

CARATTERIZZAZIONE EPIDEMIOLOGICA E CLINICA DI UN GENOTIPO EMERGENTE DEL VIRUS RESPIRATORIO SINCIZIALE

M. Gentile¹, C. Selvaggi¹, C. Scagnolari¹, P. Papoff³, F. Midulla³, G. Antonelli¹, A. Pierangeli²

¹ *Dipartimento di Medicina Molecolare, Laboratorio di Virologia, Sapienza Università di Roma*

² *Dipartimento di Medicina Molecolare, Laboratorio di Virologia, Sapienza Università di Roma*

³ *Dipartimento di Pediatria, Sapienza Università di Roma*

INTRODUZIONE

Il Virus Respiratorio Sinciziale umano (RSV), causa di bronchiolite e polmonite, è il maggior responsabile di ospedalizzazione infantile. Esistono due tipi, RSVA e -B e numerosi sottotipi, differenziati in base alle variazioni delle glicoproteine di superficie, G ed F, le più sottoposte alla pressione immunologica dell'ospite. In particolare, G, responsabile del legame al recettore cellulare, è caratterizzata da un'elevata variabilità. Un nuovo genotipo di RSV-A ON1 è stato identificato per la prima volta in Ontario, nella stagione invernale 2010-2011 (Eshaghi et al., 2012). La caratteristica unica di ON1 è una inserzione di 72 nucleotidi che determina la duplicazione di 23 aminoacidi in G. Tale ceppo emergente è stato rilevato per la prima volta in Italia nel nostro laboratorio, durante la stagione invernale 2011-2012 e poi nelle stagioni successive dove è diventato il ceppo predominante. Rimane da chiarire in che misura la variabilità genetica di RSV può determinare la diffusione nella popolazione e la differente patogenicità di alcuni sottotipi. A tale scopo, abbiamo effettuato la caratterizzazione molecolare dei diversi ceppi di RSVA circolanti in sei stagioni epidemiche consecutive per correlare il genotipo con i dati epidemiologici e clinici del paziente.

METODI

Bambini afferenti al DEA pediatrico, Policlinico Umberto I, Sapienza, Roma, e successivamente ricoverati con diagnosi clinica di bronchiolite sono stati arruolati durante sei stagioni epidemiche (2009/10-2014/15). Dal lavaggio nasale o dal BAL, è stata effettuata la rilevazione di 14 virus respiratori e il sequenziamento del gene G nei campioni positivi a RSV. Le caratteristiche demografiche e cliniche dei bambini infettati sono state analizzate in relazione al genotipo di RSVA.

RISULTATI

Durante le stagioni epidemiche 2009/10 e 2010/11 il ceppo RSVA circolante è risultato genotipo NA1, con alcune variazioni aminoacidiche in siti ipervariabili. Nel 2011/12, il ceppo emergente ON1 è stato rilevato in circa il 20% dei casi RSVA mentre dal 2012/13 ON1 in poi è stato il ceppo predominante (oltre il 95% dei casi). Oltre alle variazioni presenti nel prototipo ON1, i nostri ceppi presentano diverse altre sostituzioni in G. Sono stati quindi analizzati circa cento casi di bronchiolite con dati clinici disponibili (53 NA1 e 49 ON1). I due gruppi di pazienti sono risultati simili per caratteristiche demografiche (sesso, età e peso alla nascita e al ricovero) e fattori di rischio (familiarità per asma e atopica, fumo, tipo di allattamento). La differenza più rilevante tra le bronchioliti causate dal genotipo NA1 rispetto a quelle ON1 riguarda la severità complessiva del quadro clinico che è significativamente maggiore in NA1.

CONCLUSIONI

I risultati ottenuti suggeriscono che la diversità antigenica di ON1, che ha permesso a questo nuovo ceppo di sostituire il genotipo precedentemente circolante, non sia associata a maggiore patogenicità. Questi dati sottolineano l'importanza del monitoraggio molecolare dei ceppi di RSVA circolanti, che sembrano variare in modo considerevole e potrebbero causare infezioni particolarmente severe.