

large di BKV determini la produzione di anti-dsDNA secondo un meccanismo aptene-carrier. Scopo di questo studio è di indagare la correlazione tra BKV ed autoimmunità in trapiantati renali valutando la prevalenza di anticorpi non-organ-specifici (NOSA): anti-nucleo (ANA), anti-muscolo liscio (SMA), anti-mitocondrio (AMA) ed anti-microsomi epatici e renali (LKM) mediante immunofluorescenza indiretta (IIF).

**Metodi.** Campioni sierici di 95 trapiantati renali (64 M, 31 F; età media 54.07 anni, range 19-78), raccolti nel follow-up post-trapianto (media  $\pm$  SD, 8.5  $\pm$  15.6 mesi; range 1-104), sono stati testati mediante IIF, diluiti 1:40, su sezioni criostatiche di fegato, rene e stomaco di ratto e su cellule HEp-2. L'infezione da BKV è stata valutata mediante BKV-DNA con PCR quantitativa-competitiva.

**Risultati.** NOSA erano presenti in 25 su 95 (26.3%) pazienti: 18 ANA e 6 SMA. Un paziente era positivo sia per ANA sia per SMA. Nessun paziente era positivo per AMA o LKM. Il pattern ANA era omogeneo in 13 pazienti, granulare in 3, nucleolare in 2. BKV era positivo in 16 su 95 (16.8%) pazienti (carica virale, media 228530 copie/ml; range 160-1600000): 3 NOSA-positivi e 13 negativi. BKV era negativo in 79 su 95 (83.2%) pazienti: 22 NOSA positivi e 57 negativi.

**Conclusioni.** La differenza di prevalenza di NOSA tra pazienti BKV positivi e negativi non era significativa. Non sembra esistere una correlazione tra BKV e NOSA nei trapiantati renali. Ulteriori studi su campioni pre- e post-trapianto ed una popolazione più ampia potrebbero chiarire meglio questi risultati.

## 090

### NON-ORGAN-SPECIFIC AUTOANTIBODIES IN CMV PP65-ANTIGENAEMIA-POSITIVE AND -NEGATIVE RENAL TRANSPLANT RECIPIENTS

<sup>1</sup>Costa C., <sup>1</sup>Bergallo M., <sup>2</sup>Touscoz G. A., <sup>1</sup>Sidoti F., <sup>1</sup>Merlino C., <sup>3</sup>Segoloni G.P., <sup>4</sup>Giacchino F., <sup>1</sup>Cavallo R..

<sup>1</sup>Department of Public Health and Microbiology, Virology Unit, University of Turin.

<sup>2</sup>S.C.D.U. Gastrohepatology, Laboratory of Digestive and Hepatic Pathophysiology, Molinette Hospital, Turin.

<sup>3</sup>Department of Internal Medicine, Renal Transplant Unit, Molinette Hospital, Turin.

<sup>4</sup> Nephrology Unit, Ivrea Hospital, Italy

**Introduction.** A relation between CMV and non-organ-specific antibodies (NOSA) has been reported, hypothesizing a role in the development of rejection in transplant recipients.

**Objectives.** to investigate presence of NOSA (antinuclear [ANA], anti-smooth muscle [SMA], anti-mitochondrial [AMA], anti-liver-kidney-microsomal [LKM] antibodies), relation to CMV infection and development of acute rejection in renal transplant recipients.

**Methods.** NOSAs were evaluated in 132 serum samples, from 59 patients (39 M, 20 F; mean age 53.5 years, range 19-78), collected at the time of transplant and during the follow-up post-transplantation (median 35 days, range 4-630) by indirect immunofluorescence on sections of rat liver, kidney and stomach, and on HEp-2 cell lines. CMV infection was evaluated by pp65-antigenaemia.

**Results.** NOSAs were positive in 26 of 132 (19.7%) samples obtained from 15 patients: ANA, SMA and LKM were pre-

sent, respectively, in 21, 5 and 1 case (one sample positive for both ANA and SMA): 17 antigenaemia-negative and 9 antigenaemia-positive ( $p = n.s.$ ). None was positive for AMA. Pp-65 antigenaemia was positive in 36 samples (27.2%; number of pp-65-positive cells/200.000 PMN: 1-50 in 27, >50 in 9): 9 NOSA-positive and 27 NOSA-negative ( $p = n.s.$ ). Acute rejection developed in 8 patients: 3/36 pp65-positive cases vs 5/96 pp65-negative cases ( $p = n.s.$ ) and in 4/26 NOSA-positive cases vs 4/102 NOSA-negative cases ( $p = 0.07$ ,  $n.s.$ ).

**Conclusions.** It doesn't seem to exist a relation between CMV infection, NOSAs and acute rejection in renal transplant recipients. Nevertheless, the development of acute rejection tended to be more frequent in NOSA-positive patients.

## 091

### DISTRIBUZIONE DEI GENOTIPI DI HBV NELL'AREA NOVARESE

Crobu M.G., Ravanini P., Nicosia A.M., Grossini E., Cagliano M., Fonio P., Fortina G.

Azienda "Ospedale Maggiore della Carità" - Novara - Laboratorio Microbiologia e Virologia

**Introduzioni.** Si conoscono almeno 8 genotipi principali di HBV, classificati con le lettere da A a H. La distribuzione geografica di questi genotipi è molto caratteristica. Nelle regioni mediterranee prevale nettamente il genotipo D.

Studi recenti hanno indicato come il genotipo virale influisca grandemente sul decorso della malattia epatica: il genotipo A è associato a lenta progressione, mentre i genotipi C e G sono associati a maggiore rapidità di evoluzione verso la cirrosi. Il genotipo D è associato a maggiore gravità della patologia epatica, se comparato con i genotipi A e C, e ancor più se comparato con il genotipo B.

Altri studi hanno invece associato il genotipo con la risposta ai trattamenti antivirali. Da queste indicazioni emerge una migliore risposta dei genotipi A e B all'Interferone, se confrontati con i genotipi C e D, che invece presentano una scarsa risposta a questo tipo di trattamento.

La conoscenza del genotipo virale potrebbe quindi essere utile clinicamente per poter decidere correttamente quale tipo di trattamento intraprendere, sempre in considerazione degli altri parametri clinici.

**Metodi.** In questo studio abbiamo voluto valutare la distribuzione dei genotipi di HBV nell'area afferente all'ospedale di Novara, allo scopo di verificare se il genotipo D sia l'unico presente o se vi sia una consistente presenza anche di altri genotipi virali.

**Risultati.** Tra i 120 casi di pazienti HBV cronici, abbiamo riscontrato 98 genotipi D (pari all'81%), e 22 genotipi non-D (pari al 19%). Tra questi ultimi il genotipo prevalente è risultato il genotipo A (18 casi - 15% del totale), seguito dal genotipo E (3 casi), e dal genotipo C (1 caso).

Questi risultati indicano come nella nostra regione vi sia una elevata prevalenza di genotipo D, come previsto, ma anche una consistente presenza di genotipo A, considerato più sensibile all'Interferone. La ricerca del genotipo virale di HBV potrebbe quindi essere utile al clinico per la corretta scelta terapeutica, anche nelle nostre regioni geografiche.