

## Ricerca corrente IZS VE 15/18

### Influenza suina: determinanti antigenici dei virus circolanti in Triveneto per il corretto controllo delle infezioni animali

**Responsabile scientifico: Alda Natale**

L'influenza di tipo A causa infezioni in diverse specie aviarie e di mammifero, incluso l'uomo. Il virus dell'influenza A è composto da 8 segmenti genici di RNA a singolo filamento negativo. Per la natura segmentata del genoma, i fenomeni di riassortimento genico sono molto frequenti e portano ad un significativo incremento della variabilità genotipica e fenotipica del virus.

Le proprietà antigeniche del virus sono determinate da due glicoproteine di membrana, l'emoagglutinina (HA) e la neuraminidasi (NA), e in base a queste vengono classificati i diversi ceppi virali in sierotipi. Gli eventi di riassortimento genico possono cambiare la combinazione degli HA ed NA esistenti portando alla generazione di nuovi genotipi, con caratteristiche fenotipiche nuove e sconosciute da un punto di vista immunologico all'uomo. Tutto ciò è alla base delle ondate pandemiche che ciclicamente si sono verificate a livello globale.

I virus appartenenti ai sierotipi H1N1, H1N2, H3N2 e H1N1 pandemico sono quelli che abitualmente si riscontrano nella popolazione suina. Più in dettaglio, i virus influenzali suini (SIV) circolanti in Europa sono: Euroasian avian-like H1N1 (avH1N1), human-like H1N2 (huH1N2), Human-like H3N2 e H1N1 di lineaggio pandemico (H1N1pdm), distinti in 25 genotipi (A-W).

L'attività di sorveglianza sindromica eseguita da IZSve in Veneto e Friuli Venezia Giulia, tra il 2013 al 2017 ha evidenziato la circolazione di 33 virus (8 H1N1, 23 H1N2, 2 H3N2) appartenenti a 8 differenti genotipi, di cui 6 precedentemente descritti in Europa (A, B, D, F, P e T) e 2 (X e Y), di nuova identificazione. L'analisi filogenetica dei virus H1 ha mostrato la loro appartenenza a 4 genotipi differenti: 1B.1.2.2 (huH1N2), 1A.3.3.2 (H1N1pdm), 1C.2 e 1C.2.1 (avH1N1 e H1N2). Inoltre sono stati identificati eventi di riassortimento con H1N1pdm, indicando un potenziale zoonosico.

La molteplicità di varianti genetiche identificate e la presenza di riassortanti con virus H1N1pdm, pone la necessità di continuare e consolidare l'attività di sorveglianza e caratterizzazione di SIV in Triveneto. Il controllo di questa infezione, principalmente basato sulla vaccinazione, risulta particolarmente complesso soprattutto in assenza di dati epidemiologici e antigenici dei SIV circolanti. Emerge quindi l'importanza di una raccolta di informazioni di tipo epidemiologico mediante un'apposita scheda. Le informazioni raccolte saranno riferibili ad aspetti rilevanti quali la tipologia di allevamento, l'età degli animali colpiti e la presenza di vaccinazione.

Gli obiettivi sono i seguenti:

- raccogliere informazioni anamnestiche in corso di sindromi respiratorie del suino per creare una base di dati utile ad individuare possibili fattori favorevoli la circolazione di SIV;
- caratterizzare geneticamente i SIV circolanti per identificare fenomeni di riassortimento con potenziale zoonosico nel Triveneto;
- determinare le relazioni antigeniche per creare mappe utili ad individuare SIV ampiamente cross-reattivi e utili candidati vaccinali. In assenza di dati sulle caratteristiche antigeniche di SIV in Europa e in Italia, la scelta di virus vaccinali operata finora, potrebbe rivelarsi parzialmente affidabile. Le mappe antigeniche costituiranno uno strumento nuovo per individuare SIV maggiormente cross

reattivi e aggiornare le informazioni sulle correlazioni antigeniche tra SIV circolanti, con impatto positivo sul principale sistema di controllo: la vaccinazione.

Il raggiungimento di tali obiettivi avrà ripercussione a lungo termine: sulla possibilità di sviluppare una scheda epidemiologica che funga da strumento per comprendere i meccanismi di introduzione, persistenza e diffusione dei SIV intra e inter allevamenti, sulla identificazione di allevamenti positivi da monitorare nel tempo e sulla identificazione di SIV con caratteristiche antigeniche adeguate per un utilizzo a fini diagnostici e di valutazione dell'efficacia vaccinale in vitro.