P216

VIROLOGIA

DIAGNOSI BIOMOLECOLARE E REPORT EPIDEMIOLOGICO SULLE VIROSI RESPIRATORIE NELLA STAGIONE INVERNALE 2018/2019 DIAGNOSTICATE ALL'OSPEDALE VITO FAZZI

V. Tassi [1], L.I. Lupo [1], C. Palumbo [1], G.B. Lobreglio [1]

[1]*UOC di Patologia Clinica e Microbiologia, Ospedale Vito Fazzi, ASL Lecce.*

INTRODUZIONE

Le infezioni respiratorie acute (IRA) sono malattie infettive in cui l'apparato respiratorio rappresenta il bersaglio principale o esclusivo dell'agente patogeno. I virus sono i patogeni di gran lunga più numerosi e sono dotati di una elevata diffusibilità. A causa dell'aspecificità dei sintomi e della relativa uniformità dei quadri clinici, risulta difficile orientare la diagnosi clinica verso uno specifico agente eziologico. Appare dunque evidente l'esigenza di un approccio biomolecolare per la diagnostica eziologica delle IRA.

METODI

Al fine di poter effettuare una precisa diagnosi eziologica delle IRA, abbiamo seguito un duplice approccio: da un lato, uno eziologico mediante RealTime-PCR che ricerca la presenza di specifici genomi virali nelle secrezioni respiratorie, dall'altro un approccio sindromico, tramite un sistema di PCR multiplex (bioMerieux FilmArray), che indaga la presenza di 17 virus e 3 batteri. I campioni analizzati sono rappresentati da materiale respiratorio (tamponi rino/faringei, espettorati e lavaggi bronco/alveolari) dei pazienti provenienti dai vari reparti del nostro ospedale. L'indagine epidemiologica è stata condotta da dicembre 2018 a tutto aprile 2019, cioè il periodo tipico della sorveglianza epidemiologica relativa all'epidemia influenzale.

RISULTATI

Nel periodo studiato sono stati analizzati 389 campioni respiratori ed identificati 125 Virus Influenzali, 40 RSV, 19 Adenovirus, 11 Bocavirus, 3 Metapneumovirus e 3 Rhinovirus. È evidente che il dato epidemiologico più rilevante è rappresentato dai Virus influenzali. Il picco epidemico è stato individuato alla quinta settimana del 2019. Peculiare è la presenza quasi esclusiva (123/125) di influenza A (due soli casi di influenza B). La distribuzione in età dei casi positivi per influenza è anni polarizzata in direzione degli estremi di età: individui molto giovani ed individui maturi ed anziani. Tale distribuzione potrebbe essere tipica di una popolazione ospedaliera. Nei soggetti maturi/anziani (>45 anni), oltre al picco della quarta-sesta settimana (n=16) compare un ulteriore picco tra la ottava e la nona settimana (n=13), che nei soggetti pediatrici non è rilevante. Tale differenza è statisticamente significativa (p=0,001154). Per quanto riguarda gli altri virus, i 40 RSV sono stati trovati in individui molto giovani (età = 6.83±19,60 anni), con distribuzione stagionale. Stagionale è anche la distribuzione degli 11 casi di infezione da Bocavirus, tutti in bambini (età = 2.29±1.56 anni). Non stagionale, ma costante nel tempo, è la distribuzione dei 19 casi di infezione da Adenovirus (età = 3.04±4.19 anni).

CONCLUSIONI

L'approccio biomolecolare da noi presentato permette una diagnosi eziologica rapida e specifica, di grande importanza per una impostazione puntuale e precisa della terapia e per evitare inutili ed inappropriate terapie antibiotiche.