
192

**CASI DI MALARIA DA *P. OVALE* A PARMA:
DATI DEGLI ULTIMI 5 ANNI.**Calderaro A., Piccolo G., Zuelli C., Bommezzadri S.,
Perandin F.¹, Ricci L.², Manca N.¹, Dettori G., Chezzi C.

Dipartimento di Patologia e Medicina di Laboratorio,
Sezione di Microbiologia, Università degli Studi di Parma;
¹Dipartimento di Medicina Sperimentale ed Applicata,
Cattedra di Microbiologia, Università degli Studi di Brescia;
²Arcispedale di Reggio Emilia.

Introduzione. L'aumento del numero dei viaggiatori provenienti dall'Africa occidentale, zona endemica per malaria, ha causato in Italia, e parallelamente nel nostro laboratorio, un aumento della prevalenza dei casi di infezione da *P. ovale* tra i casi di malaria di importazione. In questo studio riportiamo 22 dei 106 casi di malaria diagnosticati nel periodo 1999-2004, per i quali è stato necessario l'utilizzo di differenti saggi molecolari per una corretta identificazione.

Metodi. Ventidue campioni di sangue di pazienti con sospetta malaria, sono stati sottoposti ad osservazione microscopica, a 18S-rDNA nested-PCR genere-specifica e a tre PCR specie-specifiche (nested-PCR 1993, 2002 e 2004) che utilizzano tre diverse coppie di "primers" per l'identificazione di *P. ovale*. Gli ampliconi ottenuti sono stati sottoposti ad analisi di sequenza.

Risultati. Mediante esame microscopico 3 campioni erano positivi per *P. falciparum*, 7 per *P. vivax*, 8 per *P. ovale*, 1 per *Pv/Po* e 3 erano negativi. Tutti i 22 campioni erano positivi mediante nested-PCR genere-specifica. La nested-PCR 1993 e la nested-PCR 2002 hanno identificato 14 e 17 *P. ovale*, rispettivamente. Solo la nested-PCR 2004 ha identificato tutti i 22 campioni come appartenenti alla specie *P. ovale*: 20 infezioni singole e 2 miste (1 *Pf+Pm+Po* e 1 *Pf+Po*). L'analisi di sequenza degli ampliconi ha confermato in tutti i casi, la presenza del DNA di *P. ovale*.

Conclusioni. I nostri dati suggeriscono che le infezioni da *P. ovale* possono essere non diagnosticate mediante esame microscopico e 18S-rDNA PCRs. Infatti, ben tre diversi saggi di PCR specie-specifici sono stati necessari per la corretta identificazione dei 22 ceppi di *P. ovale*. L'accuratezza diagnostica raggiunta ha consentito, con costi e tempi contenuti, la corretta diagnosi di malaria da *P. ovale* e di infezioni miste da *P. ovale* con altri plasmodi, consentendo la scelta di una terapia mirata anche in considerazione del fatto che *P. ovale* è causa di malaria recidivante.
