ID: 10244

BRUCELLOSI: ZOONOSI AMPIAMENTE SOTTOSTIMATA

G. Garofolo [1]

[1]*Centro di Referenza Nazionale e OIE per le brucellosi, Istituto Zooprofilattico Sperimentale dell'Abruzzo e del Molise "G. Caporale"*

Introduzione

La brucellosi è una zoonosi grave e molto diffusa che fa registrare all'incirca 500.000 casi l'anno in tutto il Mondo. Questa malattia grazie alla molteplicità di specie che può colpire e che sono il suo serbatoio naturale, crea anche notevoli danni alla zootecnia che si traducono in enormi perdite economiche. Attualmente la malattia si continua a registrare in Italia, nonostante i piani di controllo che si sono messi in campo negli ultimi anni. Negli ultimi due decenni si sono infatti registrati 8.483 casi umani; è però interessante notare che dal 1998 fino al 2010 l'incidenza della brucellosi umana è stata ridotta del 89%, fino a far registrare solo 8 casi nel corso del 2014. I dati sulla brucellosi nell'uomo per l'Italia, pubblicati dall'EFSA, suggeriscono come lo scarso numero di casi riportati sia in parte anche frutto di una mancata denuncia di questi alle autorità sanitarie centrali.

La malattia è diffusa nel bacino del Mediterraneo da secoli, ma lo studio delle varianti genetiche presenti è stato finora limitato. Determinare la struttura genetica di popolazione per Brucella in tutta Italia è di primaria importanza per supportare la valutazione del rischio, e per fornire dati per prevenirne la diffusione tutelando la salute pubblica. L' obiettivo dello studio qui presentato è stato quello di valutare la diversità genetica di Brucella con un approccio di Whole Genome Sequencing (WGS).

Materiali e Metodi

Trenta isolati provenienti da casi registrati in Italia di Brucella melitensis e B. abortus sono stati sequenziati con tecnologia Illumina. L'analisi delle sequenze ha incluso circa 400 genomi di B. abortus e 100 di B. melitensis presenti negli archivi pubblici GenBank, EMBL or DDBJ. L'analisi si è basata sulla ricerca degli SNPs usando strumenti bioinformatici implementati in un software sviluppato appositamente per l'analisi di genomi batterici. Questo algoritmo ha permesso di ripulire tutti gli SNPs di bassa qualità e ha generato un allineamento per la costruzione di un albero filogentico basato sul metodo della massima parsimonia.

Risultati

L'analisi genomica ha identificato circa 22.000 SNPs per B. melitensis e 9.000 per B. abortus. In entrambi i casi gli isolati italiani hanno costituito cluster genetici distinti rispetto agli isolati di diversa origine geografica. La popolazione di B. melitensis si è strutturata in gruppi genetici segregati per provenienza geografica e ha permesso di identificare i ceppi italiani come appartenenti ad un gruppo a prevalente diffusione nel centro del Mediterraneo. La popolazione di B. abortus, invece ha rilevato una struttura di popolazione meno correlata alla geografia con i ceppi italiani più simili a isolati euroasiatici.

Discussione e Conclusioni

Questo studio è un passo avanti nella comprensione della evoluzione di Brucella nel bacino del Mediterraneo, e dimostra l'utilità di analisi WGS a supporto di dati epidemiologici per analizzare la distribuzione e l'impatto di questa zoonosi negletta in tutte le regioni endemiche.