

**CARATTERIZZAZIONE CLINICA E VIROLOGICA DEI GENOTIPI NA1 E ON1 DEL VIRUS RESPIRATORIO SINCIZIALE A (RSV-A) E DEL VIRUS RESPIRATORIO SINCIZIALE B (RSV-B) IN BAMBINI AFFETTI DA BRONCHIOLITE**

M. Gentile<sup>5</sup>, C. Scagnolari<sup>4</sup>, R. Nenna<sup>2</sup>, M. Calabretto<sup>1</sup>, T. Melengu<sup>1</sup>, G. Antonelli<sup>5</sup>, F. Midulla<sup>3</sup>, A. Pierangeli<sup>4</sup>

<sup>1</sup>AOU Policlinico Umberto I, Roma

<sup>2</sup>Dipartimento di Pediatria, Sapienza Università di Roma

<sup>3</sup>Dipartimento di Pediatria, Sapienza Università di Roma; AOU Policlinico Umberto I, Roma

<sup>4</sup>Laboratorio di Virologia, Dipartimento di Medicina Molecolare, Sapienza Università di Roma

<sup>5</sup>Laboratorio di Virologia, Dipartimento di Medicina Molecolare, Sapienza Università di Roma; AOU Policlinico Umberto I Roma

**INTRODUZIONE**

Il virus respiratorio sinciziale umano (RSV), principale agente eziologico della bronchiolite, è il maggior responsabile di ospedalizzazione infantile. Esistono due tipi, RSV-A e -B e numerosi genotipi. Durante le varie stagioni epidemiche possono circolare diversi genotipi di RSV-A e di RSV-B con un andamento non regolare. Numerosi studi dimostrano che l'RSV-A causa un quadro più severo di bronchiolite mentre altri studi dimostrano che non ci sono differenze cliniche significative. La circolazione dei diversi genotipi durante le varie epidemie stagionali potrebbe almeno in parte giustificare tale incongruenza. Scopo di questo studio è caratterizzare i differenti genotipi di RSV circolanti in undici epidemie stagionali e di valutare il loro impatto clinico e di severità della malattia nei bambini ricoverati per bronchiolite.

**METODI**

Bambini assistiti presso il Dipartimento di Emergenza pediatrica del Policlinico Umberto I e successivamente ricoverati con diagnosi clinica di bronchiolite sono stati arruolati durante undici stagioni epidemiche consecutive, 2005/06 – 2015/16. Al momento del ricovero è stato determinato un punteggio di severità dell'infezione (da 0 a 8) calcolato in base alla frequenza di respirazione, alla saturazione di ossigeno, rientramenti e all'abilità di alimentazione orale. I lavaggi nasali ottenuti da questi pazienti sono stati esaminati per 14 virus respiratori e i campioni risultati positivi all'RSV sono stati sequenziati e analizzati filogeneticamente. Sono stati poi analizzati i dati clinici, familiari e demografici.

**RISULTATI**

Su 300 casi di RSV positivi, 272 casi sono stati sequenziati: 133 sono risultati positivi all'RSV-A genotipo NA1 mentre 80 sono risultati positivi all' RSV-A genotipo ON1. 59 casi sono risultati positivi all'RSV-B genotipo BA. Durante le prime stagioni epidemiche il ceppo RSV-A circolante è risultato il genotipo NA1. Nel 2011/12 il ceppo emergente ON1 è stato rilevato in circa il 20% dei casi mentre dal 2012/13 in poi ON1 è stato il ceppo predominante. Tutti i casi di RSV-B appartenevano al genotipo BA. Tutti i bambini in cui è stato isolato l'NA1 avevano un grado maggiore di severità dell'infezione (relativamente alla frequenza di respirazione e alla saturazione di ossigeno). I bambini con l'RSV-B avevano una età più alta, presentavano febbre con più frequenza e una storia familiare con asma e fumo passivo.

**CONCLUSIONI**

I risultati ottenuti suggeriscono che la severità clinica dell'infezione è influenzata dal genotipo di RSV e da fattori di rischio familiare. I dati ottenuti potrebbero essere utili per capire la patogenesi delle bronchioliti e di sviluppare un vaccino e una sorveglianza più efficace contro le infezioni da RSV.