

092

### CONFRONTO TRA SISTEMI AUTOMATICI NELLA DETERMINAZIONI SIEROLOGICHE DI HBV, HCV E HIV

De Rango C., Gianello R., Dusi D., Molinari C., Faccoli R.

Servizio di Medicina di Laboratorio,  
Fondazione Poliambulanza Istituto Ospedaliero, Brescia.

**Introduzione e scopo del lavoro.** Abbiamo inteso confrontare le prestazioni analitiche di due sistemi automatizzati con lettura in chemiluminescenza (Architect, Abbott Diagnostics e Vitros Eci, Ortho Clinical Diagnostics) per le analisi dei marcatori sierologici di infezione da virus HBV, HCV e HIV. **Metodi.** Campioni di "routine" (n= 24) sono stati analizzati in parallelo con i due sistemi. I campioni reattivi per HBsAg, anti-HCV o anti-HIV sono stati analizzati con test di secondo livello. **Risultati.**

- A) HBsAg: su 224 campioni la concordanza era 99,1%, con una migliore specificità Architect (100% vs. 99,45%). Abbiamo analizzato la correlazione tra il segnale Architect e quello Vitros su 21 campioni positivi, trovando una relazione lineare ( $r=0,976$ ).
- B) Anti-HCV: 224 campioni, concordanza 95,1%, 11 discrepanti di cui 10 reattivi Vitros e negativi Architect (6 negativi e 4 indeterminati al RIBA), per una specificità del 98,7% con Architect e del 91,8% con Vitros.
- C) Anti-HIV: 106 campioni, concordanza 95,3%; i 5 discrepanti (tutti reattivi Vitros e negativi Architect) erano falsi positivi: sui 4 positivi sia con Architect che con Vitros, due erano positivi per antigene p24 con il test Vidas p24 Duo.
- D) anti-HBs: su 41 campioni clinici la concordanza era quasi assoluta: l'unico discordante era debolmente positivo con Architect (15,6 mUI/mL) e negativo con Vitros (5 mUI/mL). La correlazione tra i due test su 26 campioni era buona ( $r=0,906$ ), con i valori Architect più elevati.
- E) Altri marcatori HBV: concordanza quasi assoluta su 28 determinazioni tra HBeAg, anti-HBe e anti-HBc.

**Conclusioni.** I test sierologici sul sistema Architect appaiono più specifici dei corrispondenti test sul sistema Vitros, con delle importanti implicazioni gestionali e di spesa. Inoltre, la possibilità della determinazione simultanea di antigene p24 e anticorpi anti-HIV, garantita dal test Architect HIV Ag/Ab Combo, è di concreta utilità nella diagnosi precoce dell'infezione da HIV.

093

### CONFRONTO TRA DATABASE ONLINE PER LA SOTTOTIPIZZAZIONE DI SEQUENZE HVI-1

Di Nicuolo G.<sup>1</sup>, Battisti S.<sup>1</sup>, La Porta R.<sup>1</sup>, Starace M.<sup>1</sup>, Gargiulo M.<sup>2</sup>, Vigiueti R.<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Servizio di Virologia,  
<sup>2</sup>3<sup>a</sup> Divisione Malattie Infettive, A. O. "D. Cotugno", Napoli

**Introduzione.** Le sequenze del gene *pol* di HIV-1 ottenute con il test di farmaco-resistenza sono anche usate per la sottotipizzazione. Scopo di questo lavoro è stato confrontare tre database online comunemente usati per la definizione del sot-

totipo e delle forme circolanti ricombinanti (CRFs) di HIV-1. **Materiali e metodi.** Sono state incluse nello studio le sequenze del gene *pol* di HIV-1 di 442 soggetti arruolati per il test di farmaco-resistenza. Il sequenziamento è stato effettuato con kit ViroSeq™ HIV-1 Genotyping System (Celera Diagnostics, USA) su ABI Prism 377 DNA Sequencer (Applied Biosystem, USA). Le sequenze sono state sottoposte ad interpretazione per la definizione del sottotipo ai database Stanford://hivdb.stanford.edu/, NCBI://ncbi.nih.gov/REGA://dbpartners.stanford.edu/RegaSubtyping/

**Risultati.** Di 442 sequenze: 397=B (89,9%), 45 non-B (10,2%), i tre sistemi analitici hanno fornito risultati concordanti per 378 (85,5%): B=355 (89,4%), non-B=23 (37,8%). Una significativa discordanza ( $p<0,001$ ) è stata osservata nella definizione dei sottotipi non-B. Stanford ha assegnato il sottotipo non-B in tutti i casi: 35 sottotipi o CRFs definiti e 10 misti (sottotipo o CRF differente per RT e PR); REGA solo in 37 casi come sottotipo o CRF definito (8 non assegnati); NCBI in 28 casi come sottotipo o CRF definito e in 17 misto (2 o più sottotipi/CRFs). I 23 risultati concordanti dei tre sistemi analitici per sottotipo non-B erano: CRF02\_AG=16, A=3, C=2, D=1, G=1. Stanford e REGA hanno dato risultati concordanti in n=31 (68,9%) casi, Stanford ed NCBI in n=23 (51,1%), REGA ed NCBI in n=27 (60,0%). Dei 22 risultati discordanti Stanford ne ha assegnati 12 come sottotipi o CRFs definiti e 10 misti, REGA 14 come sottotipi definiti e 8 (17,8%) non assegnati, NCBI 4 definiti e 18 misti.

**Conclusioni.** Nell'85% dei casi c'è una buona concordanza tra i tre approcci analitici. La concordanza è soddisfacente per il sottotipo B (89,4%), mentre per i non-B si osserva una discordanza statisticamente significativa. L'applicazione alla pratica clinica di questi sistemi per la sottotipizzazione di HIV-1 deve essere considerata con prudenza.

094

### SORVEGLIANZA EPIDEMIOLOGICO-MOLECOLARE DEI VIRUS RESPIRATORI IN UNA COORTE DI SOGGETTI PEDIATRICI (2004)

Perin S.<sup>1</sup>, Tanzi E.<sup>2</sup>, Ruzza ML.<sup>3</sup>, Amendola A.<sup>2</sup>, Colzani D.<sup>2</sup>, Podestà AF.<sup>3</sup>, Farina C.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>UO Microbiologia,  
<sup>2</sup>UO Pediatria - AO 'Ospedale San Carlo Borromeo' - Milano e  
<sup>3</sup>Dipartimento di Sanità Pubblica - Microbiologia  
- Virologia dell'Università degli Studi di Milano, Milano

**Introduzione.** La sorveglianza epidemiologico-molecolare dei virus respiratori nelle popolazioni a maggior incidenza di infezioni respiratorie acute (ARI), quale quella pediatrica, è un elemento essenziale per predisporre strategie diagnostiche, terapeutiche e preventive sempre più mirate. Inoltre consente di correlare la manifestazione clinica all'assetto genetico dei virus coinvolti.

**Materiali e metodi.** Nel periodo marzo-maggio 2004 sono stati arruolati 108 soggetti di età pediatrica (59M, 49F; età media: 32.1 mesi) con sintomatologia correlabile ad ARI. Ad ognuno di essi è stato effettuato un tampone oro-faringeo (TF) successivamente analizzato mediante l'applicazione di un pannello di saggi molecolari per la diagnosi virologica:

- 1) *multiplex*-PCR per la determinazione simultanea dei virus Influenzali A e B e dell'RSV;