

# comunicazioni orali

## SESSIONE 5

### Infezioni virali latenti, persistenti e croniche

Giovedì 4 ottobre 2007, ore 09.00 - 13.00, SALA BLU

---

#### CO5.1

---

#### HCV-RNA IN LINFOCITI (PBMC) DEL SANGUE PERIFERICO: PRESENZA DI HCV OCCULTA NELLA POPOLAZIONE GENERALE

**De Marco L., Gillio Tos A., Fiano V., Merletti F.**

*Laboratorio di Epidemiologia Molecolare, CeRMS, SCU  
Epidemiologia dei Tumori, ASO S. G. Battista Torino*

**Introduzione.** Studi recenti (Castillo, 2004) hanno descritto una tipologia di infezione, definita "HCV occulta", in pazienti con patologia epatica cronica ad eziologia sconosciuta.

Tale infezione è stata riscontrata in pazienti con valori epatici anormali e assenza sia di anticorpi che di HCV-RNA sierico. Sottoposti ad esame biptico del fegato, questi pazienti presentavano epatociti positivi per HCV-RNA. La ricerca di HCV-RNA nei PBMC può essere un'indagine utile per evidenziare pazienti con infezione occulta quando la biopsia epatica non sia disponibile.

Ad oggi la letteratura descrive questo scenario esclusivamente in relazione alle patologie epatiche e non si conosce, al momento, la prevalenza di HCV-RNA nei linfociti della popolazione generale con sierologia negativa.

Scopo di questo lavoro è di valutare la prevalenza di HCV occulta nella popolazione generale.

**Materiali e Metodi.** La presenza di HCV-RNA è stata ricercata nel buffy-coat di 100 soggetti sani (50 uomini, 50 donne, età 40-65 anni) reclutati nell'ambito di studi epidemiologici in corso. Ig-G anti HCV sono state valutate in tutti i soggetti. In caso di positività di RNA-HCV nel buffy-coat e negatività sierologica, è stato ricercato RNA-HCV plasmatico per confermare lo stato di HCV occulta.

**Risultati.** Tutti i campioni analizzati sono risultati

essere sierologicamente negativi per HCV. Due su 100 buffy-coat sono stati ritrovati positivi per HCV-RNA, mentre l'analisi sul plasma è risultata in tutti negativa. Stiamo replicando lo studio su altri 180 soggetti. I risultati preliminari confermano le prevalenze dello studio sopra descritto.

**Conclusioni.** L'identificazione di HCV-RNA nei linfociti di soggetti risultati negativi per HCV agli screening routinari potrebbe fornire una maggiore tutela in occasione di eventuali trasfusioni e/o leucaferesi.

---

#### CO5.2

---

#### MIGLIORAMENTI NELLA DETERMINAZIONE DEI GENOTIPI HCV MEDIANTE L'UTILIZZO DEL VERSANT HCV GENOTYPE 2.0 (INNO-LIPA HCV 2.0)

**Sabatini R., Sias C., Garbuglia A.R.,  
Capobianchi M.R.**

*Laboratorio di Virologia, INMI L. Spallanzani,  
Viale Portuense 292, 00149 Roma*

**Introduzione.** La regione non codificante (NC) all'estremità 5' dell'HCV RNA è comunemente utilizzata per identificare i sei maggiori genotipi di HCV ed i principali sottotipi. Tuttavia il kit commerciale più diffuso, basato su ibridazione inversa (INNO-LIPA HCV1.0), spesso non è in grado di distinguere i sottotipi 1a, 1b, 2a, 2c e di identificare genotipi rari come il 6. Recentemente si è resa disponibile una nuova versione, INNO-LiPA HCV2.0, in cui oltre alla regione 5'NC viene considerata anche la regione *core*.

Abbiamo valutato i miglioramenti apportati dal nuovo kit, con particolare riferimento alla sottotipizzazione dei genotipi 1, 2 e alla identificazione di genotipi rari.

**Metodi.** Con il nuovo kit sono stati riesaminati 41

campioni precedentemente analizzati con la precedente versione (20 di genotipo 1 non sottotipizzati, 20 di genotipo 2a/2c, ed uno non tipizzabile, risultato di genotipo 6 con l'analisi di sequenza).

**Risultati.** In tutti i 20 campioni di genotipo 1 è stata possibile la sottotipizzazione con la versione 2.0: 19 (95%) sono risultati 1a, 1 campione è risultato 1b (5%); tutti i 20 campioni 2a/2c rimanevano non sottotipizzabili anche con la versione 2.0. Il campione di genotipo 6 veniva correttamente classificato con la versione 2.0.

**Conclusioni.** I risultati dimostrano che, per quanto concerne il genotipo 1, l'introduzione di sonde per la regione *core* rappresenta un avanzamento per la differenziazione tra genotipo 1a ed 1b, mentre l'impossibilità di discriminare tra il genotipo 2a e 2c ci lascia presumere che sia la regione 5'NC che la regione *core* non siano sufficientemente eterogenee per la differenziazione tra questi sottotipi. Degna di nota si è rivelata la possibilità di identificare mediante la versione 2.0 genotipi rari come il 6.

---

## CO5.3

---

### **RICERCA DI IGG E IGM ANTI-PARVOVIRUS B19 E DEL DNA VIRALE: ESPERIENZA DI 6 ANNI PRESSO U.O. DI VIROLOGIA A PARMA**

**Medici M.C., Pinardi F., Esteban M.D.P., Martinelli M., Dettori C., Chezzi C.**

*Dipartimento di Patologia e Medicina di Laboratorio, Sezione di Microbiologia, Università degli Studi di Parma, Viale Antonio Gramsci 14, 43100 Parma*

**Introduzione.** La diagnosi di laboratorio dell'infezione da Parvovirus B19 (B19) può essere condotta attraverso la rivelazione nel siero/plasma delle IgG e IgM specifiche e/o del DNA virale.

Scopo dello studio è stato quello di analizzare i risultati ottenuti presso l'u.o. di Virologia dell'Azienda ospedaliero-universitaria di Parma dalle indagini condotte per la ricerca di IgG e IgM anti-B19 e quelle per la ricerca del DNA virale su soggetti ricoverati od osservati ambulatorialmente negli ultimi 6 anni.

**Metodi.** La ricerca delle IgG e IgM anti-B19 è stata condotta mediante saggio immunoenzimatico (Parvovirus B19 EIA, Biotrin International) e quella del DNA virale mediante nested PCR (Parvovirus B19 oligomix, Nanogen Advanced Diagnostics s.r.l.).

**Risultati.** Da gennaio 2002 a dicembre 2006 sono stati sottoposti a diagnosi di laboratorio di infezione da B19 941 soggetti. Di questi, 403 sono stati sottoposti alla sola ricerca di IgG e IgM sieriche specifiche, 414 alla sola ricerca del DNA virale e 124 ad entrambe le ricerche. Dei 527 soggetti complessivamente sottoposti alla ricerca anticorpale, il 38,1% (201 soggetti) è risultato IgG e IgM negative, il 57,5% (303 soggetti) IgG positive e IgM negative, il 3,8% (20 soggetti) IgG e IgM positive e lo 0,6% (3 soggetti) IgG negative IgM positive. Il DNA virale ricercato in 13 dei 23 soggetti IgM positivi è stato rivelato nell'84,6% (11 soggetti). Dei rimanenti 525 soggetti sottoposti complessivamente all'indagine molecolare, il DNA virale è stato rivelato nel 2,3% (12 soggetti, non esaminati per IgG e IgM).

**Conclusioni.** La prevalenza di infezione da B19 valutata attraverso l'indagine sierologica in soggetti ricoverati e ambulatoriali nell'area di Parma è risultata almeno del 61,3% (323 su 527). Il ritrovamento di IgM specifiche sembra consentire una diagnosi di infezione acuta almeno nell'84,6% dei casi. L'indagine molecolare si rende utile sia per confermare un'eventuale diagnosi sierologica di infezione acuta sia in alcune circostanze per accertare uno stato viremico direttamente come pure in seguito al ritrovamento di IgM.