P018

BATTERIOLOGIA

**ANALISI GENOMICA DI CEPPI DI BORDETELLA PERTUSSIS ISOLATI IN ITALIA E IN ARGENTINA, 2013-2016.**

L. Ambrosio [2], G. Buttinelli [2], C. Concato [4], G. Linardos [1], P. Leone [2], I. Schiavoni [2], D. Hozbor [3], G. Fedele [2], P. Stefanelli [2]

[1]*Area di Ricerca in Malattie Multifattoriali e Malattie Complesse, Ospedale Pediatrico Bambino Gesù (IRCCS), Roma, Italia*

[2]*Dipartimento Malattie Infettive, Istituto Superiore di Sanità, Roma, Italia*

[3]*Istituto di Biotecnologia e Biologia Molecolare, Universidad Nacional de La Plata-CONICET, La Plata, Argentina*

[4]*Unità di Virologia, Ospedale Pediatrico Bambino Gesù (IRCCS), Roma, Italia*

**INTRODUZIONE**

Nonostante la vaccinazione, la pertosse sta riemergendo in numerosi Paesi. Tra le possibili cause la circolazione di varianti antigeniche di Bordetella pertussis dovute alla pressione selettiva esercitata dai vaccini in uso.
Genomi di ceppi di B. pertussis isolati da bambini al di sotto di un anno di età e collezionati in Italia ed in Argentina, sono stati analizzati per evidenziare caratteristiche genetiche peculiari, considerando i diversi contesti geografici e l'immunizzazione nei due Paesi.

**METODI**

54 ceppi di B. pertussis isolati tra il 2013 ed il 2016 da casi di pertosse infantile (<1anno di età), di cui 37 collezionati in Italia e 17 in Argentina, sono stati sequenziati con la piattaforma Illumina MiSeq. In silico e dai dati di sequenziamento genomico sono stati ottenuti i risultati per Multilocus Antigen Sequence Typing (MAST) e Multilocus Variable-number tandem repeat Analysis (MLVA). Attraverso il Core Genome MultiLocus Sequence Typing (cgMLST) sono state evidenziate le relazioni filogenetiche tra i genomi, utilizzando il sito https://bigsdb.pasteur.fr e il metodo Neighbor-Net.

**RISULTATI**

L'81% dei genomi italiani è riconducibile al genotipo ptxP3/ptxA1/fim2-1/fim3-1. Il 62% dei ceppi non esprime il gene codificante la pertactina ed il restante 38% presenta l'allele prn2. I meccanismi molecolari che impediscono l'espressione della pertactina includono: l'inserzione dell'elemento IS481 (52%), la presenza di un codone di stop prematuro (39%) e l'alterazione del promotore (9%).
Il 94% dei genomi argentini è riconducibile al genotipo ptxP3/ptxA1/fim2-1/fim3-2. La percentuale di isolati pertactina-negativi è pari al 6% e prn2 è l'unico allele identificato. Il meccanismo di inibizione dell'espressione della pertactina identificato è l'inserzione dell'elemento IS481.
L'MLVA Type MT27 risulta il predominante in entrambe le collezioni. L'analisi filogenetica clusterizza i ceppi in due gruppi principali corrispondenti a ciascuna origine geografica. La distanza massima osservata è pari a 52 loci.

**CONCLUSIONI**

I risultati finora ottenuti confermano una elevata conservazione del genoma di B. pertussis, se pur con delle peculiarità riconducibili in parte all'area geografica di provenienza ed in parte alla differente pressione selettiva esercitata dai vaccini utilizzati: vaccino acellulare in Italia e in Argentina, insieme al vaccino a cellule intere in quest'ultimo Paese.