## Infezioni da coronavirus umani non-SARS, non-MERS e rischio di malattia di Kawasaki: una meta-analisi.

*Patra PK et al. Non-SARS, non-MERS human coronavirus infections and risk of Kawasaki disease: a meta-analysis. Future Virol. 2021 Nov:10.2217/fvl-2021-0176.*

La malattia di Kawasaki (MK) è una comune vasculite infantile la cui eziologia rimane sconosciuta. Una complessa interazione di agenti infettivi e fattori ambientali in individui geneticamente predisposti si ritiene che dia origine a questo disturbo. Molti agenti virali che entrano nell'organismo attraverso il tratto respiratorio sono stati implicati nella patogenesi della MK. Questo è ulteriormente supportato dalla presenza stagionale di MK in alcuni paesi. Il picco di incidenza di MK in Giappone e negli Stati Uniti si osserva durante l'inverno/estate e la primavera/inverno, rispettivamente. I virus che possono scatenare la MK includono adenovirus, parvovirus, influenza e parainfluenza. Tuttavia, non è noto se ci sia una relazione causale tra questi agenti e la KD.

I coronavirus umani (HCoV) appartengono alla sottofamiglia Orthocoronavirinae della famiglia Coronaviridae. Di quattro sottofamiglie, due (alfa e beta) causano infezioni respiratorie e gastrointestinali negli esseri umani. In tempi recenti, c'è stato un gran numero di rapporti su una malattia simile alla MK scatenata dalla infezione da SARS-CoV-2, denominata come sindrome multisistemica pediatrica temporalmente associata alla SARS-CoV-2 nell'UE (PIMS-TS), e sindrome infiammatoria multisistemica pediatrica (MIS-C) negli Stati Uniti. Tuttavia, lo stesso fenomeno è stato scarsamente osservato nei paesi del nord-est asiatico, come il Giappone, la Corea e Taiwan, che hanno tassi di incidenza molto più alti di MK. Questo ha aperto un nuovo dibattito sul ruolo putativo dell'infezione da HCoV nell'evoluzione della MK.

Gli autori del presente lavoro hanno condotto una revisione sistematica con meta-analisi al fine di capire se l'infezione da HCoV aumentava il rischio di sviluppo di MK nei bambini di tutti i gruppi di età. Sono stati inclusi studi osservazionali che miravano a studiare l'associazione dell'infezione da HCoV con la MK sia in comunità che in ospedale. Sono stati inclusi 10 studi, pubblicati tra il 1967 e maggio 2021, che facevano riferimento ad una popolazione complessiva di 17732 bambini, di età compresa fra i 2 mesi e i 15 anni.

Rispetto ai i controlli, quelli che avevano un'infezione documentata da HCoV avevano un rischio maggiore di sviluppare la MK (random-effect model: OR 2.3 [95% CI:1.06–4.99]; fixed-effect model: OR 2.16 [95% CI: 1.47–3.15). Nessun particolare sierotipo di HCoV è stato trovato associato a questo aumento del rischio. Il livello di evidenza, tuttavia, viene considerato "low". Le probabili ragioni erano l'eterogeneità tra gli studi, la scarsa progettazione metodologica e la segnalazione selettiva dei risultati. Tra gli studi pubblicati è stato notato un bias di pubblicazione.

Gli autori commentano che, per sostenere o confutare questa evidenza, occorrono studi prospettici multicentrici. I risultati saranno di grande importanza per la salute pubblica perché le malattie simili alla MK sono strettamente associate alla pandemia di SARS-CoV-2.