

# Il ruolo del laboratorio di riferimento regionale nell'identificazione dei casi sospetti di epatite A nel Ponente ligure

Il giovane igienista  
nella rete della sanità pubblica



Genova, CISeF Gaslini  
16 NOVEMBRE 2018



UNIVERSITÀ DEGLI STUDI  
DI GENOVA



OSPEDALE POLICLINICO SAN MARTINO  
Sistema Sanitario Regione Liguria  
*Istituto di Ricovero e Cura a Carattere Scientifico*

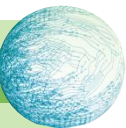


**Giulia Guarona**

*Dottoranda in Epidemiologia e  
profilassi di malattie prevenibili con  
vaccinazione*

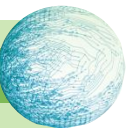
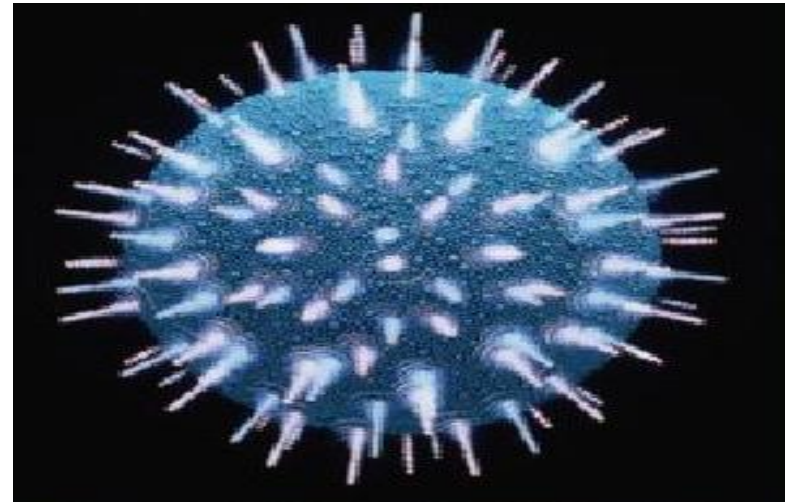
# Epatite A (HAV)

- Virus a RNA, famiglia *Picornaviridae*, classe *Hepatovirus*
- Via di trasmissione oro-fecale
- La specie umana è l'unico ospite naturale del virus
- Le sorgenti di infezione sono i malati in fase pre-itterica e i soggetti asintomatici nel periodo di incubazione
- La malattia ha un periodo di incubazione che va da 15 a 50 giorni e un decorso generalmente autolimitante e benigno



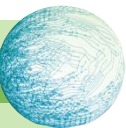
# Genoma

Il virione, del diametro di circa 30 nm, possiede un capsidico di forma icosaedrica che contiene il genoma costituito da RNA a singola elica con polarità positiva e composto da 7500 basi



# Fattori favorenti l'infezione

- I fattori favorenti l'infezione sono:
  - ✓ scarse condizioni igieniche e sovraffollamento
  - ✓ alimenti consumati crudi o contaminati dopo la cottura
  - ✓ viaggi in zone endemiche
- Diffusa in tutto il mondo in forma sia sporadica sia endemica



# Come si previene?

- Notifica obbligatoria (malattia di Classe II)
- Interventi di bonifica ambientale (acque)
- Educazione sanitaria
- **Vaccinazione**
- IgG pre e post-esposizione (entro 14 giorni)

## **Vaccino anti epatite A**

*Vaccino inattivato per adulti e bambini (intramuscolare)*

*2 dosi: al tempo 0 e 6 (12) mesi*

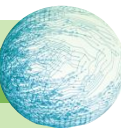
*Altamente immunogeno: elevata % di sieroconversione (tra il 98 e il 100% a 1 mese)*

*Nessuna controindicazione specifica*

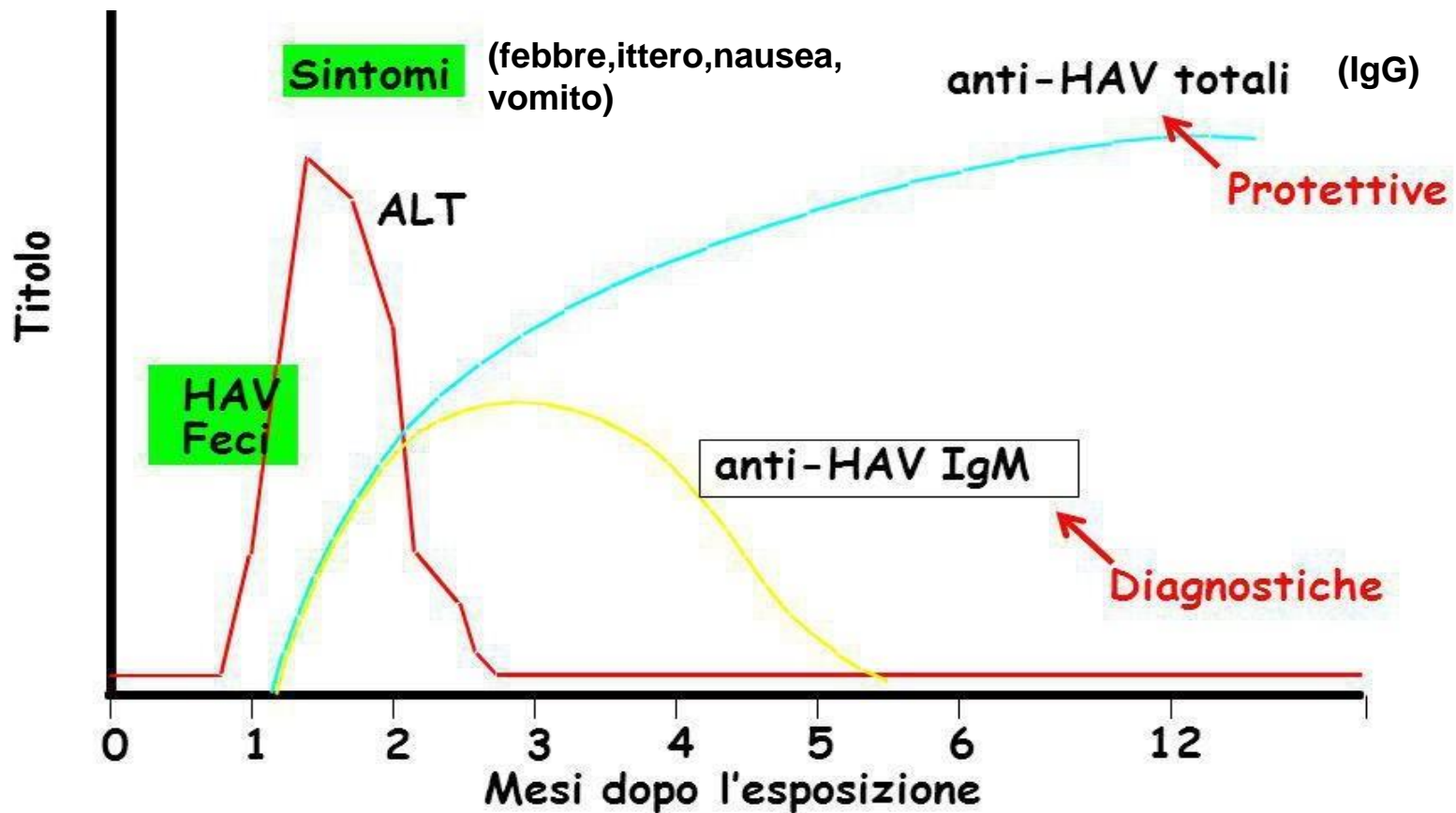
*Durata della protezione: 10-15 anni*

***Vaccinazione raccomandata per soggetti a rischio***

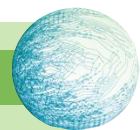
*a causa di: viaggi in zone endemiche per HAV, malattie epatiche, tossicodipendenza, omosessualità, ambienti di lavoro a rischio*





# Sierologia, virologia e sintomi dell'epatite da virus A

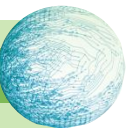


**INCUBAZIONE 15-50 GIORNI**



# Quali i test di laboratorio?

- Presenza di anticorpi IgM e IgG  Tramite test immunoenzimatico **ELISA**
- Presenza di RNA virale  Tramite **Real time PCR**



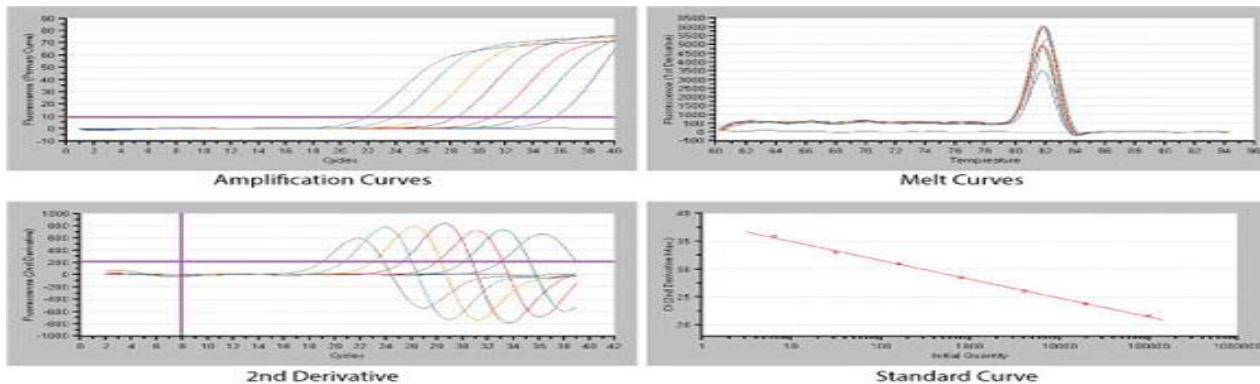
# Real-Time PCR



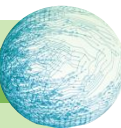
FECI filtrate  
200 µl di campione



MagCore Viral  
Nucleic Acid  
Extraction Kit



Real-TM PCR





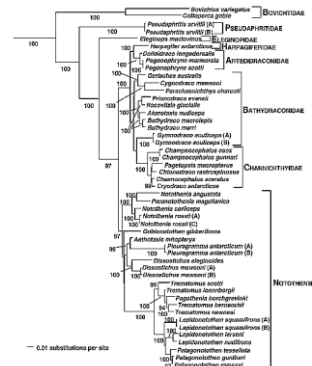
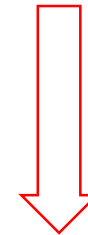
# Analisi delle sequenze

Per determinare il grado di variabilità genetica è stata effettuata l'amplificazione delle regioni VP1-VP2A

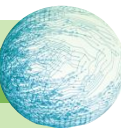
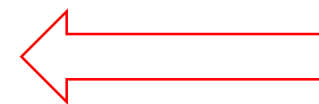
I dati epidemiologici vengono raccolti dai casi notificati dal sistema di sorveglianza regionale (SEIEVA)



Sequenziamento cDNA

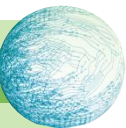


Albero filogenetico



# Risultati (1): dicembre 2016 - agosto 2018

- L'RNA del virus dell'epatite A è stato rilevato in **41/65** (63%) campioni, la maggior parte dei ceppi virali identificati (**40/41** - 97%) apparteneva al genotipo **IA**. Solo un campione è stato assegnato al genotipo **IB**.
- La prevalenza dei casi è stata registrata prevalentemente tra i soggetti di sesso maschile (84%) con un'età media di 44 anni.
- Sono stati identificati 2 gruppi epidemici di pazienti con contatti familiari.
- Per diversi pazienti, con stesse varianti molecolari del virus e con insorgenza clinica temporale e spaziale stretta, è stata suggerita una fonte comune di esposizione al virus.



# Risultati (2):

ANALISI  
MOLECOLARE DI  
41 CAMPIONI  
POSITIVI



CIRCOLAZIONE  
DI 5 CEPPI  
DIVERSI

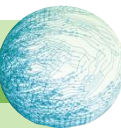
1  
33/41  
campioni  
identici ai  
ceppi  
relativi  
all'epidemia  
Europea tra  
MSM

2  
4/41  
campioni  
simili  
al focolaio tra  
MSM a  
Taiwan del  
2015

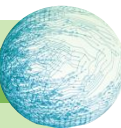
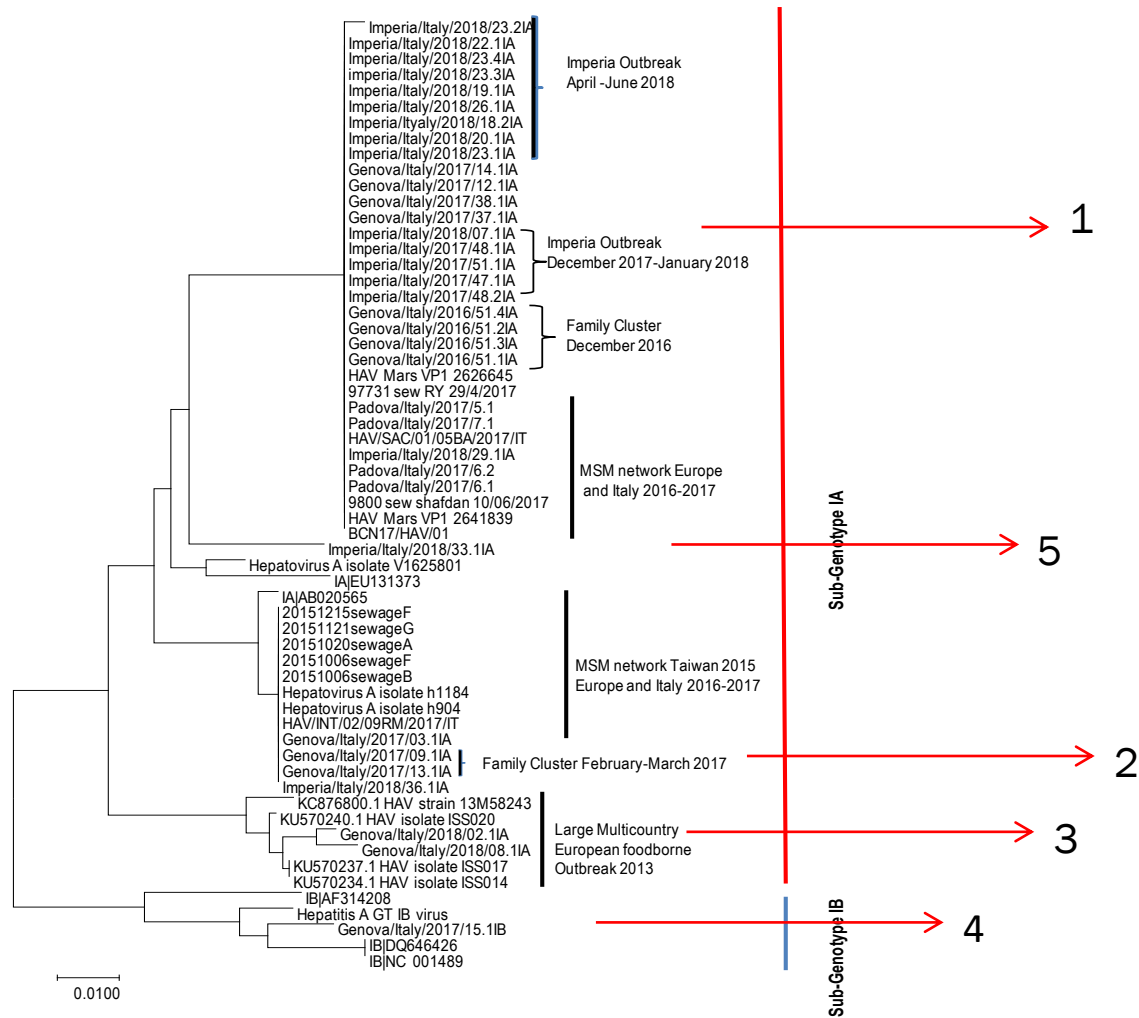
3  
2/41 campioni  
omologhi alle  
varianti relative a  
un'epidemia di  
origine alimentare  
del 2013

5  
1 caso  
sporadico  
omologo a  
una variante  
isolate nel  
Sud-Italia

4  
1 caso  
sporadico  
genotipo  
1B



# Analisi filogenetica



# Conclusioni



- Malattia non più endemica in Liguria
- I campioni analizzati evidenziano come le infezioni da HAV in Liguria siano causate da diverse varianti virali e non solamente dal ceppo virale responsabile dell'epidemia ad Imperia nel 2017
- Circolazione del virus rapida soprattutto tra MSM
- Risulta fondamentale l'attività di integrazione tra dati epidemiologici e dati molecolari al fine di definire le dinamiche di trasmissione e il monitoraggio territoriale dell'evoluzione virale

