P015

BATTERIOLOGIA

ALTERAZIONI DEL MICROBIOMA FARINGEO IN CORSO DI INFEZIONI DA NEISSERIA GONORRHOEAE

M. Salvo [2], C. Foschi [2], C. Ceccarani [1], T. Camboni [1], C. Consolandi [1], M. Severgnini [1], A. D'Antuono [3], M. Belletti [3], V. Gaspari [3], M.C. Re [2], A. Marangoni [2]

[1]*Istituto di Tecnologie Biomediche, CNR, Segrate, Milano*

[2]*Microbiologia, DIMES, Università di Bologna, Bologna*

[3]*U.O. Dermatologia, Policlinico Sant'Orsola-Malpighi, Bologna*

INTRODUZIONE

Le faringiti da Neisseria gonorrhoeae sono in aumento tra gli omosessuali maschi (MSM). Queste infezioni decorrono generalmente in maniera asintomatica e possono fungere da serbatoio per la diffusione di casi di gonorrea, dal momento che spesso sono asintomatiche e possono persistere nel tempo. Inoltre, per capire l'importanza di tali quadri, è importante sottolineare come a livello faringeo ci siano varie neisserie commensali, che possono trasferire geni di resistenza alle cefalosporine a N. gonorrhoeae.

Lo scopo di questo studio è stato quello di valutare i profili della comunità batterica del microbioma faringeo in corso di infezione da gonorrea, in soggetti MSM.

METODI

Sono stati analizzati 70 tamponi faringei provenienti da pazienti afferenti all'ambulatorio MTS del Policlinico S. Orsola Malpighi di Bologna. Sulla base delle indagini molecolari ottenute mediante una Real-Time PCR (VERSANT® CT/GC 1.0 Assay, Siemens), attualmente utilizzata nella routine diagnostica della U.O. di Microbiologia, i pazienti sono stati divisi in due gruppi: soggetti non infetti (n=45) and pazienti con gonorrea faringea (n=25). Partendo dal DNA genomico estratto, sono state amplificate e sequenziate le regioni V3-V4 del gene 16S, per analizzare la composizione del microbioma faringeo (MiSeq Illumina). Per valutare la distribuzione e la bio-diversità dei microrganismi sono state eseguite valutazioni di α- e β-diversità. Le differenze di abbondanza tassonomica tra i gruppi in studio sono state analizzate mediante il Mann-Whitney t-test. Un p-values < 0.05 è stato considerato significativo. Lo studio ha ricevuto parere favorevole da parte del comitato etico del Policlinico (78/2017/U/Tess).

RISULTATI

L'analisi di α-diversità non ha evidenziato differenze significative nei soggetti infetti. Seppure il microbioma faringeo di tutti i soggetti fosse dominato dalle famiglie Prevotellaceae, Veillonellaceae e Streptococcaceae, è stato possibile mettere in evidenza una differenza significativa nell'abbondanza relativa di batteri anaerobi, più elevata in soggetti con gonorrea. Il loro microbioma, infatti, era più ricco in batteri dei generi Treponema, Parvimonas, Peptococcus e della famiglia Prevotellaceae, con una contemporanea riduzione di generi aerobi come Pseudomonas and Escherichia.

CONCLUSIONI

Il nostro studio è il primo a far luce sulla composizione del microbioma faringeo in corso di gonorrea. I dati ottenuti, sebbene preliminari, possono contribuire a comprendere la patogenesi delle infezioni faringee da gonorrea e a sviluppare strategie innovative per limitare la loro diffusione.