

P196

STUDI FILOGENETICI DI ADENOVIRUS CIRCOLANTI IN ITALIA E LORO IDENTIFICAZIONE IN CAMPIONI D'ACQUA ARTIFICIALMENTE CONTAMINATA.

Muscillo¹ M.; La Rosa¹ G.; De Carolis¹ E.; Sali¹ M.; Manzara² S. e G. Fadda².

¹Istituto Superiore di Sanità, Dipartimento Ambiente e Prevenzione Primaria, Viale Regina Elena 299, 00161 Roma.

²Università Cattolica Sacro Cuore Istituto di Microbiologia, Largo F.Vito 1, 00168 Roma.

Gli adenovirus sono un gruppo estremamente eterogeneo e diffuso di virus che provocano malattie prevalentemente a carico dell'apparato respiratorio sia nell'uomo che negli animali. Sono noti due generi: i mastadenovirus, con 9 gruppi che infettano l'uomo ed altri mammiferi e gli aviadenovirus con 5 gruppi che infettano gli uccelli, per un totale di 120 differenti virus di cui 47 sierotipi isolati dall'uomo. Sono trasmessi attraverso vie oro-fecali piuttosto che respiratorie. Hanno dipendenza stagionale e colpiscono bambini in età scolare durante il periodo estivo ed i militari di leva nel periodo invernale con febbri faringo-congiuntivali. Non vi sono dati recenti sui sierotipi circolanti in Italia né si hanno dati sulla loro presenza nell'acqua destinata alla balneazione. Questi dati sono essenziali per la revisione, in sede comunitaria, delle normative riguardanti i parametri virologici delle acque di balneazione. Ceppi di adenovirus, isolati su cellule Hep2 infettate con tamponi faringei o fecali provenienti da pazienti afferenti al Policlinico A. Gemelli di Roma, sono stati tipizzati mediante metodi sierologici. Successivamente il DNA estratto dai lisati cellulari, è stato analizzato mediante PCR in diverse regioni dell'esone. Gli ampliconi, da 300 a 680 bp, sono stati purificati e sequenziati su sequenziatore a capillare ABI310. Come controlli positivi sono stati utilizzati ceppi di adenovirus 40 e 41 dell'ATCC. Tra i ceppi esaminati, l'adenovirus 1 e 2 sono risultati tra i più frequenti.

L'identificazione degli adenovirus mediante PCR è risultata possibile anche quando è stato esaminato un campione di 100 µl proveniente dalla originaria contaminazione di 10 L di acqua distillata prima infettati con 10^2 - 10^5 TCID₅₀ di adenovirus 40 e poi sottoposti a concentrazione su membrana a flusso tangenziale. La presente metodologia può avere applicazioni utili in campo epidemiologico, clinico ed ambientale.

P197

IL RUOLO EMERGENTE DEL VIRUS TOSCANA NELL'Eziologia delle Meningiti estive nelle Marche

Pauri P.^{1,2}, Marinelli K.¹, Balercia M.¹, Tomassini T.¹

¹UO Virologia, AO Ospedali Riuniti, Ancona;

²Gruppo di Lavoro AMCLI CoSV "Infezioni virali del Sistema Nervoso Centrale"

Scopi: Scopo del presente lavoro è stato quello di esaminare i dati raccolti nel quinquennio 1999-2003 per descrivere la circolazione ed il peso del virus Toscana nelle Marche in 665 casi di meningiti asettiche estive ricoverate in ospedali della regione, sottoposti anche alla ricerca eziologica per un pan-

nello di virus neurotropi (HSV 1-2, VZ, Morbillo, Parotite, Enterovirus), eventualmente esteso, dopo contatti con i Clinici, ad altri agenti (CMV, EBV, Adenovirus, HHV6) per un totale di 1058 campioni esaminati. In particolare è stato indagato il ruolo della ricerca di IgG e IgM anti virus Toscana rispetto alla ricerca dell'RNA su liquor c.s.

E' già stato ampiamente dimostrato che una diagnosi eziologica rapida delle patologie acute da virus neurotropi è estremamente vantaggiosa sia per la gestione e per la prognosi del singolo paziente, sia dal punto di vista dei costi-benefici, in quanto la diagnosi di infezione da virus Toscana permette di dimettere prima il paziente, evitando il ricorso ad una serie di esami costosi e riducendo l'uso di antibiotici non necessari.

Risultati: Lo studio effettuato dimostra un pesante ruolo del virus Toscana nella eziologia delle meningiti estive a liquor limpido nelle Marche, ruolo che risulta in aumento nel corso degli anni, a partire da un 28% nel 1999 fino al 53,7% del totale dei casi nel 2003. I casi con compromissione encefalica rappresentano il 6%.

Per quanto riguarda la distribuzione dei casi nei diversi mesi estivi si osserva la massima incidenza nei mesi di luglio e agosto, ma anche una deriva dei casi nei mesi di settembre e ottobre.

La presenza di IgM sieriche ha permesso la diagnosi nel 98% dei casi, la presenza di IgM liquorali nel 97,5% e la presenza di RNA virale nel 100%, a conferma del fatto che la ricerca di RNA su liquor è un marker precoce ed affidabile.

Conclusioni: La costruzione con i colleghi infettivologi del nostro Dipartimento di Malattie Infettive e Microbiologia di un Profilo di assistenza per la gestione del paziente affetto da meningite o meningo-encefalite, orientata ai criteri della Medicina basata sulle Evidenze, ha permesso di migliorare la resa della diagnosi eziologica su liquor, che viene raccolto al momento del ricovero.

P198

MONITORAGGIO DI INFEZIONE DA CITOMEGALOVIRUS (CMV) NEL PAZIENTE SOTTOPOSTO A TRAPIANTO DI INTESTINO

Nardini G.¹, Merighi A.², Nanni N.¹, Govi V.¹, Bartoletti A.¹, Calvo C.¹, Gennari W.¹, Tamassia G.¹, Pietrosevoli P.¹, Sabbatini A.M.T.¹, Pecorari M.¹.

¹Laboratorio di Virologia, Dipartimento Integrato dei Servizi e di Laboratorio, Policlinico, Modena.

²Gastroenterologia, Dipartimento Integrato di Medicina e Specialità Mediche, Policlinico, Modena.

Nei pazienti trapiantati di intestino/multiviscerale l'infezione da CMV rappresenta una delle complicanze infettivologiche maggiori risultando spesso responsabile di fenomeni di rigetto.

Scopo della ricerca: allo scopo di stabilire il rapporto tra infezione da CMV e rigetto d'organo, 6 pazienti sieropositivi per CMV, trapiantati di intestino presso il Centro Trapianti di Fegato e Multiviscerale del Policlinico di Modena, sono stati monitorati per riattivazione del virus.

Materiali e metodi: polimorfonucleati di sangue periferico sono stati analizzati per la presenza di CMV mediante ricerca dell'antigene pp65 (antigenemia). Genomi di CMV sono stati ricercati e quantificati, tramite Real Time PCR, in campioni di biopsie intestinali.

Risultati e discussione: su 20 episodi complessivi di rigetto, due, **a** e **b**, osservati in due diversi pazienti, presentavano marker positivi per CMV. Nel caso **a**, copie di CMV DNA erano presenti in elevato numero nella biopsia intestinale