

P.2 PRIMO REPORT 2014 DI INFLUENZA EQUINA (IE) IN ITALIA

Gian Luca Autorino, Antonella Cersini, Raffaele Frontoso, Roberta Giordani, Silvia Gregnanini, Raniero Lorenzetti, Giuseppe Manna, Francesca Rosone, Maria Teresa Scicluna

Istituto Zooprofilattico Sperimentale delle Regioni Lazio e Toscana, Roma

Nella popolazione equina europea, le Epidemie Influenzali (IE) dell'ultimo decennio sono riconducibili alla circolazione dell'American lineage del virus H3N8 e, ultimamente, del *clade 2* del *sublineage* Florida. In Italia, sebbene l'IE sia endemica, sono limitate le richieste diagnostiche in corso di sindromi respiratorie. Gli ultimi ceppi caratterizzati del 2005 (Roma e Bari) erano omologhi allo stivite *A/eq/SouthAfrica/4/2003* (successivamente inquadrato fra i ceppi dell'American lineage, *sublineage* Florida *clade 1*). Nell'ambito di un focolaio che ha interessato da gennaio 2014 l'Ippodromo di Roma, sono stati condotti approfondimenti presso una scuderia che aveva richiesto l'intervento del Centro di riferimento per le malattie degli equini a seguito dell'insorgenza di una sindrome respiratoria caratterizzata da febbre e tosse in 11 puledri vaccinati, introdotti a fine 2013. Fra le indagini preliminari effettuate sui tamponi nasali con il panel di saggi *real-time* PCR per la ricerca di virus respiratori degli equini, è risultato positiva la sola ricerca del gene della proteina M per virus influenzali di tipo A. Per la caratterizzazione dei ceppi il sopranatante dei tamponi positivi al test di *screening* (4/11) è stato inoculato in uova embrionate di pollo. Dal liquido allantoideo del terzo passaggio degli isolati è stato estratto l'RNA, successivamente impiegato per la reazione di RT-PCR, utilizzando una coppia di *primer* specifica per la regione HA1 del segmento IV del genoma virale. Per aumentare la resa del prodotto di PCR, ai fini del sequenziamento, l'amplificato di 1080 bp è stato utilizzato come stampo per una reazione di PCR mirata all'amplificazione di una sub-regione di 220 bp. Il frammento di 220 bp ha mostrato un'omologia di sequenza pari al 99,5% con i ceppi North Rhine Westphalia e Yokohama del *clade 2*, *sublineage* Florida (GenBank a.n. KJ538149 e AB761396.1), rispettivamente isolati nel 2014 e 2012 in Germania ed in Giappone. Il caso in studio conferma quanto riportato nel 2013 dal Panel di esperti OIE per la sorveglianza dell'IE e dei vaccini in merito alla esclusiva circolazione dal 2012 in Europa del *clade 2*, *sublineage* Florida. In particolare, trattandosi di puledri, non si può stabilire se l'insufficiente protezione sia conseguente al limitato numero di vaccinazioni ricevute o alla scarsa protezione conferita dai vaccini disponibili, alcuni dei quali aggiornati con i soli prototipi *A/eq/SouthAfrica/2003* ed *A/eq/Ohio/2003*, appartenenti al solo *clade 1*. Si conferma la necessità e l'importanza di mantenere adeguati livelli di monitoraggio mirati al controllo dell'IE e, in particolare, alla verifica degli stiviti circolanti in funzione dell'appropriatezza dei prodotti immunizzanti.