

EZIOLOGIA

Il West Nile virus (WNV) appartiene alla famiglia *Flaviviridae*, genere *Flavivirus*, ed è compreso nel siero-complex del virus della Encefalite Giapponese insieme a Murray Valley encephalitis (MVE), St. Louis encephalitis (SLE), Kunjin (KUN), Usutu (USU), Koutango (KOU), Cacipacore (CPC), Alfuy (ALF) e Yaounde (YAO) virus. Fatta eccezione per l'Usutu e il virus dell'encefalite trasmessa da zecche (TBEV), i virus del sierocomplex non sono presenti né in Italia né in Europa. Il virus è stato isolato per la prima volta nel 1937 in Uganda dal sangue di una donna con sintomatologia febbrile, proveniente dal distretto di West Nile (da cui il nome West Nile disease).

Caratteristiche biologiche del virus

Il WNV è un virus RNA a singolo filamento circondato da un capsido proteico a simmetria icosaedrica con envelope. L'analisi della sequenza nucleotidica degli isolati ha consentito di definirne le relazioni filogenetiche con conseguente raggruppamento dei ceppi in due lineages:

- *Lineage 1* è suddiviso in almeno 3 classi:
 - Classe A: ceppi provenienti dall'Europa, Africa, Medio Oriente e America;
 - Classe B: ceppi provenienti dall'Australia (Kunjin);
 - Classe C: ceppi provenienti dall'India.
- *Lineage 2* contiene il ceppo prototipo B 956 e altri ceppi isolati nell'Africa Subsahariana e in Madagascar. Virus appartenenti a questo lineage sono stati identificati anche in Europa (Ungheria, Grecia ed Italia).

Recentemente l'identificazione di nuovi ceppi con caratteristiche genetiche differenti ha suggerito la loro classificazione in lineage differenti:

- *Lineage 3*: comprende il ceppo virale isolato nella Repubblica Ceca nel 1997, in prossimità del confine con l'Austria, dal *Culex pipiens* chiamato Rabensburg virus;
- *Lineage 4*: cui appartiene un unico virus isolato nel Caucaso;
- *Lineage 5*: proposto per ceppi isolati in India e precedentemente classificati nel Lineage 1 classe C;
- *Lineage 6*: proposto per ceppi Sarawak Kunjin virus;
- *Lineage 7*: proposto per l'African Koutango virus;
- *Lineage 8*: proposto per sequenze rilevate in Spagna.

Storicamente tutti i ceppi responsabili di gravi epidemie appartengono al lineage 1, ma più di recente anche ceppi del lineage 2 si sono mostrati altamente virulenti e neuroinvasivi determinando sintomatologia grave in uccelli, equidi e nell'uomo.

I virus appartenenti agli altri lineage, al contrario, sono caratterizzati da scarsa patogenicità e comunque non sono stati associati, al momento, ad epidemie umane.

L'ampia diversità delle sequenze genomiche del WNV richiede un monitoraggio continuo ed un'attenta valutazione della sensibilità e specificità dei test diagnostici, nonché un loro progressivo aggiornamento in accordo con il cambiamento dell'epidemiologia del virus.