):724-30.
- [3] de Rougemont A, Ambert-Balay K, Belliot G, Pothier P. Norovirus infections: an overview. *Med Sci (Paris)* 2010;26(1):73-8.
- [4] Wilhelm B, Waddell L, Greig J, Rajic A, Houde A, McEwen SA. A scoping review of the evidence for public health risks of three emerging potentially zoonotic viruses: hepatitis E virus, norovirus, and rotavirus. *Prev Vet Med* 2015;119(1-2):61-79.

- [5] Nenonen NP, Hannoun C, Horal P, Hernroth B, Bergstrom T. Tracing of norovirus outbreak strains in mussels collected near sewage effluents. *Appl Environ Microbiol* 2008;74(8):2544-9.
- [6] Nenonen NP, Hannoun C, Olsson MB, Bergstrom T. Molecular analysis of an oyster-related norovirus outbreak. *J Clin Virol* 2009;45(2):105-8.
- [7] Verhoef L, Kouyos RD, Vennema H, Kroneman A, Siebenga J, van Pelt W et al. An integrated approach to identifying international foodborne norovirus outbreaks. *Emerg Infect Dis* 2011;17(3):412-8.
- [8] Zhang J, Shen Z, Zhu Z, Zhang W, Chen H, Qian F et al. Genotype distribution of norovirus around the emergence of Sydney_2012 and the antigenic drift of contemporary GII.4 epidemic strains. *J Clin Virol* 2015;72:95-101.
- [9] Machnowska P, Ellerbroek L, Johne R. Detection and characterization of potentially zoonotic viruses in faeces of pigs at slaughter in Germany. *Vet Microbiol* 2014;168(1):60-8.
- [10] Scheuer KA, Oka T, Hoet AE, Gebreyes WA, Molla BZ, Saif LJ et al. Prevalence of porcine noroviruses, molecular characterization of emerging porcine sapoviruses from finisher swine in the United States, and unified classification scheme for sapoviruses. *J Clin Microbiol* 2013;51(7):2344-53.
- [11] Wilhelm B, Leblanc D, Houde A, Brassard J, Gagne MJ, Plante D et al. Survey of Canadian retail pork chops and pork livers for detection of hepatitis E virus, norovirus, and rotavirus using real time RT-PCR. *Int J Food Microbiol* 2014;185:33-40.