

Americhe. Nel Sud est asiatico la prima epidemia di DHF è apparsa negli anni 50 a Manila e dal 75 la DHF è diventata una causa importante di morte ospedaliera tra i bambini in molti paesi di questa regione. Nel anni 80-90 la DHF ha causato epidemie in India, Pakistan e Sri Lanka. Nelle Americhe il virus 2 era presente fin dal 70; nel 77 è stato introdotto il virus 1, nell'81 il virus 4 che ha causato a Cuba la più grande epidemia di DHF nelle Americhe. Dal 1997, 18 paesi del continente americano hanno riportato casi confermati di DHF, che attualmente è endemica in alcuni di essi. Per dare un 'idea dell'estensione del problema negli ultimi decenni basta ricordare che mentre negli anni 50 veniva riportata dall'OMS una media di circa 900 casi di DHF all'anno, nel 1998, sono stati notificati 1.2 milioni di casi di DF e DHF con 15.000 decessi. Il numero reale delle infezioni è sicuramente molto maggiore di quanto risulti dai dati notificati. Da modelli statistici si stima che vi siano attualmente oltre 50 milioni di nuovi casi all'anno nel mondo. In Europa i 34 centri che realizzano un monitoraggio della patologia di importazione, dal 99 al 2003 hanno segnalato un totale di 604 casi di Dengue, di cui solo due come DHF. Una zanzara del genere *Aedes* è il vettore della malattia. *Aedes aegypti*, *A. albopictus*, *A. polynesiensis*, *A. scutellaris* sono le specie più coinvolte nella trasmissione. Il vettore più efficiente e il più antropofilo è l'*A. aegypti*, principale responsabile delle epidemie. E' uno scarso volatore, rimane infetta a vita, non sopravvive alla stagione invernale ma le uova sopravvivono all'essiccazione per più di un anno. Un vettore sempre più diffuso nell'area mediterranea meno efficace, ma responsabile comunque di epidemie è *Aedes albopictus*: la sua diffusione costituisce un fattore di rischio per epidemie locali.

BIBLIOGRAFIA

<http://www.cdc.gov/ncidod/dvbid/dhspot98.htm>:

<http://www.who.int/tdr/diseases/dengue/>:

<http://www.who.int/tdr/diseases/dengue/pubs.htm>.

S2.2

SARS: UPDATES; NEWS AND HIGHLIGHTS

Klenk, H.D.

Institut für Virologie, Philipps-Universität Marburg, Germany

Severe Acute Respiratory Syndrome (SARS) is a life-threatening form of atypical pneumonia that recently emerged in Guangdong Province, China and was recognized first by the Italian physician Carlo Urbani as a new respiratory disease. A previously unknown

coronavirus (SARS-coronavirus; SARS-CoV) was isolated from SARS patients and was concluded to be the causative agent. The prevention and/or containment of future SARS-CoV outbreaks will depend on our ability to understand SARS-CoV biology, pathogenesis, and evolution and to translate this knowledge into an overall strategy to combat this novel and potential lethal coronavirus infection. The development of specific antiviral compounds and a vaccine against the SARS-CoV are important priorities for the international scientific community.

S2.3

THE EMERGENCY OF WEST NILE FEVER IN THE USA: UNDERSTANDING A NEW INFECTIOUS DISEASE

Mahy B.W.J.

Mahy BWJ, National Center for Infectious Diseases, Centers for Disease Control and Prevention (CDC), Atlanta, Georgia, USA.

West Nile virus (WNV) is a species in the genus *Flavivirus*, which was first isolated from a human with febrile illness in Uganda in 1937. It causes a short febrile illness in humans, especially children, but a more severe disease which can be fatal occurs following infection of elderly people. The virus infects birds and many mammals as well as mosquitoes of several different species, though birds are the natural reservoir host.

The virus caused occasional outbreaks of human disease in Israel, France and South Africa over the 50 years since its discovery, but was not considered a serious public health problem. Then in the mid-1990s, the virulence of WNV apparently changed, and epidemics and epizootics of severe neurological disease were observed in the Mediterranean basin and surrounding countries, finally spreading to the USA in 1999.

When analysed by nucleotide sequencing, the virus that was first detected in New York in 1999 was found to have an identical sequence to a virus isolated from an epizootic in domestic geese in Israel in 1998.

How WNV moved from Israel to the USA in 1999 is not known, but whatever the means of introduction the highly virulent WNV strain rapidly became established within the USA, and proved particularly damaging to many bird species, such as the American crow (*Corvus brachyrhynchos*), thousands of which have died in the five years since the virus was introduced. Since competent mosquito vectors for WNV exist throughout the Western Hemisphere, rapid spread of WNV activity has occurred to the Caribbean, Mexico,

Central and South America, as well as north into Canada. By the end of 2003, WNV had spread to virtually every state in the US, and CDC received reports of 8567 cases of human infection, 199 of which were fatal. In addition there were reports of 11,350 dead birds and 4,146 horses with WNV infection. Possible approaches to the control of this newly emergent mosquito-borne disease will be discussed.

S2.4

EVOLUZIONE DELLO SPETTRO D'OSPITE DEI VIRUS: DALL'ANIMALE ALL'UOMO

Cancellotti M.F.

Società Italiana di Diagnostica di Laboratorio Veterinaria

Da alcuni decenni si intensificano le segnalazioni di insorgenza nell'uomo di infezioni "emergenti" che originano da contatti diretti ed indiretti con animali domestici o selvatici. Alcune di queste infezioni sono di tipo sporadico e tendono ad autolimitarsi, senza che si realizzi facilmente il passaggio da uomo ad uomo. Si possono ricordare i casi giovanili della variante della CJD, riconducibili alla diffusione incontrollata della BSE negli allevamenti bovini inglesi; i casi recenti di infezione da Monkeypox virus, originati dalla manipolazione di animali selvatici, come il ratto del Gambia, reservoir in natura del virus, assunto al ruolo di animale da compagnia in Paesi evoluti economicamente. Altre infezioni possono dare invece origine ad epidemie importanti. Il riferimento va ai retrovirus dei primati causa di immunodeficienza, al coronavirus agente di SARS, ai diversi stipiti di influenza aviaria che con crescente frequenza infettano l'uomo in modo diretto. Non può essere ignorata la impreveduta evoluzione epidemiologica del virus West Nile che dal vecchio Mondo, dove circolava in forma sporadica e perlo più benigna, è passato nel nuovo Mondo dando origine ad epidemie con percentuali di morbilità e di letalità elevate nell'uomo e negli animali. Cambiamenti ambientali e climatici derivati dalla costruzione di dighe sul Nilo e sul Niger hanno permesso, alla fine degli anni settanta, il passaggio dal sud del Sahara al bacino del Mediterraneo del virus della Rift valley fever, pericoloso agente di malattia emorragica nell'uomo e negli animali. Il ripetersi di emergenze epidemiche è in gran parte riconducibile alle profonde alterazioni che si stanno portando all'intero ecosistema a causa di disboscamenti, irrigazioni, espansione delle attività agricole, abbandono di territori, eventi bellici. Animali selvatici che nel corso della evoluzione hanno raggiunto un optimum adattativo con determinati patogeni, senza subirne conseguenze ma fungendo da loro reservoir, vengono a contatto con l'uomo o con animali

sinantropici ed in tal modo è possibile il passaggio di agenti infettanti tra specie diverse. Modificazioni del clima causate in vaste regioni può portare alla comparsa o all'aumento di artropodi ematofagi che disseminano molte delle infezioni virali. Anche nuove mode alimentari e la convivenza con animali selvatici in ambienti domestici possono causare la insorgenza di focolai di malattia trasmissibile.

La complessità dei cicli reservoir-ospite-virus-vettore nei diversi ecosistemi e la attuale carenza di conoscenze su molti di essi rendono difficile adottare misure di prevenzione e di controllo adeguate e tempestive.

L'approccio multidisciplinare (medici, veterinari, agronomi, meteorologi, esperti di gestione ambientale etc.) può permettere di affrontare e controllare l'insorgenza e la diffusione di infezioni emergenti.