

**PATOGENI RESPONSABILI DI INFEZIONI RESPIRATORIE: CONFRONTO TRA STAGIONE EPIDEMICA 2014/2015 E 2015/2016**

C. Tiberio<sup>1</sup>, E. Falco<sup>1</sup>, M. Raffone<sup>1</sup>, N. Cuomo<sup>1</sup>, M. Grimaldi<sup>1</sup>, A. Pagliafora<sup>1</sup>, V. Maddaloni<sup>1</sup>, A. Raddi<sup>1</sup>, F. Labonia<sup>1</sup>, G. Sodano<sup>1</sup>

<sup>1</sup>UOC Microbiologia e Virologia, Azienda Ospedaliera Dei Colli Monaldi-Cotugno-CTO Napoli. Direttore Prof. Riccardo Smeraglia.

**INTRODUZIONE**

Le infezioni respiratorie includono un ampio spettro di patologie causate da agenti eziologici capaci di colonizzare diversi livelli delle vie aeree, dai seni paranasali ai polmoni, causando un quadro clinico con sintomatologia a danno dell'apparato respiratorio. Scopo del lavoro è un confronto tra le positività rilevate per patogeni respiratori nella stagione epidemica 2014/15 e 2015/2016 con i dati della attività della UOC Microbiologia e Virologia dell'Ospedale Cotugno-Napoli

**METODI**

Nelle stagioni epidemiche 2014/2015 e 2015/2016 sono stati analizzati rispettivamente 302 e 391 campioni respiratori raccolti in UTM (Universal Transport Medium). I tamponi respiratori provenivano da pazienti ospedalizzati presso l'AO Specialistica dei Colli e da pazienti ospedalizzati presso altre Aziende Sanitarie della Regione Campania. Sono stati ricercati sia virus che batteri responsabili di patologie respiratorie, nello specifico: Influenza A virus, Influenza B virus, Respiratory Syncytial Virus, Adenovirus, Metapneumovirus, Parainfluenza, Rhinovirus/Enterovirus, Coronavirus, Mycoplasma pneumoniae, Legionella pneumophila, Bordetella pertussis, Bordetella parapertussis e Chlamydomphila pneumoniae. A questo scopo sono state utilizzate tecniche molecolari quali: Multiplex RT-PCR Seegene e GeneXpert, FilmArray Respiratory Panel.

**RISULTATI**

Nella stagione 2014/2015 i campioni positivi sono stati 119 su 302 analizzati, mentre nella stagione 2015/2016 sono stati 107 su 391.

I dati riguardanti la stagione 2014/2015 e 2015/2016 mostrano la seguente distribuzione di patogeni respiratori: (Stagione 2014/2015) Influenza A virus 32% (tipo A(H1N1)pdm09, H3), Influenza B virus 14%, Respiratory Syncytial Virus 11%, Coronavirus 4.2%, Rhinovirus/Enterovirus 20%, Adenovirus 1.7%, Parainfluenza 6.7%, Bordetella pertussis 7.5%, Mycoplasma pneumoniae 1.7%, Chlamydomphila pneumoniae 1.0%; (Stagione 2015/2016) Influenza A virus 16.8 % (tipo A(H1N1)pdm09, H1, H3), Influenza B virus 6.5%, Respiratory Syncytial Virus 17.7 %, Coronavirus 10.3%, Rhinovirus/Enterovirus 21.5%, Adenovirus 5.6%, Parainfluenza 2.8%, Bordetella pertussis 6.5%, Mycoplasma pneumoniae 1% , Chlamydomphila pneumoniae 1%, e Metapneumovirus 10.3%.

**CONCLUSIONI**

La stagione epidemica 2015/2016 è stata caratterizzata da una minore circolazione di virus influenzali rispetto alla stagione precedente. Dato questo in linea con i dati della sorveglianza epidemiologica Influnet. Inoltre nel 10,3 % dei campioni positivi è stato rilevata la presenza di Metapneumovirus, mai riscontrato nella stagione precedente. Sostanzialmente invariata la circolazione degli altri patogeni in entrambe le stagioni, con la rilevazione nell'ordine di Rhino/Enterovirus, Respiratory Syncytial Virus, Bordetella pertussis, Virus Parainfluenzali, Coronavirus.