

**G064****CARATTERIZZAZIONE GENOMICA DI CEPPI DI *HELICOBACTER PYLORI* CON L'IMPIEGO DELLE TECNICHE ERIC-PCR E REP-PCR.**

Donati M., Sgarzani C.\*, Storni E., Pollini G.M.,  
Bandi C.\*\*\*, Sambri V., Cevenini R.

Dipartimento di Medicina Clinica Specialistica e Sperimentale - Sezione di Microbiologia, Università di Bologna, Policlinico S. Orsola, Bologna, \*Servizio di Gastroenterologia, Ospedale S. Maria delle Croci, Ravenna, \*\*Dipartimento di Patologia Animale, Igiene e Sanità Pubblica Veterinaria, Università di Milano.

All'interno della specie *H. pylori* esiste un elevato grado di variabilità genomica. Numerose tecniche di biologia molecolare sono state utilizzate al fine di differenziare i ceppi isolati di *H. pylori*.

Nel presente lavoro è stata eseguita una caratterizzazione genomica di 74 ceppi di *H. pylori* isolati da pazienti sottoposti a gastroduodenoscopia. A tale scopo, sono state impiegate le tecniche ERIC-PCR e REP-PCR.

La metodica ERIC-PCR ha permesso la distinzione dei ceppi di *H. pylori* in due clusters: al primo apparteneva il 47.5% dei ceppi isolati da pazienti con dispepsia non ulcerosa, mentre nel secondo erano compresi in prevalenza (41.2%) ceppi provenienti da pazienti con ulcera e, in più bassa percentuale (29.4%), ceppi isolati da soggetti asintomatici. Una percentuale simile nei due clusters (15% e 14.7% rispettivamente), era rappresentata da ceppi provenienti da pazienti con carcinoma.

Con la tecnica REP-PCR sono stati distinti tre clusters: in uno era raggruppato il 50% dei ceppi isolati dai pazienti dispeptici, mentre erano distribuiti in tutti e tre, con percentuali simili (18.6%, 16.6% e 11.5%), i ceppi provenienti da pazienti con carcinoma. I ceppi isolati da pazienti con ulcera peptica sono stati distribuiti con percentuali simili (37% e 38.5%) in due dei tre clusters.

I dati ottenuti nel presente studio con l'analisi computerizzata dei clusters suggeriscono che, mentre il carcinoma gastrico e la dispepsia non ulcerosa non sembrano essere associati a nessun particolare cluster, gli isolati da quadri di ulcera peptica sono stati associati nel nostro lavoro in un cluster distinto con la ERIC-PCR e in due diversi clusters con la REP-PCR.

L'analisi del genoma dei ceppi di *H. pylori* con l'impiego di una di queste tecniche o di entrambe può essere quindi utile per tipizzare i ceppi di *H. pylori* e per individuare eventuali associazioni tra il loro DNA e patologie ad esso correlate.

**G065****RETE ENTER-NET, IL SISTEMA DI SORVEGLIANZA EUROPEO SUGLI ISOLAMENTI DI SALMONELLA RAPPORTO QUADRIENNALE, ITALIA 1999-2002**

Galetta P., Caprioli A., Tozzi A., Arena S., Filetici E., Dionisi A.M., Lana S., Owczarek S., Luzzi I.

Istituto Superiore di Sanità, viale Regina Elena, 299  
00161 Roma

Le tossinfezioni alimentari sostenute da un patogeno ubiquitario come Salmonella rappresentano un rilevante problema di sanità pubblica per l'elevata morbosità e per la rilevanza

in termini economici, soprattutto in occasione di eventi epidemici. Le misure di profilassi e di controllo delle infezioni trasmesse da alimenti devono affidarsi a solidi sistemi di sorveglianza basati sui laboratori di microbiologia.

Enter-Net è la rete Europea di sorveglianza delle infezioni enteriche che effettua il monitoraggio delle infezioni da Salmonella, *E.coli* O157 ed altri *E.coli* produttori di verocitotossina. La rete è attiva dal 1994 e coinvolge tutti i Paesi dell'Unione Europea. Il coordinamento europeo della rete Enter-Net è presso l'HPA di Colindale. La rete nazionale Enter-Net Italia, coordinata dall'Istituto Superiore di Sanità, si avvale della partecipazione di laboratori diagnostici che operano nel settore di microbiologia clinica, veterinaria e ambientale.

Negli ultimi quattro anni di attività, la struttura della rete ENTER-NET Italia si è consolidata. L'attività di sorveglianza integrata (isolamenti da uomo, da animali, da alimenti e da ambiente), di tipizzazione, di monitoraggio dell'antibiotico resistenza, ha permesso di conoscere l'ecosistema delle salmonelle italiane, di determinare sierotipi emergenti, di valutare il fenomeno della resistenza multipla agli antibiotici. Questo ha consentito che i dati italiani venissero diffusi e analizzati insieme a quelli degli altri Paesi europei e che venissero identificati e controllati episodi epidemici di tossinfezione alimentare sia di carattere nazionale che transnazionale. Tuttavia, occorre implementare a livello nazionale un rapido flusso di informazioni, migliorare la completezza delle segnalazioni ricevute ed incrementare la copertura geografica che è carente in alcune regioni come è evidenziabile dal confronto tra segnalazioni alla rete Enter-Net e notifiche di salmonellosi.

[galetta@iss.it](mailto:galetta@iss.it)

**G066****INTEGRITÀ DELL'ISOLA DI PATOGENICITÀ DI *HELICOBACTER PYLORI* ED ASSOCIAZIONE CON L'ULCERA PEPTICA**

Gomez-Miguel M.J.<sup>1</sup>, Petrucci C.<sup>1</sup>, Topa S.<sup>1</sup>, Benedetti I.<sup>1</sup>, Pietroiusti A.<sup>2</sup>, Porowska B.<sup>3</sup>, Covotta A.<sup>4</sup>, Mascelino M.T.<sup>5</sup>, Luzzi I.<sup>1</sup>.

<sup>1</sup>Dip. Malattie Infettive, Parassitarie e Immunomediate, Istituto Superiore di Sanità, Roma, <sup>2</sup>Dip. Medicina Interna, Università "Tor Vergata", Roma, <sup>3</sup>Dip. Chirurgia generale "Paride Stefanina", <sup>4</sup>Dip. Scienze Chirurgiche e Tecnologie Mediche Applicate e <sup>5</sup>Clinica di Malattie Infettive, Università "La Sapienza", Roma

Due putativi fattori di virulenza di *H. pylori* (HP), l'isola di patogenicità (*cagPAI*) e la tossina vacuolizzante (*vacA*), sono stati associati ad un incremento nel rischio di sviluppare ulcera peptica (UP) o carcinoma gastrico nei soggetti infetti da questo batterio. CagA, una proteina fortemente immunogenica codificata da uno dei geni della *cagPAI*, viene utilizzata come marker della presenza dell'isola, analizzando la risposta serologica specifica dell'ospite e/o la presenza del gene nel batterio. La intensa attività proinfiammatoria dei ceppi *cagPAI*-positivi non è dovuta, però, al *cagA*, ma ad altri geni della *cagPAI*, la cui assenza potrebbe modificare la virulenza del batterio. Scopo del nostro lavoro è stato caratterizzare la diversità genetica del *cag PAI* ed il *vacA* in ceppi di HP, e analizzare la loro associazione con l'UP. Sette geni del *cag PAI* (*cagA*, *cagE*, *cagF*, *cagM*, *cagT*, *cagI3* e *cag 6*), l'empty site e le varianti alleliche s/m del *vacA* di 131 ceppi di HP (47 da soggetti con UP e 84 da soggetti con dispepsia non ulcerosa, NUD) sono stati analizzati mediante PCR. Il