

P201**INFEZIONI DA EPSTEIN-BARR VIRUS
ANALISI DELLA CASISTICA DI UN ANNO
PRESSO L'OSPEDALE AMEDEO DI SAVOIA
DI TORINO.**

Pistonio P.G., Martorana M., Allegramente L., Gregori G., Milia M.G., Faraoni S., Simoncelli B., Di Garbo A., Bossi V., Piro F.

Laboratorio di Virologia e Microbiologia Ospedale Amedeo di Savoia di Torino (ASL 3)

Il virus di Epstein-Barr (EBV) infetta la maggior parte degli esseri umani in ogni parte del mondo.

L'età della prima infezione varia a seconda delle condizioni socioeconomiche e dello stile di vita delle popolazioni; essa si manifesta o come Sindrome mononucleosica o in forma clinicamente inapparente. A seguito della prima infezione il soggetto rimane portatore del virus per tutta la vita con quadro sierologico caratteristico (positività IgG anti-VCA e anti-EBNA1) che può tuttavia mutare nel tempo in corso di altre infezioni virali o di depressione del sistema immunitario.

Obiettivo dello studio retrospettivo è ricavare informazioni utili ai fini diagnostici.

Materiali e metodi

È stata studiata l'intera casistica dell'anno 2003 con 1685 campioni provenienti da pazienti con età da 0 a 86 anni. Sono stati ricercati (insieme o alternativamente) anticorpi eterofili, IgG ed IgM anti-VCA, EA ed EBNA1 con metodi Immunoenzimatici (Diasorin, Biotest) ed Immunoblot (Mikrogen-Arnika).

Risultati

110 campioni (7.3%) sono risultati sieronegativi per EBV; 162 (10.4%) mostravano un quadro anticorpale compatibile con Infezione Primaria da EBV; 1413 (83%) venivano classificati come compatibili con Infezione Progressiva o stato sierologico di Riattivazione.

Erano sieronegativi il 67% dei bambini da 0 a 2 anni, il 32% da 3 a 11, il 18% da 12 a 19 il 2-3% da 20 a 47; meno dell'1% dei casi oltre i 48 anni.

Il 94.6% dei pazienti con Infezione Primaria aveva età inferiore a 38 anni; il 4.7 % età compresa tra 38 e 47; lo 0.7% maggiore di 48 anni.

La stagionalità della Infezione Primaria da EBV variava significativamente nelle fasce di età considerate con una periodicità diversa a seconda delle differenti occasioni e modalità di contagio.

Concludendo riteniamo che un percorso diagnostico che tenga conto dei rilievi epidemiologici delle singole popolazioni possa sicuramente migliorare la propria efficacia riducendo il rapporto costi/benefici.

P202**PREVALENZA DI GENOTIPI DI
PAPILLOMAVIRUS GENITALI NELL'AREA
NOVARESE**

Ravanini P., Nicosia A.M., Grossini E., Fortina G.

Laboratorio di Microbiologia e Virologia, Ospedale Maggiore Novara

In questo studio si è cercato di valutare la distribuzione della positività e dei genotipi di Papillomavirus (HPV) genitali tra i campioni positivi di donne afferenti all'Ospedale Maggiore

di Novara.

Sono stati considerati 334 campioni di cytobrush cervico-vaginale, raccolti tra novembre 2001 e febbraio 2004. L'età delle pazienti è compresa tra i 18 e i 69 anni, con una media di 38,4 anni.

Per la ricerca del virus HPV è stato utilizzato il test HPV Screening COMBI KIT Special di Amplimedical, mentre per la tipizzazione dei campioni positivi è stato utilizzato il test INNO-LiPA HPV Genotyping di Innogenetics, secondo le indicazioni fornite dalle ditte produttrici.

I campioni positivi sono risultati 146 (43,7 % del totale), i campioni negativi sono risultati invece 166 (49,7 % del totale). 22 campioni hanno invece ripetutamente presentato inhibizioni dell'amplificazione.

La tipizzazione genotipica ha evidenziato una distribuzione molto varia dei genotipi, avendo rilevato ben 23 differenti genotipi virali.

Il genotipo più diffuso è risultato il 16, come già evidenziato in molti altri lavori, pur con una percentuale di positività nettamente inferiore a molti altri studi (20,2 % del totale dei positivi).

Genotipi molto diffusi sono risultati il 52 e il 31 (in entrambi i casi l'8,1 % dei positivi), il 66 (7,3 %), il 51 e il 53 (per entrambi il 6,5 %), il 18 e il 56 (per entrambi il 5,6 %). Meno diffusi sono risultati, nell'ordine, i genotipi 6, 58, 70, 39, 44, 33, 11, 35, 40, 42, 45, 54, 68/73, 34, e 43.

In particolare, solo il 35,5 % dei positivi è risultato ad "alto rischio", mentre il 36,3 % è da considerare a "rischio intermedio", e il 28,2 % a "basso rischio". Tra i genotipi a "basso rischio" il 66 e il 53 sono risultati decisamente più rappresentati rispetto ai genotipi 6 e 11.

Scomponendo il dato per fasce d'età risulta una significativa differenza tra la distribuzione delle positività nelle donne fino a 31 anni (il 62,5 % risulta positiva per uno o più tipi virali, contro un 34,1 % di negatività) in confronto alle donne con oltre 31 anni (solo il 37,0 % di positività contro il 55,3 % di negatività). Non sembra esserci invece una significativa differenza di distribuzione dei singoli genotipi nelle diverse fasce d'età considerate.

In conclusione possiamo affermare che la distribuzione dei genotipi virali di HPV risulta nella nostra casistica molto più varia rispetto a quanto riportato da altri recenti lavori.

P203**ANALISI SEMIQUANTITATIVA DELLE IgM
ANTI-HBc CON DUE SISTEMI AUTOMATIZZATI
IN CASI DI EPATITE B ACUTA E CRONICA**

A. Rodella¹, A. Gussago¹, M. Faustini¹, C. Galli²

¹III Laboratorio Analisi, Spedali Civili, Brescia;

²Medical Marketing, Abbott Diagnostici, Roma

Una positività per IgM anti-HBc, oltre ad essere indicativa di una infezione acuta o recente da virus dell'epatite B (HBV), è spesso presente a bassi livelli, nelle epatiti croniche B, mentre non è rilevabile nei cosiddetti "portatori sani" di HBsAg.

La ricerca di anti-HBc-IgM a basso titolo con la tecnologia MEIA è ormai invalsa da un decennio; nel nostro lavoro abbiamo confrontato i risultati per anti-HBc-IgM ottenuti con questo metodo (AxSYM Core-M, Abbott Diagnostici) con quelli ottenuti con un nuovo sistema in chemiluminescenza (Abbott Architect Core-M).

Pazienti e metodi. Lo studio è stato condotto su campioni di pazienti ricoverati per epatite acuta B (18 campioni da 15 casi) o epatite cronica B (265 campioni da 75 casi) tra il 1999

e il 2003, e su un gruppo di 34 pazienti (43 campioni) con sospetta infezione acuta. Tutti i campioni sono stati analizzati per IgM anti-HBc con il nuovo metodo su Architect, che prevede una soglia di positività a un valore S/CO di 1 e una "zona grigia" tra 0,5 e 1. Sono stati confrontati sia i risultati qualitativi che i valori semiquantitativi (S/CO Architect e Index AxSYM).

Risultati. Tutti i campioni ottenuti dai pazienti con epatite acuta o sospetta epatite acuta B sono risultati positivi con entrambi i test per IgM anti-HBc, ma il segnale di positività era molto più intenso con Architect (media S/CO nei due gruppi: 21,0 e 25,2) che con AxSYM (media Index: 3,23 e 3,03).

Nelle epatiti croniche il 54,7% dei pazienti mostrava una positività IgM, quasi sempre a basso livello e concordante tra i due metodi, su almeno un prelievo. La correlazione tra Architect e AxSYM, per valori S/CO Architect <3,0, era elevata con regressione $Y = 1,08x + 0,113$.

Conclusioni: il nuovo test per IgM anti-HBc su piattaforma Architect ha mostrato delle caratteristiche simili al test MEIA su AxSYM per quanto concerne la capacità di identificare le IgM a basso titolo. Il "range" dinamico più ampio del test Architect può consentire una migliore valutazione delle infezioni acute.

P204

VALUTAZIONE PRELIMINARE DEGLI ANTICORPIANTI HTLV I-II IN PAZIENTI HIV-SIEROPOSITIVI ED IN POPOLAZIONE DI CONTROLLO

Rossi A, Bassani A, Berrone A, Pinese LA, Tamborini A, Canali E e Toniolo A.

*H. di Circolo e Università degli Studi dell' Insubria - VARESE
Laboratorio di Microbiologia, Virologia e Citogenetica
(Direttore: Prof. Antonio Toniolo)*

I virus HTLV I-II sono stati i primi retrovirus riconosciuti associati a malattia nell'uomo; HTLV-I è l'agente eziologico di linfomi (ATL) nei pazienti adulti, di mielopatie e della paraparesi spastica tropicale (HAM/TSP).

La diagnosi microbiologica si basa sulla ricerca diretta di HTLV I-II e sulla diagnosi sierologica, con metodi ELISA ed immunoblot.

In questo studio preliminare sono stati rilevati gli anticorpi anti HTLV I/II utilizzando un metodo ELISA (Genelabs Diagnostics).

Sono stati studiati 61 sieri ottenuti da pazienti HIV-sieropositivi - confermati con immunoblot e con viremia - e 44 sieri come gruppo di controllo.

Sono state valutate statisticamente tutte le estinzioni ottenute nei sieri analizzati utilizzando metodi di statistica non parametrica; il valore di OD considerato come cut-off è stato >0,295, che rappresenta il 95° percentile dei valori rilevati nel gruppo di controllo.

Considerando tale cut-off ben 15 sieri su 61 totali appartenenti al gruppo dei pazienti HIV-sieropositivi contro 1 solo valore superiore al cut-off nel gruppo di controllo.

Per quanto riguarda i livelli di OD rilevati si evidenzia una differenza statisticamente significativa ($p = 0,0012$) tra i due gruppi di sieri studiati.

P205

INDAGINI SIEROLOGICHE E VALUTAZIONE DELLA VIREMIA CON METODI IMMUNOLOGICI E DI BIOLOGIA MOLECOLARE IN UNA POPOLAZIONE DI TRAPIANTATI RENALI CON INFEZIONE DA CITOMEGALOVIRUS (HCMV).

Rossi A, Bassani A, Trabacchin C, Berrone A e Toniolo A.

*H. di Circolo e Università degli Studi dell' Insubria - VARESE
Laboratorio di Microbiologia, Virologia e Citogenetica
(Direttore: Prof. Antonio Toniolo)*

Nei pazienti sottoposti a trapianto di rene l'infezione da Citomegalovirus [HCMV] è spesso causa di malattia e talora di mortalità post-trapianto. Scopo del presente lavoro è stato di studiare la risposta sierologica e le viremie - con metodo immunologico con la pp65 antigenemia e mediante biologia molecolare - utilizzando campioni di plasma raccolti in modo consecutivo da pazienti sottoposti a trapianto di rene ed in profilassi con Ganciclovir.

Gli anticorpi IgG ed IgM anti-HCMV sono stati studiati mediante ELISA (Diasorin); gli anticorpi IgM sono stati rivalutati mediante un secondo ELISA (Dade Behring). La determinazione della pp65 antigenemia è stata eseguita su leucociti mediante immunofluorescenza (Argene), mentre HCMV-DNA è stato studiato con PCR quantitativa (Roche) e i livelli di DNA borderline sono stati rivalutati mediante nested-PCR (Bioline). Sono stati studiati i campioni biologici di 31 pazienti per un totale di 220 plasmi, 220 pp65 antigenemie e 60 HCMV-DNA mediante PCR quantitativa.

Durante un periodo di circa 6-7 mesi, 10 pazienti durante o dopo profilassi con Ganciclovir sono andati incontro a malattia da HCMV, 4 nel primo mese post-trapianto, 4 dopo 2-6 mesi e 2 oltre i 6 mesi. La revisione dei dati ha evidenziato che con attento monitoraggio con pp65-antigenemia e HCMV-DNA si è ottenuta una risposta microbiologica positiva in 1-8 giorni. Il dato sierologico ha spesso mostrato, seppur tardivamente, un significativo aumento delle IgG ed un comportamento variabile delle IgM. Considerando i pazienti con dati virologici positivi il livelli di IgG precedenti alla positivizzazione, ottenuti al momento del trapianto, erano spesso inferiori a 3,5 UI/mL; tuttavia particolare attenzione, nonostante i pochi casi, si sarebbe dovuta prestare a quei rari pazienti con IgG superiori a 8,5 -10 UI/mL.

Visti i tempi di positivizzazione virologica ottenuti, una più stretta collaborazione tra Nefrologi, Infettivologi e Microbiologi potrebbe consentire di ottenere una risposta virologica in tempi ancora più vicini alla fasi presintomatiche delle riattivazioni da HCMV.

P206

ANALISI DI DATI SIEROLOGICI E DI BIOLOGIA MOLECOLARE IN INFEZIONI DA CITOMEGALOVIRUS (HCMV) IN TRE ANNI DI INDAGINI IN POPOLAZIONE NON SELEZIONATA, IN CASI MATERNO-FETALI ED IN POPOLAZIONI A RISCHIO.

Rossi A, Tamborini A, Baj A, Bassani A, Berrone A, Maccarini A, Pinese LA e Toniolo A.

*H. di Circolo e Università degli Studi dell' Insubria - VARESE
Laboratorio di Microbiologia, Virologia e Citogenetica
(Direttore: Prof. Antonio Toniolo)*