

VALUTAZIONE DI UN SISTEMA SEMIQUANTITATIVO MULTI-TARGET PCR NELLA DIAGNOSI MICROBIOLOGICA DI INFEZIONI RESPIRATORIE E DEL SISTEMA NERVOSO CENTRALE

D. Squarzony², G. Piccirilli¹, A. Chiereghin¹, G. Turello², C. Pavia¹, L. Gabrielli¹, T. Lazzarotto²

¹Laboratorio di Virologia, U.O. di Microbiologia, DAI Medicina Diagnostica e Prevenzione, Policlinico S.Orsola-Malpighi, Bologna.

²Laboratorio di Virologia, U.O. di Microbiologia, DIMES, Policlinico S.Orsola-Malpighi, Università di Bologna.

INTRODUZIONE

Lo scopo dello studio è stato valutare le performance di un sistema multi-target semiquantitativo con tecnologia multiplex tandem (MT) PCR (Nuclear Laser Medicine, NLM) nell'identificare patogeni responsabili di: i) infezioni respiratorie ad eziologia virale, ii) polmoniti atipiche, iii) meningiti/encefaliti.

METODI

Un totale di 78 campioni clinici sono stati esaminati con 3 kit MT-PCR su sistema High-Plex. In particolare, sono stati saggiati: i) 35 campioni di aspirato naso-faringeo (AFN) da pazienti con infezioni delle alte vie respiratorie per ricerca di 14 virus (kit "HP-Virus Respiratori"); ii) 18 campioni di espettorato per la ricerca di 14 batteri e miceti causa di polmoniti atipiche (kit "HP-Pneumoniae"); iii) 25 campioni di liquido cefalorachidiano (LCR) da pazienti con sospetta meningite/encefalite per la ricerca di 14 virus e batteri (kit "HP-CSF").

RISULTATI

Dei 35 AFN, 8 (22.9%) sono risultati negativi. Nei restanti 27 campioni sono stati identificati: Adenovirus (AdV) 40.7% (11/27), Rhino/Enterovirus (RV/EV) 37% (10/27), Virus Parainfluenzali 33.3% (9/27), Virus Respiratorio Sinciziale (VRS) 29.6% (8/27), Virus Influenzali 22.2% (6/27), Coronavirus 22.2% (6/27), Metapneumovirus 7.4% (2/27). Nel 55.6 % (15/27) sono state rilevate coinfezioni causate soprattutto da RV/EV+VRS (33.3%) e RV/EV+AdV (26.7%).

Dei 18 campioni di espettorato, 17 (94.4%) sono risultati positivi per: H. influenzae 88.2% (15/17), S. pneumoniae 41.2% (7/17), S. aureus 23.5% (4/17), A. fumigatus 11.8% (2/17), M. tuberculosis 11.8% (2/17), B. pertussis 5.9% (1/17), C. pneumoniae 5.9% (1/17), M. pneumoniae 5.9% (1/17), P. jiroveci 5.9% (1/17). Nel 76.5% (13/17) dei casi sono state rilevate coinfezioni sostenute soprattutto da H. influenzae + S. pneumoniae (53.8%) e H. influenzae + S. aureus (30.7%). In 7/13 (53.8%) coinfezioni, uno dei patogeni rilevati era presente con carica batterica bassa.

Dei 25 campioni di LCR, 7 (28%) hanno dato esito negativo. Nei restanti 18 (72%) sono stati identificati: varicella-zoster virus 22.2% (4/18), Epstein-Barr virus (EBV) 16.7% (3/18), Herpes simplex virus 22.2% (4/18), N. meningitidis 16.7% (3/18), H. influenzae 11.1% (2/18), S. pneumoniae 11.1% (2/18), EV 5.6% (1/18), M. tuberculosis 5.6% (1/18), L. monocytogenes 5.6% (1/18). In tutti i 3 casi, EBV era presente con basso carico virale ed in 2/3 campioni in coinfezione con altri patogeni.

CONCLUSIONI

I sistemi multi-target NLM hanno permesso di identificare la presenza dei patogeni nei diversi campioni clinici. Inoltre, il risultato semiquantitativo ha fornito informazioni molto utili per identificare la reale causa eziologica responsabile della manifestazione clinica.