

**CARATTERIZZAZIONE DELL'EPIDEMIA DA VIRUS DENGUE A DAR ES SALAAM - TANZANIA, 2014**

F. Carletti<sup>1</sup>, F. Vairo<sup>1</sup>, L.E. Mboera<sup>4</sup>, N. Oriyo<sup>4</sup>, P. De Nardo<sup>1</sup>, S.F. Rumisha<sup>4</sup>, S. Meschi<sup>1</sup>, A. Mhina<sup>4</sup>, E. Mwakapeje<sup>2</sup>, M.R. Capobianchi<sup>1</sup>, C. Castilletti<sup>1</sup>, F. Colavita<sup>1</sup>, P. Zaccaro<sup>1</sup>, C. Riwa<sup>3</sup>, A. Di Caro<sup>1</sup>, E. Nicastri<sup>1</sup>, M. Malecela<sup>4</sup>, G. Ippolito<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Istituto Nazionale per le Malattie Infettive "L. Spallanzani" IRCCS - Roma

<sup>2</sup>Ministry of Health and Social Welfare, Dar es Salaam, Tanzania

<sup>3</sup>National Health Laboratory Quality Assurance and Training Centre, Ministry of Health and Social Welfare, Dar es Salaam, Tanzania

<sup>4</sup>National Institute for Medical Research, Dar es Salaam, Tanzania

**INTRODUZIONE**

L'incidenza della febbre Dengue è cresciuta notevolmente in tutto il mondo negli ultimi decenni. Anche se la storia del virus della Dengue (DENV) in Africa è scarsamente documentata, i rapporti sulla malattia sono stati documentati sin dall'inizio del 20° secolo. In Africa orientale la febbre Dengue è stata riportata in Kenia, Repubblica Unita di Tanzania, Somalia, Gibuti e Comore. Durante il periodo febbraio-maggio 2014, la Tanzania ha sperimentato la più grande epidemia di febbre Dengue documentata fino ad oggi, con epicentro a Dar es Salaam. I casi confermati sono stati 1017 su 2121 tutti sulla terraferma, mentre a Zanzibar 1 caso confermato su 8 casi sospetti.

**METODI**

L'indagine è stata condotta a Dar es Salaam includendo aree urbane e peri-urbane scelte sulla base delle caratteristiche ecologiche, demografiche ed epidemiologiche. Tutti i pazienti febbrili ( $t > 37,5^{\circ}\text{C}$ ) registrati o segnalati dalle strutture sanitarie selezionate sono stati sottoposti a screening per malaria e DENV tramite test rapidi. I campioni dei pazienti positivi al test rapido per DENV (Ag o Ab) sono stati caratterizzati a livello molecolare tramite due PCR specifiche (E ed E-NS1) e sequenziati per successiva analisi filogenetica.

**RISULTATI**

Un totale di 483 pazienti sono stati testati per l'infezione da DENV. L'infezione acuta è stata diagnosticata in 101 pazienti febbrili (20.9%) e di questi, 62 (12,9%) sono risultati positivi ai test molecolari. L'analisi filogenetica ha evidenziato che l'epidemia è stata sostenuta da un Dengue virus 2 simile (99.8% di identità) ad un isolato cinese del 2014.

**CONCLUSIONI**

Abbiamo descritto un focolaio di febbre Dengue in Tanzania, considerando aspetti epidemiologici, clinici e virologici. Lo studio ha evidenziato associazioni con habitat urbano, il tipo di occupazione, l'età e le condizioni socio economiche come fattori di rischio per contrarre l'infezione da DENV. L'analisi filogenetica ha evidenziato che l'epidemia è stata sostenuta da un DENV tipo 2, genotipo Cosmopolitano, ad ampia diffusione, molto simile ai ceppi isolati in Cina, India, Indonesia, Timor Est e Singapore. E' molto probabile quindi che i continui viaggi tra l'Asia e la Tanzania abbiano introdotto il DENV2 in Tanzania, caratterizzata fino ad ora dalla circolazione del solo DENV3.