

**STUDIO MOLECOLARE DI BLASTOCYSTIS SP IN SOGGETTI AFFERENTI AL CENTRO PER LE MALATTIE TROPICALI DI NEGRAR: ANALISI DEI SOTTOTIPI E LORO DISTRIBUZIONE.**F. Perandin <sup>2</sup>, H. Soleymanpoor <sup>2</sup>, F. Formenti <sup>2</sup>, Z. Bisoffi <sup>1</sup><sup>1</sup>Centro per le Malattie Tropicali, U.O. Microbiologia e SAELMT, Ospedale Sacrocuore-Don Calabria, Negrar, Verona<sup>2</sup>U.O. Microbiologia e SAELMT, Ospedale Sacrocuore-Don Calabria, Negrar, Verona**INTRODUZIONE**

Blastocystis sp. è un parassita riscontrato nel lume dell'intestino di molte specie differenti quali l'uomo, animali da fattoria, uccelli, roditori, rettili anfibi e pesci. E' ubiquitario con prevalenza superiore nei paesi in via di sviluppo. È presente in individui asintomatici e in pazienti con sintomi gastrointestinali. Sebbene questo protozoo sia stato scoperto più di 100 anni fa, non esistono al momento dati che inequivocabilmente stabiliscano se Blastocystis sp. è patogeno. Studi genetici hanno individuato ben 13 genotipi (STs), di cui 9 riscontrati nell'uomo; di questi, ST-1-2-3-4 sono i più frequentemente osservati (90%). La loro distribuzione geografica non è uniforme. Sembrerebbe che il genotipo ST-1 sia quello più patogeno, ma sono pochi i dati disponibili.

Scopo di questo studio è individuare quali sono i genotipi circolanti tra la popolazione afferente al Centro Malattie Tropicali (CM) di Negrar, valutare se esistono coinfezioni tra genotipi, valutare se esiste una correlazione genotipo-altri protozoi, calcolare la proporzione relativa tra genotipo e nazionalità e se esiste una correlazione tra genotipo e sintomi.

**METODI**

Sono stati raccolti e conservati a -20°C presso il laboratorio di Parassitologia un totale di 300 campioni di DNA positivi per Blastocystis sp.; si tratta di campioni di pazienti che si sono rivolti al CMT di Negrar e perciò sottoposti ad uno screening molecolare per la ricerca di protozoi nelle feci. Lo screening è stato eseguito con una multiplex Real-time PCR in-home mentre la genotipizzazione è stata fatta mediante una nested-PCR descritta da PD.Scalan et al. in grado di rilevare i genotipi 1, 2, 3 e 4.

**RISULTATI**

Risultati preliminari sono stati ottenuti dall'analisi di 134 campioni; di questi, 102 sono stati genotipizzati. Sono campioni di soggetti con le seguenti caratteristiche: 72 maschi e 30 femmine; 89 adulti e 13 bambini; 48 sintomatici (disturbi gastrointestinali e prurito) e 54 asintomatici; 47 Italiani, 39 Africani, 7 Americani, 6 Asiatici e 3 Europei. L'analisi del genotipo ha individuato 38 ST1, 9 ST2, 24 ST3, 15 ST4, 12 doppie infezioni e 4 triple infezioni. Americani e Asiatici presentano equamente distribuiti ST1 e ST3; Africani 46% ST1 e 23% ST3; Italiani 29.8% ST1, 23.4% ST4, 21% ST3 e 10.6% ST2. In soggetti sintomatici sono stati rilevati ST1 e ST4 (60%), seguiti da ST3 (52.2%) e ST2 (33.3%). I parassiti più frequentemente riscontrati assieme a Blastocystis sono D. fragilis e E. dispar.

**CONCLUSIONI**

I genotipi ST-1 e -3 sono cosmopoliti, mentre ST4 è stato rilevato in soggetti italiani. Probabilmente i sintomi gastrointestinali riscontrati non sono imputabili esclusivamente a Blastocystis sp; studi presenti in letteratura riportano la co-presenza con D. fragilis ed altri protozoi ma non è mai stato chiarito il ruolo nelle co-infezioni. Ulteriori dati sono necessari per poter chiarire l'eventuale significato clinico di Blastocystis.