

**DINAMICHE DI TRASMISSIONE DELLA TUBERCOLOSI NELL'AREA METROPOLITANA DI ROMA**

A. Cannas<sup>1</sup>, S. Camassa<sup>2</sup>, O. Butera<sup>1</sup>, M.G. Paglia<sup>1</sup>, A. Mazzarelli<sup>1</sup>, A. Piscini<sup>1</sup>, S. Pane<sup>1</sup>, M. Sali<sup>2</sup>, A. Di Caro<sup>1</sup>, G. Delogu<sup>2</sup>, E. Girardi<sup>1</sup>

<sup>1</sup>*Istituto Nazionale per le Malattie Infettive "L. Spallanzani" Roma*

<sup>2</sup>*Università Cattolica del Sacro Cuore, Roma*

**INTRODUZIONE**

L'Italia è un paese a bassa incidenza per la tubercolosi (TB), tuttavia Roma, come altre metropoli europee, mostra tassi di incidenza più elevati rispetto al resto del paese, dovuti alla presenza di una popolazione etnicamente eterogenea. Pertanto Roma può essere considerata il luogo ideale per investigare la situazione epidemiologica della TB in Europa Occidentale.

Lo studio della variabilità genetica dei ceppi di *M. tuberculosis* presenti sul territorio può rappresentare uno strumento importante sia ai fini epidemiologici che nella gestione clinica del paziente. L'obiettivo di questo studio era di caratterizzare, attraverso metodi di epidemiologia classica e molecolare, le dinamiche di trasmissione della tubercolosi in un'area metropolitana di un paese a bassa incidenza come l'Italia, al fine di migliorare il controllo della malattia.

**METODI**

Il DNA di 232 ceppi di *M. tuberculosis* provenienti da nuovi casi o da pazienti già trattati, ricoverati tra il 2008 e il 2014 con diagnosi di TB presso due ospedali romani, l'Istituto Nazionale per le Malattie Infettive (INMI) "L. Spallanzani" e l'Università Cattolica, è stato isolato e sottoposto ad analisi genotipica. Sono stati utilizzati i metodi standardizzati di tipizzazione molecolare Spoligotyping e MIRU-VNTR a 24 loci. La caratterizzazione genotipica e l'albero filogenetico sono stati infine ottenuti utilizzando i database ufficiali e gli strumenti di analisi forniti dai siti web SITVIT2 e MIRU-VNTRplus.

**RISULTATI**

La genotipizzazione dei 232 ceppi di *M. tuberculosis*, di cui il 70% isolato da pazienti nati all'estero, mostra, in linea con la situazione descritta in letteratura per altri paesi dell'Europa Occidentale, un'appartenenza molto elevata (81,9%) al lineage 4 (Euro-American), seguita in misura minore dagli altri lineages. Mettendo insieme i dati di epidemiologia molecolare e classica, si evince una correlazione tra il genotipo dell'isolato tubercolare e l'origine geografica del paziente. L'albero filogenetico ottenuto, basato sulla similarità degli isolati analizzati, mette in evidenza la presenza di numerosi cluster, suggerendo possibili focolai di trasmissione, alcuni non identificati precedentemente con i metodi dell'epidemiologia classica.

**CONCLUSIONI**

I risultati ottenuti forniscono delle informazioni importanti sulle dinamiche di trasmissione della tubercolosi nell'area metropolitana romana, mettendo in evidenza una varietà genetica, che riflette la presenza di una popolazione etnicamente eterogenea. La combinazione delle informazioni ottenute con l'epidemiologia classica e molecolare rappresenta un valido strumento nel controllo della malattia.