

PARASSITI E BATTERI GASTROINTESTINALI IN PAZIENTI CON GASTROENTERITI

Fiorilla C.^{1,2}, Berrilli F.¹, Guadano Procesi I.^{1,2}, D'Agostini C.^{3,4}, Di Cave D.^{1,2}

¹ Dipartimento di Scienze Cliniche e Medicina Traslazionale – Università di Roma Tor Vergata

² Laboratorio di Microbiologia, Unit Parassitologia, A.F. Med. Laboratorio, Policlinico Tor Vergata Roma

³ Laboratorio di Microbiologia, Unit Appropriatazza prescrittiva, A.F. Med. Laboratorio, Policlinico Tor Vergata, Roma

⁴ Dipartimento di Medicina Sperimentale-Università Tor Vergata, Roma

Introduzione e scopo

Le infezioni causate da parassiti e batteri del tratto digerente umano costituiscono una problematica rilevante per la salute pubblica a livello globale. Il microbiota intestinale è un ecosistema altamente dinamico e complesso, che svolge un ruolo cruciale nel mantenimento della salute umana e ha varie funzioni fisiologiche. Oggetto ancora oggi di discussione è il ruolo nell'ambito del microbiota intestinale di diversi parassiti come *Blastocystis* sp., *Dientamoeba fragilis*, *Giardia duodenalis* ed *Enterocytozoon bieneusi*.

In questo lavoro sono stati analizzati campioni fecali di pazienti sintomatici per la ricerca di parassiti e successiva caratterizzazione molecolare. Un ulteriore obiettivo è stato quello di valutare la possibile correlazione tra infezioni sostenute da batteri e parassiti all'interno dello stesso paziente.

Materiali e metodi

La ricerca di parassiti su campioni fecali è stata eseguita mediante lo strumento Novodiag® Stool Parasites (Hologic), mentre quella batteriologica tramite lo strumento NIMBUS (Seegene). Campioni positivi per parassiti sono stati successivamente sequenziati con il metodo Sanger al fine di ottenerne la caratterizzazione molecolare.

Risultati

Da novembre 2023 a maggio 2024, presso il laboratorio di Microbiologia del Policlinico di Tor Vergata, sono stati analizzati 1282 campioni fecali, di questi 226 unicamente con richiesta di esame parassitologico, 892 solo per indagine batteriologica, mentre 164 presentavano la richiesta per entrambi. Su 390 campioni con richiesta parassitologica 97 sono risultati positivi: 55 (57%) per *Blastocystis* sp., 26 (27%) per *D. fragilis*, 6 (6%) *G. duodenalis*, 2 (2%) *E. bieneusi*, 2 (2%) *Entamoeba histolytica*, 2 (2%) *Cryptosporidium* spp., 2 (2%) *Enterobius vermicularis*, 1 (1%) *Strongyloides stercoralis*, 1 (1%) *Schistosoma* spp. Dai campioni di *Blastocystis* sp. sequenziati sono stati rilevati principalmente i sottotipi ST3 e ST4, mentre per *E. bieneusi* un isolato è stato associato al genotipo A e un isolato al genotipo K. Dei 1056 campioni con ricerca per batteri 202 sono risultati positivi, tra questi 95 (47%) per *Clostridium difficile*, 31 (15%) per *Aeromonas* spp. e 23 (11%) per *Escherichia coli* enteropatogeno. Solo 7 campioni sono risultati positivi a coinfezioni batteri-parassiti.

Conclusioni

Blastocystis sp. e *D. fragilis* risultano essere i parassiti maggiormente presenti in questa coorte di pazienti sintomatici analizzati. Il ruolo patogeno di questi protisti viene discusso alla luce della loro presenza nei campioni studiati anche in associazione con altri microorganismi patogeni.