

CARATTERIZZAZIONE DEI VIRUS INFLUENZALI CIRCOLANTI IN TOSCANA NELLE STAGIONE EPIDEMICA 2014-2015

F. Corcioli³, R. Arvia³, N. Ciccone², N. Della Malva², A. Azzi¹

¹*Dipartimento di Medicina Sperimentale e Clinica, Università di Firenze; 2 Azienda Ospedaliero-Universitaria Careggi, SOD Microbiologia e Virologia*

²*Azienda Ospedaliero-Universitaria Careggi, SOD Microbiologia e Virologia*

³*Dipartimento di Medicina Sperimentale e Clinica, Università di Firenze*

INTRODUZIONE

Storicamente la sorveglianza dell'influenza si è sempre basata sul contributo dei "medici sentinella" per la segnalazione dei casi e la raccolta dei campioni respiratori, per individuare i virus in circolazione con il duplice scopo di contribuire a stabilire la composizione vaccinale per la stagione successiva e di monitorare l'efficacia della vaccinazione. Nella pandemia del 2009, è emersa l'importanza di includere nella sorveglianza anche la segnalazione di casi gravi di influenza e ora l'Organizzazione Mondiale della Sanità (OMS) raccomanda di effettuare la sorveglianza sia dei casi di malattia simil-influenzale (ILI) che dei casi di infezioni respiratorie acute gravi da virus influenzale (SARI). In base a queste indicazioni, anche in Toscana la sorveglianza virologica dell'Influenza nella stagione 2014-2015 è stata condotta analizzando sia i campioni respiratori di pazienti ambulatoriali (forniti dai medici sentinella) sia di pazienti ricoverati presso diversi reparti ospedalieri. In particolare, lo scopo di questo studio era quello di valutare, attraverso l'analisi molecolare dei virus individuati, l'efficacia della vaccinazione e l'eventuale associazione di particolari varianti virali con forme più gravi di malattia influenzale.

METODI

Complessivamente sono stati analizzati 660 campioni respiratori (tamponi faringei e lavaggi broncoalveolari o broncoaspirati), raccolti tra novembre 2014 e aprile 2015. Per l'individuazione dei virus influenzali di tipo A e B è stato usata una duplex Real Time PCR commerciale (BioMerieux). I campioni positivi per virus di tipo A sono stati sottotipizzati con una PCR Real Time in house, già descritta e in uso. Per i virus H3N2 è stata analizzata una breve sequenza dell'emoagglutinina per distinguere la variante vaccinale dalla variante A/Switzerland/9715293/2013 la cui circolazione era stata segnalata soprattutto negli Stati Uniti e, successivamente anche in Europa. Inoltre, tramite una specifica Real Time PCR, già descritta, è stato stabilito anche il lineaggio dei virus influenzali di tipo B individuati nello studio.

RISULTATI

Complessivamente sono stati individuati 160 virus influenzali di tipo A e solo 19 di tipo B. Il 51% dei virus di tipo A erano del sottotipo H1N1 del 2009, mentre il 49% era di sottotipo H3N2. Tutti i virus di tipo B sono risultati appartenenti al lineaggio B/Yamagata. La variante A/Texas/50/2012-like del sottotipo H3N2, quella inclusa nel vaccino, è risultata largamente predominante rispetto alla variante A/Switzerland/9715293/2013.

CONCLUSIONI

Nella stagione influenzale 2014-2015 i due sottotipi di virus A hanno co-circolato con prevalenza molto simile. Il sottotipo H1N1 è risultato più frequente nei pazienti ricoverati in terapia intensiva (TI). Tra i virus di sottotipo H3N2 individuati nei pazienti in TI è stata individuata solo la variante vaccinale.