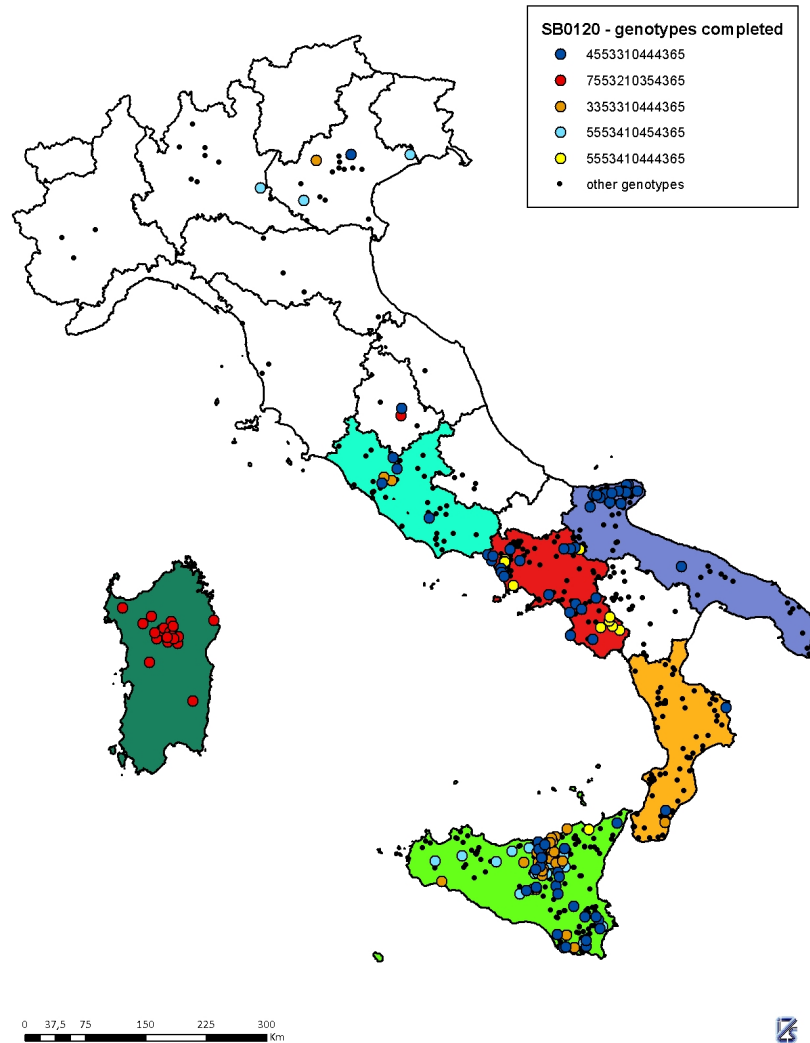


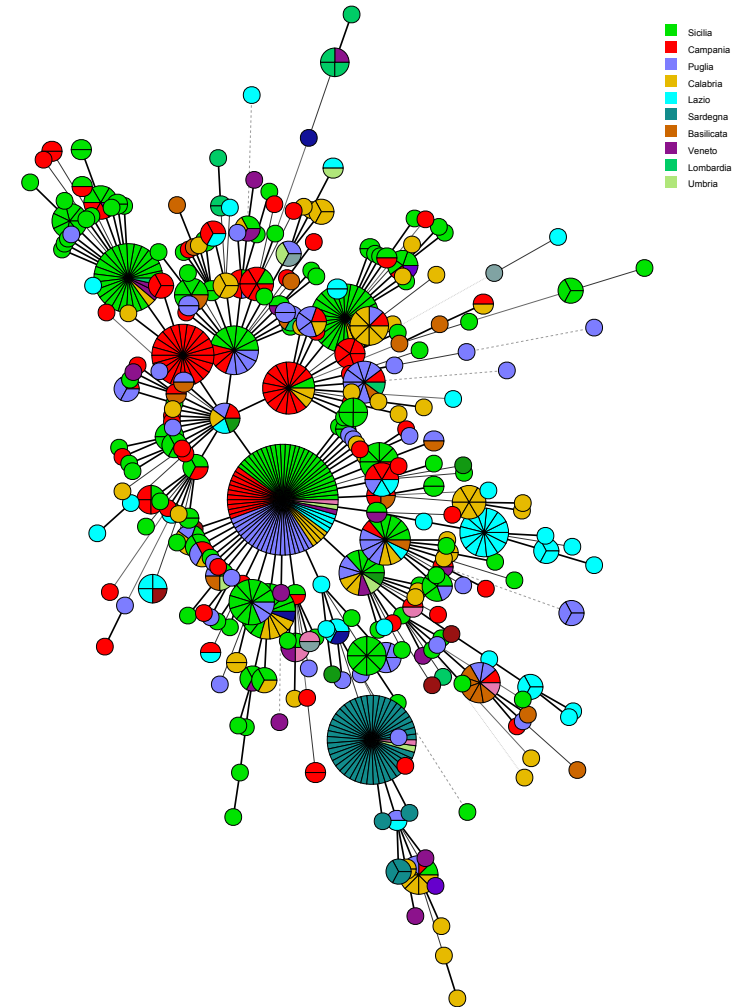
Distribuzione geografica genotipi maggiormente diffusi SB0120

BOVINE TUBERCULOSIS IN ITALY - YEAR 2008/2015

update 31/05/2015



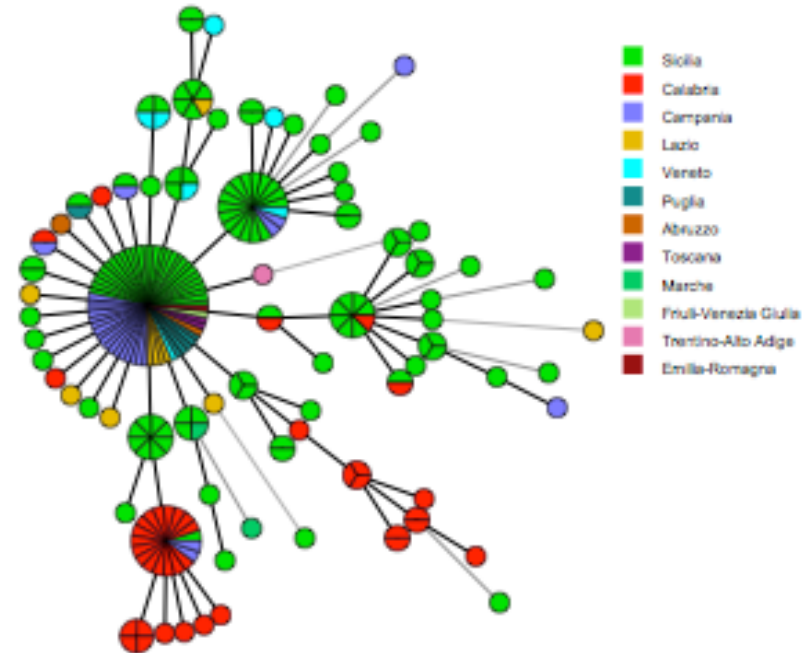
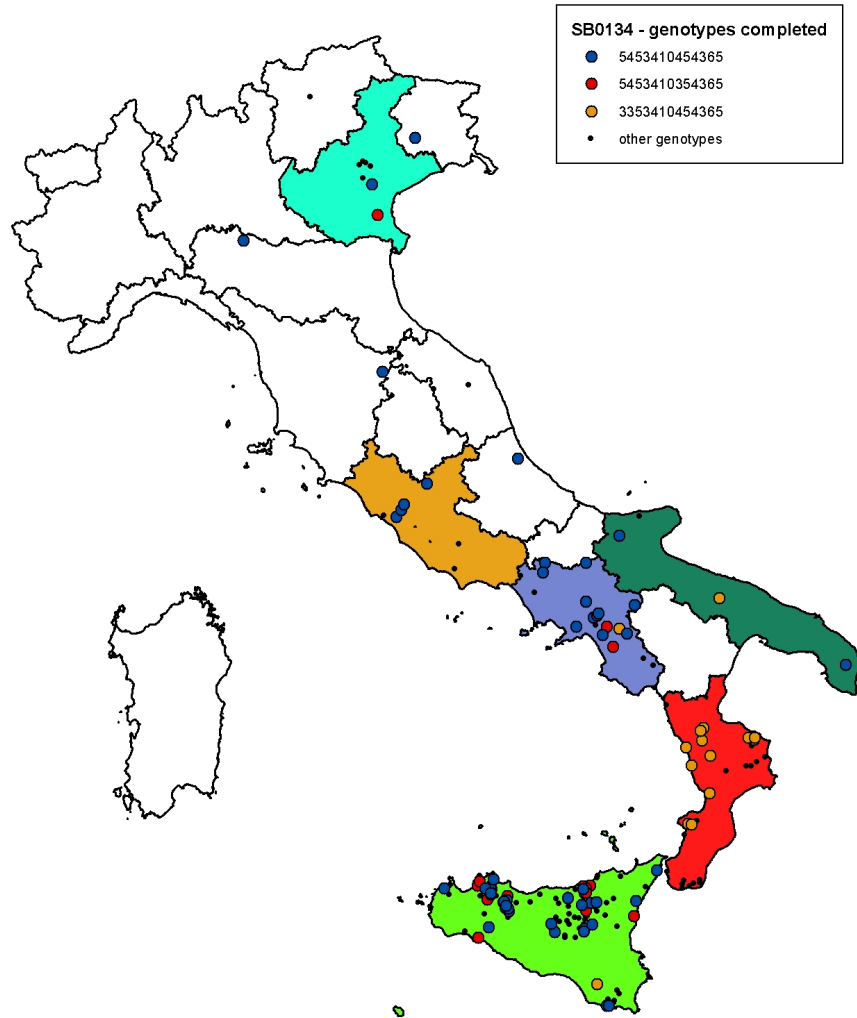
Analisi MLVA con 12 marcatori VNTR differenzia SB0120 in 319 genotipi (20 con n°focolai > 10)



Distribuzione geografica dei genotipi maggiormente diffusi di SB0134

BOVINE TUBERCULOSIS IN ITALY - YEAR 2008/2015
update 31/05/2015

Analisi MLVA con 12 marcatori VNTR differenzia SB0134 in 76 genotipi



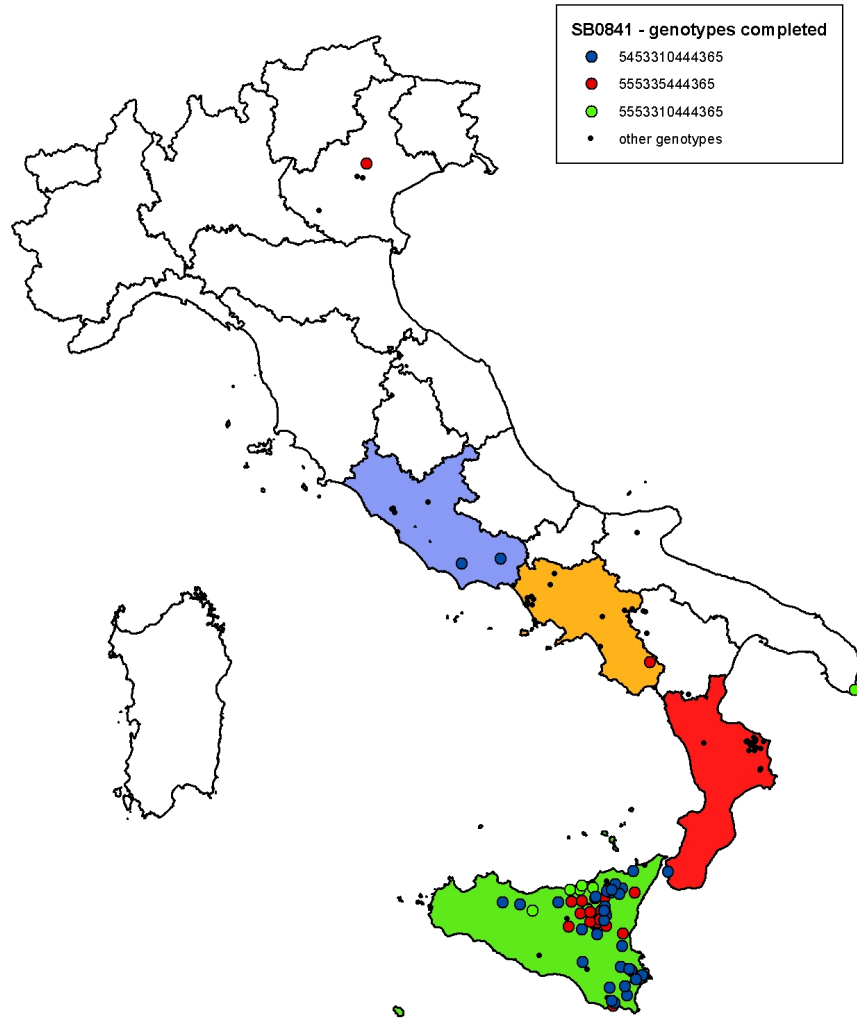
0 37,5 75 150 225 300 Km



Distribuzione geografica dei genotipi maggiormente diffusi di SB0841.

BOVINE TUBERCULOSIS IN ITALY - YEAR 2008/2015

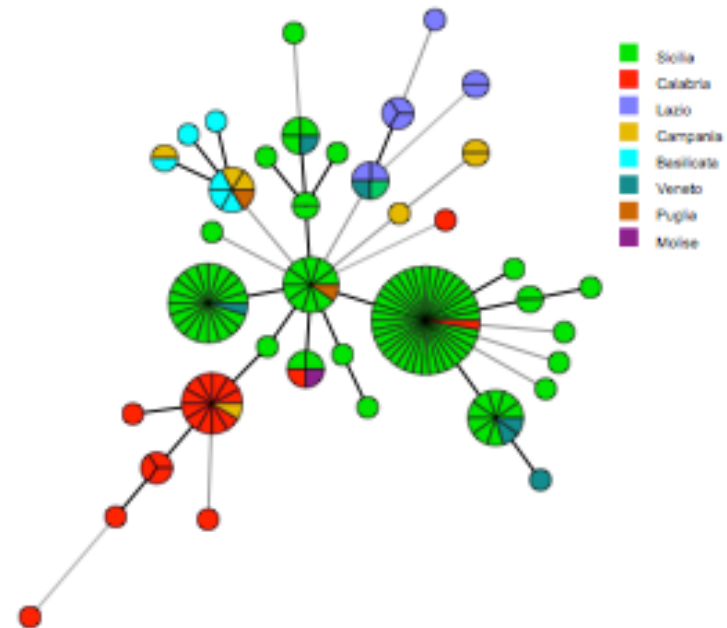
update 31/05/2015



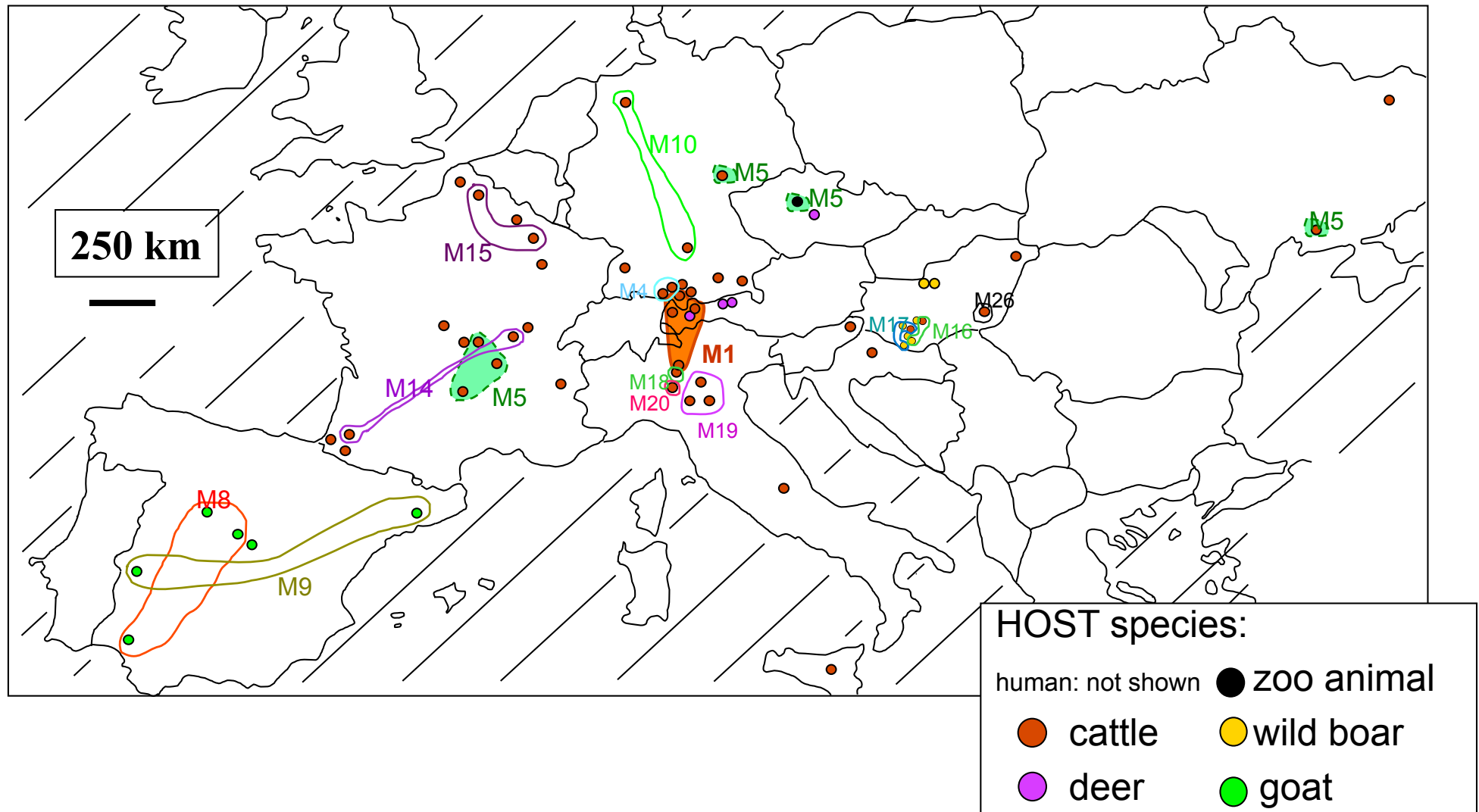
0 37,5 75 150 225 300 Km



Analisi MLVA con 12 marcatori VNTR differenzia SB0841 in 41 genotipi



M. caprae: distribuzione geografica



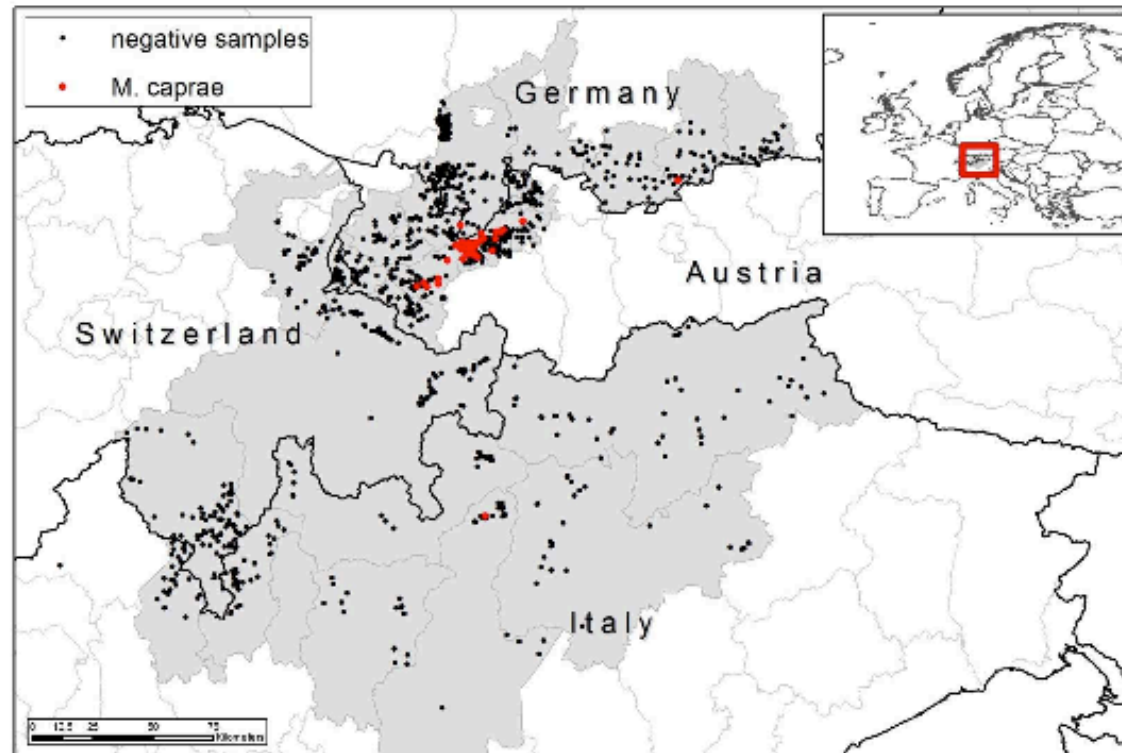
M. caprae: nel cervo in Europa



M2: Reed deer samples analyzed



Results - spatial distribution



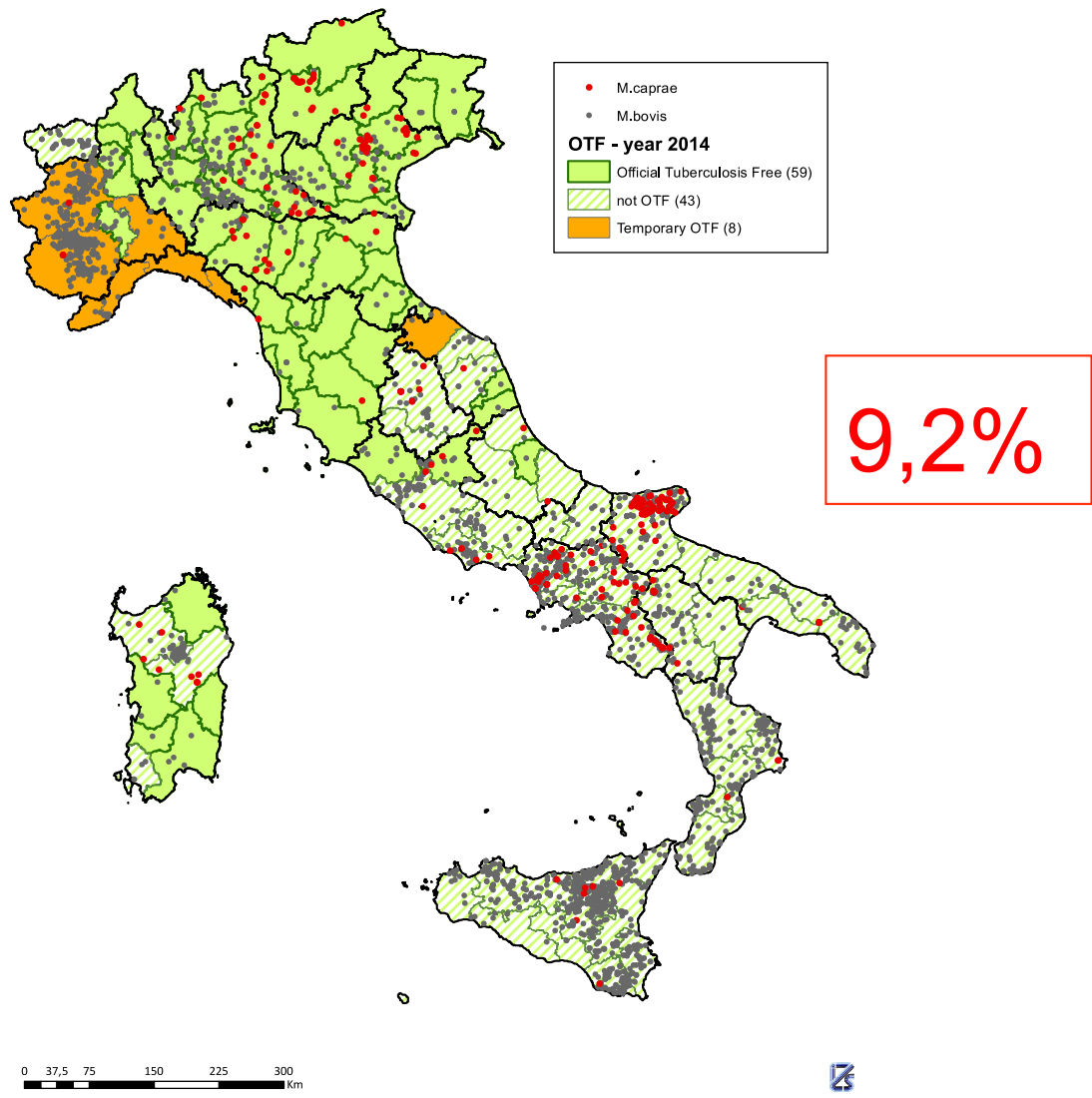
Copyright: DI Michael Schwarz DSR AGES



Distribuzione geografica *M. caprae* in Italia 2000-2015

BOVINE TUBERCULOSIS IN ITALY - YEAR 2000/2014

update 31/12/2014



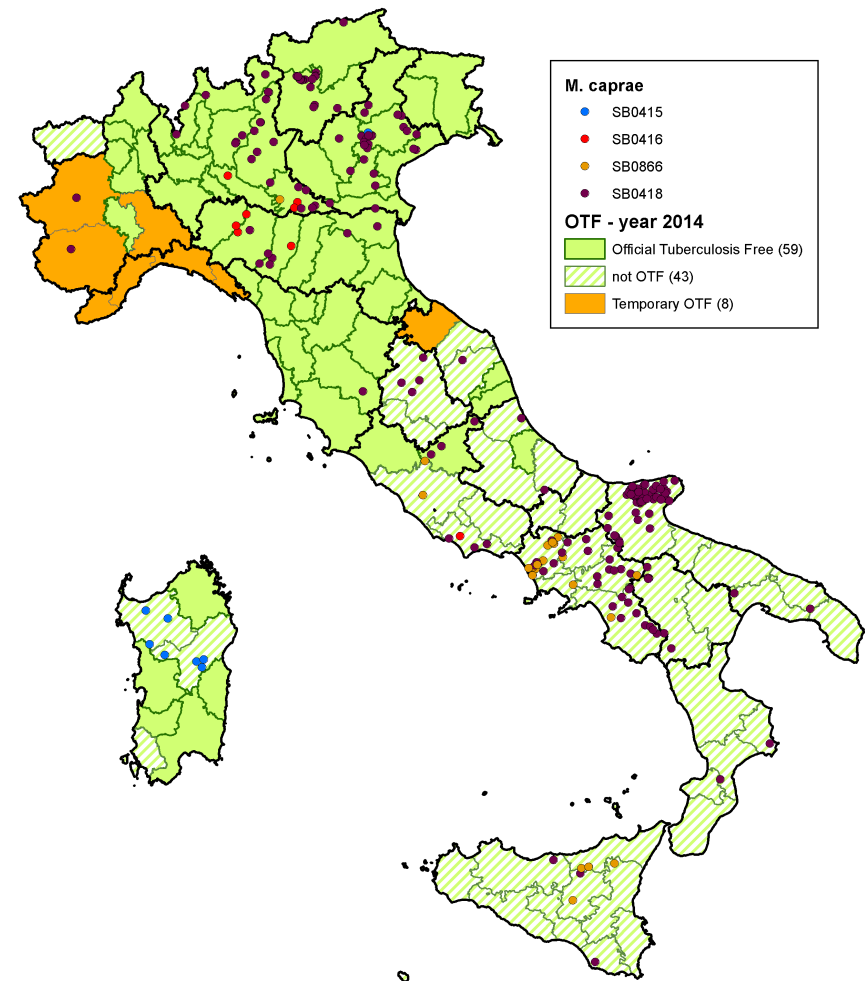
Distribuzione geografica spoligotipi *M. caprae* in Italia

M. caprae: sono presenti 12 spoligotipi diversi di cui 8 segnalati sporadicamente 4 presenti in più di 10 allevamenti con una precisa localizzazione geografica

Spoligotype	Missing spacers	N° outbreaks	%
SB0418	<i>M. caprae</i>	205	76,4
SB0866	<i>M. caprae</i> 25-38	27	10,0
SB0416	<i>M. caprae</i> 30-33	12	4,4
SB0415	<i>M. caprae</i> 19, 30-33	11	4,1
SB1886	<i>M. caprae</i> 36	5	1,8
SB1887	<i>M. caprae</i> 35-36	2	0,7
SB1883	<i>M. caprae</i> 24-	1	0,3
SB1884	<i>M. caprae</i> 22-	1	0,3
SB1573	<i>M. caprae</i> 1-24, 28	1	0,3
SB2174	<i>M. caprae</i> 1, 4-15, 20-31	1	0,3
SB2223	<i>M. caprae</i> 25-36	1	0,3
SB1199	<i>M. caprae</i> 1, 4-15, 19-21, 28	1	0,3
Total		268	100%

BOVINE TUBERCULOSIS IN ITALY - YEAR 2000/2014

update 31/12/2014

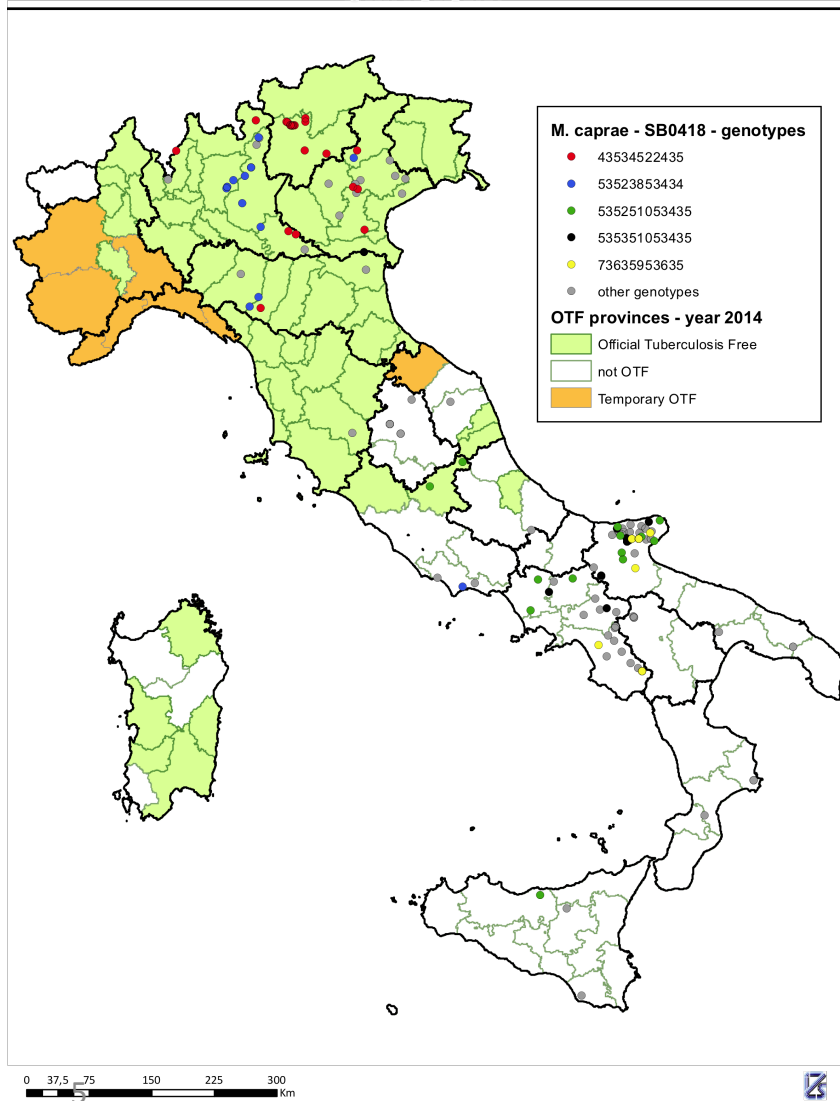


0 37,5 75 150 225 300 Km

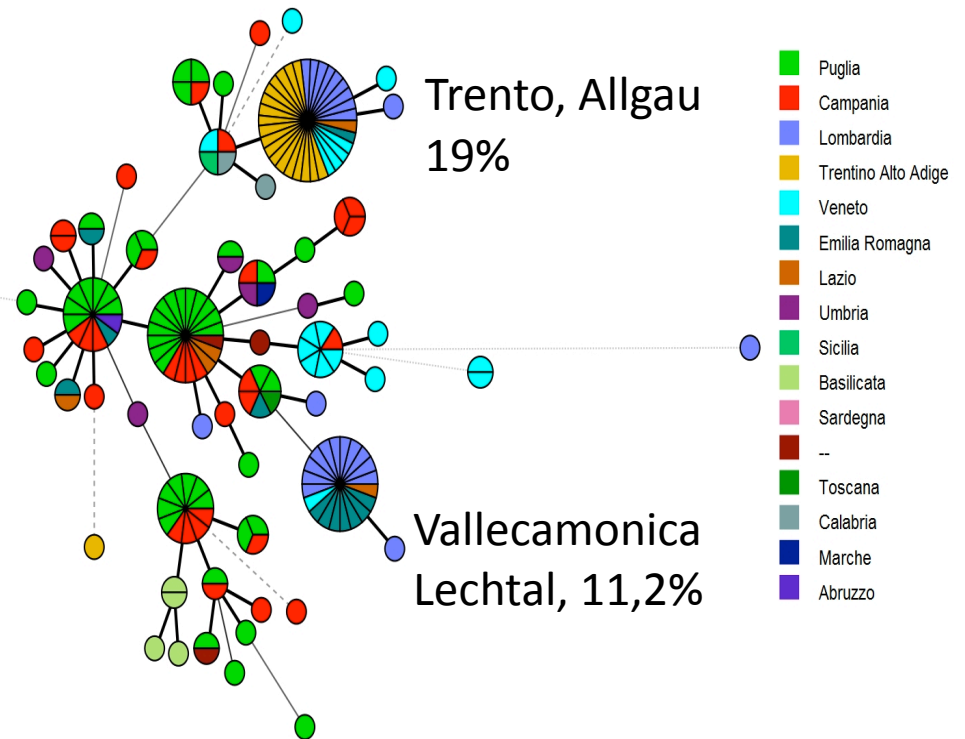


Distribuzione geografica dei 5 genotipi maggiormente prevalenti di SB0418

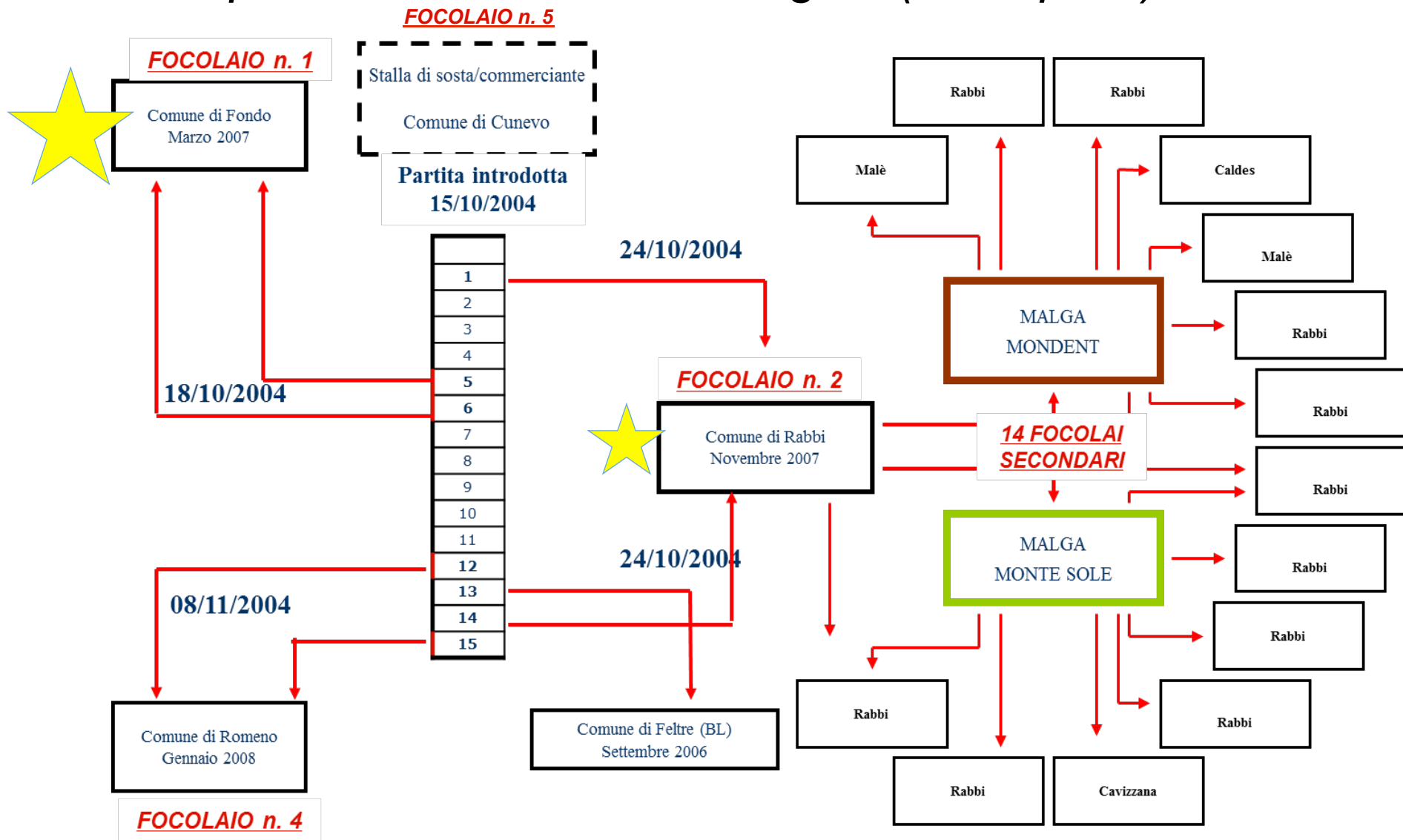
BOVINE TUBERCULOSIS IN ITALY - YEAR 2000/2014
update 31/12/2014



Analisi MLVA con marcatori VNTR differenza SB0418 in 53 genotipi



Esempio rintraccio epidemiologico (*M. caprae*)



Riassumendo.....

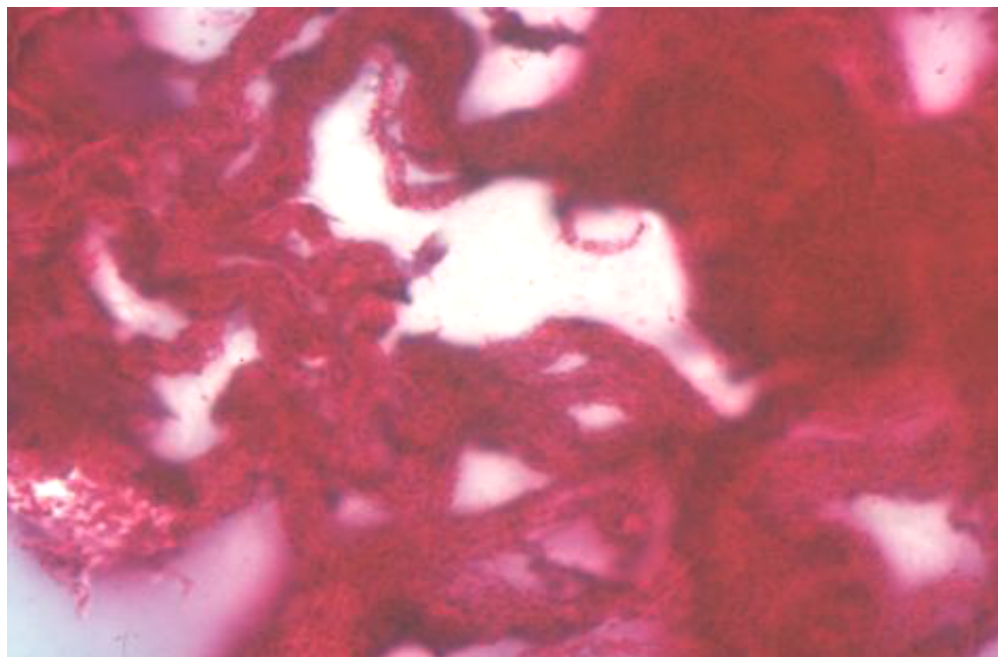
- Tipizzazione molecolare ci ha consentito di studiare:
- La struttura della popolazione di *M. bovis*/*M. caprae* in Italia negli ultimi 15 anni.
- Spoligotyping + MLVA 12 marcatori: caratterizzazione genetica più dettagliata, identificazione di clusters geografici, correlazioni filogenetiche.
- La maggior parte dei focolai è rappresentata da pochi genotipi prevalentemente localizzati nel Sud Italia alcuni diffusi in passato in altre regioni. Molte varianti genetiche associate ai clusters principali.

Riassumendo.....

- Banca dati genotipi valido supporto alle indagini epidemiologiche tradizionali
- Combinazione informazioni indagini epidemiologiche convenzionali con tipizzazione molecolare consente una migliore comprensione delle fonti d'infezione e modalità di diffusione della TB
- Necessario isolamento e tipizzazione molecolare di *M. bovis*/*M. caprae* da focolai



grazie per l'attenzione



Hanno collaborato per il CRN-TB:

*G. Alborali, M. B. Boniotti, M. D'Incau, D. Avisani, M. Chiari, G. Zanardi
e Sig. ra M. Guerini, Ing. M. Tironi, A. Moneta, I. Barraco, A. Mangeli, D. Loda*