Sessione I - Sessione Congiunta AMCLI-SIM – Il Laboratorio di Microbiologia nel contesto della sanità pubblica: integrazione con i sistemi di sorveglianza e prevenzione vaccinale

LA SORVEGLIANZA DEL MORBILLO: L'ESPERIENZA DELLA REGIONE LOMBARDIA

F. Rovida [2], A. Piralla [2], A. Sarasini [2], A. Girello [2], F. Giardina [2], F. Baldanti [1]

[1]*Dipartimento di Scienze Clinico-Chirurgiche, Diagnostiche e Pediatriche, Università degli Studi di Pavia, Pavia, Italia; SS Virologia Molecolare, SC Microbiologia e Virologia, Fondazione IRCCS Policlinico San Matteo, Pavia, Italia*

[2]*SS Virologia Molecolare, SC Microbiologia e Virologia, Fondazione IRCCS Policlinico San Matteo, Pavia, Italia*

INTRODUZIONE-SCOPO: sin dall'inizio del 2017 una vasta epidemia di morbillo ha coinvolto l'Italia. Il nostro laboratorio, in qualità di Centro di Riferimento Regionale per la diagnosi e sorveglianza di morbillo e rosolia e di membro del network italiano MoRoNet, è impegnato nella valutazione di tutti i casi sospetti di morbillo della Regione Lombardia. Il nostro ruolo è quello di identificare e diagnosticare i casi di morbillo e determinarne il genotipo.

MATERIALI E METODI: i campioni di siero dei pazienti con sospetta infezione da virus del morbillo sono stati analizzati per valutare la presenza di specifici anticorpi IgM e IgG (LIAISON® Measles IgM and LIAISON® Measles IgG by DiaSorin S.p.A., Saluggia, Italia). Saliva ed urine, raccolte durante la fase sintomatica dell'infezione, sono state esaminate per determinare la presenza del genoma virale di morbillo con una specifica real-time RT-PCR che amplifica un porzione del gene N (nt:584-697). I campioni positivi mediante real-time RT-PCR sono stati amplificati mediante una Nested RT-PCR e sequenziati per determinarne il genotipo.

RISULTATI: nel periodo 2 Gennaio-31 Agosto 2017, presso il nostro centro sono stati valutati 393 casi sospetti di morbillo, di cui 270 (270/393, 69%) sono risultati positivi. Dei pazienti positivi l'età media era di 31 anni (range 21 giorni-65 anni). Di 150 casi di morbillo è stato possibile determinare il genotipo: 117 D8 (117/150, 78%), 20 B3 (20/150, 13%), 12 H1 (12/150, 8%), 1 ceppo vaccinale Edmonston (1/150, 1%). I 12 casi di morbillo genotipo H1 sono correlati allo stesso focolaio originatosi da un caso d'importazione. Il caso indice di questo focolaio di morbillo H1 è un uomo italiano di rientro da un viaggio in Myanmar e Thailandia e questo focolaio ha coinvolto 15 persone i due provincie lombarde confinanti.

CONCLUSIONI: i casi di morbillo diagnosticati presso il nostro Centro di Riferimento Regionale sono una parte della vasta epidemia di morbillo che ha coinvolto l'Italia e che dal 1 Gennaio al 24 Settembre 2017 risultano essere 4.575.