

sierotipi, pur presentando significative differenze genomiche, sono responsabili di patologie clinicamente simili e quindi di difficile interpretazione diagnostica; entrambi sono coinvolti in infezioni che interessano i tessuti mucocutanei, in particolar modo volto e genitali.

La cute integra oppone un'efficace barriera verso i virus erpetici che invece sono facilmente veicolati dalla presenza di soluzioni di continuo o lesioni di varia natura. In tali circostanze HSV produce generalmente infezioni modeste e autolimitanti. Discriminante è lo stato immunitario dell'ospite che influenza sia l'insorgenza che la severità dell'episodio infettivo.

Rari sono i casi di follicolite erpetica, in soggetti normali, riportati in letteratura nei quali peraltro non si precisa la natura eziologica di HSV probabilmente a motivo della mancanza di diagnostica differenziale.

L'introduzione di tecniche molecolari in campo virologico ha determinato una svolta nella diagnosi anche di casi di rara osservazione clinica e ad eziologia incerta.

Nel nostro caso, paziente immunocompetente di 52 anni affetto da follicolite ricorrente sulla guancia destra associata a intenso dolore, la ricerca del genoma virale con PCR ha permesso di identificare HSV-2 quale agente eziologico della patologia in esame.

Il paziente era affetto da tale patologia da sette anni, con episodi che in passato ricorrevano 2 volte l'anno, ma che di recente si manifestavano più frequentemente.

Esami batteriologici e micologici eseguiti su tamponi cutanei delle lesioni erano risultati negativi.

Nel luglio 2003 il paziente si è presentato ai clinici con una storia di eruzione follicolare da 5 giorni, dolore intenso e linfadenopatia della regione sottomandibolare sinistra. All'esame obiettivo si osservavano numerose lesioni follicolari senza presenza di vescicole e di segni tipici di infezione virale.

Il test di Tzanck era negativo. L'esame istologico mostrava leggera acantosi dell'epidermide e abbondante infiltrato perivascolare e perifollicolare nel derma adiacente alle aree in evoluzione suppurativa.

Sono state avviate indagini molecolari su campioni di siero, leucociti da sangue periferico (PBL), tamponi superficiali e sezioni istologiche paraffinate provenienti dalle lesioni del volto.

La ricerca di HSV-1, HSV-2 e VZV, i 3 virus erpetici presumibilmente coinvolti nel caso patologico in esame, è stata eseguita mediante l'utilizzo di nested PCR secondo i protocolli indicati dal Produttore Amplimedical Argene-Bioline.

L'analisi molecolare del siero e dei PBL è risultata negativa. Per quanto riguarda i tamponi superficiali e le sezioni istologiche provenienti dalle lesioni del volto sono entrambi risultati positivi per HSV-2.

Dopo trattamento antivirale specifico per via sistemica, si riscontrava guarigione delle aree lese e al follow-up di sei mesi il paziente non riferiva recidive.

Il caso riportato offre interessanti spunti di riflessione in quanto mostra come, anche in pazienti immunocompetenti, le lesioni da HSV-2 possono avere aspetti clinici atipici ed essere erroneamente confuse come infezioni batteriche o fungine. Pertanto la PCR sembra essere uno strumento diagnostico di grande ausilio per la diagnosi di infezione erpetica anche quando le caratteristiche cliniche e istologiche non appaiono suggestive di infezione virale.

P167

INFEZIONE CONGENITA DA CMV E SORDITA' NEUROSENSORIALE NELLA REGIONE PUGLIA.

Calvario A*, Scarasciulli M.L.*, Germinario C*,
Manziona M.A., De Cosmo L.A., Salonna I., Bartoli R.
Manigrasso V°. Papadia F.*, Simonetti S.*.

*Dipartimento Medicina Interna e Medicina Pubblica -
U.O. Igiene, Epidemiologia e Sanità Pubblica II,
Università degli Studi - Policlinico, Bari

^U.O. Neonatologia, Policlinico - Bari

° Dipartimento Oftalmologia e Otorinolaringoiatria - Sezione di
Otologia e Audiologia U.O. ORL "G.Lugli",

Università degli Studi-Policlinico, Bari

**Centro Regionale di Screening U.O. Malattie Metaboliche e
Genetica Clinica - ASL Giovanni XXIII-DiVenere-Bari

Nell'ambito di un co-finanziamento MIUR è stato condotto in Lombardia, Emilia-Romagna, Sardegna e Puglia uno studio volto a definire le caratteristiche epidemiologiche, virologiche e di impatto sulla sanità pubblica dell'infezione congenita da Cytomegalovirus (CMV) utili per la formulazione e la valutazione di interventi di prevenzione.

Relativamente alla popolazione pugliese ciò ha consentito di valutare la prevalenza dell'infezione congenita da CMV e la sua correlazione con la frequenza di sordità neurosensoriale (SNS), la più comune sequela dell'infezione.

Materiali e metodi

Fase prospettica.

Sono stati arruolati 1481 neonati nati nell'U.O. Neonatologia del Policlinico di Bari nel periodo 2002-2003.

Per ogni neonato è stata allestita in terza giornata la Guthrie Card analizzata presso il laboratorio di Virologia dell'U.O. di Bari mediante DBS test, una metodica innovativa che prevede estrazione del DNA di CMV dal sangue essiccato e successiva amplificazione in PCR.

In caso di positività, confermata mediante isolamento virale delle urine prelevate entro la terza settimana di vita, i neonati erano inseriti in un programma di follow-up audiologico per l'accertamento di danni uditivi tramite ABR.

Fase retrospettiva

Per lo studio retrospettivo, su segnalazione degli audiologi dello stesso nosocomio, il DBS test è stato eseguito su Card, recuperate dal Centro regionale di screening, appartenenti a bambini (età 3 mesi-5 anni) con sordità mono o bilaterale con soglia ≥ 40 dBHL.

Risultati

Per quanto riguarda lo studio prospettico, su 1481 Guthrie Card esaminate, 9 (0.6%) sono risultate positive al DBS test; nessun caso positivo è stato confermato con l'isolamento culturale su urine né ha manifestato infezione da CMV.

Per lo studio retrospettivo, su 17 bambini affetti da sordità neurosensoriale 9 (52.9%) presentavano DBS test positivo cui può essere attribuito il deficit auditivo riscontrato dagli specialisti. In 7 casi la perdita auditiva era bilaterale, in 5 casi con ABR assente e in 2 casi con ABR compreso fra 40 e 70 dBHL, rendendo necessario l'impianto cocleare o la protesi; gli altri 2 casi presentavano ipoacusia monolaterale con soglia maggiore o uguale a 70 dBHL.

I restanti 8 bambini ipoacustici con DBS test negativo, affetti da sordità bilaterale con ABR assente o ≥ 85 dBHL, risultavano asintomatici per CMV congenito ed erano giunti all'osservazione dei clinici per ritardo psicomotorio e del linguaggio; per 2 di questi è stata registrata familiarità per ipoacusia.

Considerazioni

La prevalenza dell'infezione congenita da CMV nella coorte

dei neonati screenati è risultata inferiore a quella registrata su territorio nazionale (1,61%). Questo dato merita approfondimento poiché sembra non rispecchiare la realtà della intera regione: su 31 casi di neonati, nati nello stesso periodo dello studio, ospedalizzati in altri nosocomi regionali e giunti alla nostra attenzione, 10 sono risultati affetti da infezione congenita da CMV (dati in pubblicazione).

Per quanto riguarda invece la stima del ruolo dell'infezione congenita da CMV nell'eziologia della SNS, la frequenza è risultata pari al 52.9% relativamente alla totalità dei bambini sordi esaminati (9/17); di questi 4 erano senza causa di sordità o fattori di rischio noti, 4 presentavano sintomatologia severa per CMV (SGA, calcificazioni cerebrali, dilatazione ventricolare, ipotonia) e 1 sintomatologia misconosciuta per CMV.

P168

CORRELAZIONE FRA SIEROTIPO ED ANTIBIOTICORESISTENZE IN CEPPI DI *S. AGALACTIAE* D'ORIGINE BOVINA ED UMANA.

Calzolari M.¹, Polese A.², Bonilauri P.¹, Merialdi G.¹, Ricci L.², Nanetti A.³, Gonfalonieri M.⁴, Dottori M.¹.

¹Istituto Zooprofilattico Sperimentale Lombardia ed Emilia Romagna, sezione di Reggio Emilia.

²Laboratorio di Microbiologia A. O. "Santa Maria Nuova", Reggio Emilia.

³Laboratorio di Batteriologia A. O. "Sant'Orsola-Malpighi", Bologna.

⁴Laboratorio di Microbiologia A. O. "G. da Saliceto", Piacenza.

Streptococcus agalactiae può provocare mastite nei bovini e diverse patologie nell'uomo, in particolare meningiti neonatali. Sia i ceppi umani che bovini mostrano gli stessi antigeni polisaccaridici. Scopo della ricerca è stabilire quanto i ceppi di origine umana e bovina siano simili.

Sono stati testati in totale di 466 ceppi, 197 bovini, isolati in diverse sezioni dell'IZSLER, 269 umani, provenienti da 4 diversi ospedali emiliani (il 63,9% isolati da carriers e il 36,1% isolati da materiale patologico).

Di ogni ceppo è stata la individuata la MIC (Etest®) per sei antibiotici: benzilpenicillina, tetraciclina, eritromicina, clindamicina, cefalexina e trimetoprim più sulfamidico; inoltre sono stati tutti sierotipizzati tramite agglutinazione su vetrino (kit Denka-Seiken).

Sia la distribuzione dei sierotipi che la risposta agli antibiotici differenzia fortemente le due popolazioni.

Per quanto riguarda i ceppi umani il sierotipo predominante è il III (32%) seguito dal Ia (17,1%), nei ceppi bovini il sierotipo IV è di gran lunga il più abbondante (22,3%), seguito dal Ib e dal III (5,6%), inoltre fra questi ultimi si evidenzia un'alta percentuale di non tipizzabili (39,6%). Nessun ceppo è del VI e dell'VIII, 4 (uno dei quali bovino) sono del raro sierotipo VII.

Per quanto riguarda la risposta antibiotica tutti i ceppi sono sensibili alla benzilpenicillina. I ceppi umani mostrano percentuali maggiori di resistenti, in particolare alla tetraciclina, ma anche per gli altri antibiotici.

Sono emersi diversi fenomeni di multiresistenza, in particolare fra eritromicina, clindamicina e tetraciclina; inoltre fra tetraciclina e trimetoprim più sulfamidico.

Molto interessante è notare come alcuni sierotipi, in particolare il III e il V, mostrino, rispetto agli altri, maggiori percentuali di resistenti nella risposta semplice ad alcuni antibiotici e un maggior numero di ceppi multiresistenti. Occorre sottolineare che questi sierotipi sono stati anche indicati

come i più virulenti e diffusi nelle patologie umane provocate da *S. agalactiae*, in particolare nelle meningiti neonatali, inoltre il sierotipo V è, negli ultimi anni, in forte emergenza.

P169

DUE ANNI DI ESPERIENZA CON IL TEST NAT PER HCV/HIV-1. INCIDENZA PREVALENZA E RISCHIO RESIDUO IN PIEMONTE.

Chiara M, Ghiazza P, Demarin G, Demarchi G, Gariglio V, Martinelli A, Trivè M, Massaro A.L.

Dip.A-Medicina Trasfusionale, AO OIRM S.Anna-Torino.

Introduzione: In Italia lo screening NAT per la ricerca di HCV-RNA su tutte le unità di sangue trasfuse è obbligo di legge dal 29 Giugno 2002 (C.M 14 del 19.12.2001). Il Piemonte, recependo le raccomandazioni della C.M. 17 del 30.10.2000 e DGR 28-3449 del 9.07.2001, introdusse la ricerca di HCV-RNA nello screening trasfusionale a partire dal 1 Novembre 2001. In questo lavoro sono presentati i dati epidemiologici della popolazione di donatori afferenti ai SIT della Regione Piemonte dopo due anni dall'introduzione del test NAT.

Metodi: In Piemonte per lo screening NAT sono attivi 14 laboratori che eseguono la ricerca di HCV-RNA e HIV-1-RNA mediante due tecnologie diverse: Chiron Procleix e Roche Ampliscreen. Sono state calcolati per HCV e per HIV: l'incidenza, la prevalenza ed il rischio residuo RR.

Risultati: In due anni sono state testate 450000 unità di sangue per HCV-RNA e 300000 per HIV-RNA. La prevalenza per HCV è stata pari a 183.4/100000 donazioni nel 2002 e 139.4 nel 2003; mentre per HIV si sono registrati i seguenti tassi/100000 donazioni: 10.3 (2002) e 13.9 (2003). Nel 2002, l'incidenza di nuovi casi di infezione è stata di 1.86/100000 donazioni per HCV e di 0.83 per HIV; nel 2003 di 1.44 per HCV e di 1.28 per HIV per 100000 donazioni. Il RR calcolato nel 2002 è stato di 2.54/milione donazioni per HCV e di 0.96 per HIV; mentre nel 2003 di 1.87 per HCV e di 0.8 per HIV.

Conclusioni: questo è il primo lavoro in cui viene riportato il rischio residuo di trasfondere sangue infetto per HCV e/o HIV dopo due anni dall'introduzione del test NAT nello screening trasfusionale. I Tassi di incidenza e prevalenza nella popolazione di donatori in Piemonte sono confrontabili con quelli riportati dall'ISS per la regione estesa del Nord Italia.

P170

EXPRESSION OF p16INK4a IS A PROGNOSTIC FACTOR IN CERVICAL CANCER, RELATED TO GRADE OF CIN AND HIGH-RISK HUMAN PAPILLOMAVIRUS (HPV) BUT DOES NOT PREDICT VIRUS CLEARANCE AFTER CONE TREATMENT

Ciotti M., Paba P., Benedetto A., Branca M., Syrjänen K.¹, Favalli C.

Laboratorio di Microbiologia e Virologia Clinica, Policlinico Universitario Tor Vergata

¹Istituto Superiore di Sanità, Laborotio di Epidemiologia e Biostatistica, Roma

Objective: One of the molecular mechanisms interfering