

166

FREQUENZA DEL GENOTIPO 4 DI HCV IN CALABRIA

Liberto M.C.¹, Barreca G.S.¹, Quirino A.¹, Capicotto R.¹, Lamberti A.G.¹, Vinci M.¹, Di Cello C.¹, De Rosa M.², Silva A.M.², Giraldo C.³, Greco F.³, Matera G.¹, Focà A.¹

¹Cattedra di Microbiologia, Università "Magna Græcia" di Catanzaro;

²Laboratorio di Virologia, A. O. B.M.M. di Reggio Calabria;

³Unità Operativa di Virologia, A. O. di Cosenza

Introduzione. HCV ha come caratteristica principale una sostanziale eterogeneità genomica. Ciò determina la presenza di genotipi e sottotipi diversamente distribuiti nel territorio. Scopo del presente studio è stato quello di valutare l'andamento dei genotipi di HCV in Calabria nel periodo compreso tra Marzo 2001 e Aprile 2006 (ultimo aggiornamento maggio 2005).

Metodi. Lo studio è stato condotto in collaborazione tra il Policlinico Universitario "Mater Domini" di Catanzaro, l'A.O. dell'Annunziata di Cosenza e l'A.O. "Bianchi-Melacrino-Morelli" di Reggio Calabria. L'RNA virale è stato estratto da campioni di siero provenienti da 3640 pazienti anti HCV positivi, rivelato mediante RT-PCR (Cobas Amplicor HCV, Roche) e genotipizzato mediante tecnica di ibridazione inversa su supporto solido (Versant HCVgenotipo LiPA, Bayer). Dal 2003 presso l'A.O. di Cosenza la genotipizzazione è stata effettuata tramite sequenziamento del genoma virale (Trugene HCV 5' NC genotyping Kit, Bayer).

Risultati. I genotipi principalmente circolanti in Calabria sono stati: genotipo 1b (46.3%), 2a/2c (19.2%), 3 (9.8%), 4 (5.96%), 1a (5.3%), 2 (5%), 1 (4.6%), 1a/1b (1.6%) e altri genotipi con percentuali inferiori al 1%. Si è registrato un decremento del 7% per i genotipi 1b e 2a/2c ed un incremento del 3.1 % e del 1.5% rispettivamente dei genotipi 3 e 4 rispetto ad uno studio condotto nel quinquennio 1997-2001.

Conclusioni. È stato messo in evidenza che:

- sebbene i genotipi 1b e 2a/2c abbiano subito un evidente decremento, rimangono pur sempre quelli maggiormente presenti sul nostro territorio;
- l'incremento del genotipo 3 sia dovuto ad un aumento del numero dei tossicodipendenti nella nostra Regione (Ufficio centrale di Statistica-Ministero dell'Interno); e
- il genotipo 4 sia tra i genotipi maggiormente circolanti in Calabria diventando il quarto genotipo rispetto al periodo precedentemente esaminato (1997-2001).

167

ITEST MOLECOLARI AD AMPIA LINEARITÀ ED ELEVATA SENSIBILITÀ PER LA DETERMINAZIONE DELLA CARICA VIRALE: CONFRONTO TRA VECCHI E NUOVI METODI

Capobianchi M.R.; Angeletti C.; Lauria F.N.; Amendola A.; Garbuglia A.R.; Solmone M.

Istituto nazionale per le Malattie infettive "L. Spallanzani", Roma

Introduzione. La determinazione della carica virale nelle infezioni da HBV, HCV e HIV-1 con metodi differenti può avere importanti implicazioni cliniche. Esistono vari metodi commerciali per la quantificazione della carica virale di tali virus, differenti per tecnica di rilevamento, sensibilità, range dinamico, regione genomica bersaglio.

Abbiamo confrontato le performance analitiche del metodo COBAS Ampliprep TaqMan (CAP-CTM) (amplificazione di sequenze con Real-Time PCR) con quelle del sistema Versant 3.0 (amplificazione del segnale mediante ibridazione) per HBV, HCV e HIV.

Metodi. Sono stati utilizzati 150 campioni HBV-positivi, stratificati in HBeAg positivi o Anti-HBeAb-positivi; 92 campioni HCV-positivi e 43 campioni HIV-1-positivi. Sono inoltre stati effettuati test con pannelli standard a concentrazione nota.

Risultati. La correlazione tra i risultati ottenuti con i due metodi è elevata per tutti i virus:

HBV: $r=0.9389$, $p<0.001$;

HCV (tutti i genotipi): $r=0.7702$ ($p<0.001$);

genotipi HCV 1-2-3-4: $r=0.721$, $p<0.001$; $r=0.753$, $p<0.001$; $r=0.0.873$, $p<0.001$ e $r=0.783$, $p<0.001$;

HIV-1: $r=0.9005$, $p<0.001$.

Dall'analisi dei valori medi emerge che per HCV ed HIV i valori ottenuti con CAP/CTM sono più elevati di quelli ottenuti con bDNA, mentre per HBV si osserva l'opposto. L'analisi Bland&Altman indica che le differenze sono maggiori a valori elevati di carica virale. Per tutti e 3 i virus, una quota rilevante di campioni mostra differenze notevoli tra i due metodi (>0.5 Log o >1 Log), che non sembrano genotipo-dipendente.

Conclusioni. Nonostante l'elevata correlazione e l'espressione in unità internazionali, i risultati dei due metodi non sono sempre confrontabili: in genere CAP/CTM mostra maggiore sensibilità e range dinamico più ampio, ma, a valori elevati di carica virale, si evidenzia una sottostima di HBV-DNA e una sovrastima di HIV- ed HCV-RNA.

In considerazione delle differenze evidenziate tra i due metodi, si reputa necessario una più ampia sperimentazione per valutare l'impatto del nuovo metodo sui processi diagnostici e la eventuale influenza sulla decisione clinica.