
130

**DIAGNOSI DELL'INFEZIONE DA
CITOMEGALOVIRUS UMANO (HCMV)
IN TRAPIANTATI RENALI**Bergallo M., Merlini C., Costa C., Mantovani S., Sidoti F.,
Baro S., Negro Ponzi A., Cavallo R.*Dip. di Sanità Pubblica e Microbiologia, SCDU Virologia,
Università di Torino*

L'infezione da HCMV nel trapianto d'organo rappresenta un grave problema. È stata descritta un'ampia varietà di manifestazioni cliniche conseguenti all'infezione, ed inoltre l'HCMV può infettare l'organo trapiantato e causare disfunzione d'organo. L'inizio della terapia antivirale specifica è di solito basato sulla sintomatologia clinica e sulla rapidità della diagnosi di laboratorio. Attualmente, oltre all'isolamento rapido in shell vial (viremia), il metodo più comunemente impiegato per dimostrare l'infezione attiva da HCMV è la dimostrazione diretta di antigeni virali specifici nei leucociti circolanti, nelle biopsie o nelle cellule da lavaggio broncoalveolare. In particolare, la antigenemia-pp65 da granulociti polimorfonucleati (PMNL) è un test quantitativo rapido e accurato. Nel presente lavoro, abbiamo studiato l'infezione da HCMV in 41 pazienti portatori di trapianto renale [28 maschi e 13 femmine; età media 52 anni (+/- 10,8); tempo medio dal trapianto 90 giorni (range 20-120 giorni)].) quantificando la carica dell'HCMV-DNA nel sangue periferico mediante PCR quantitativa-competitiva (QC-PCR) messa a punto nel nostro laboratorio, correlandola con l'antigenemia-pp65, la viremia, ed un'altra tecnica molecolare, rappresentata dalla ricerca diretta degli m-RNA tardivi virali nel sangue periferico mediante Nucleic Acid Sequence-Based Amplification (NASBA) che dimostra l'attività trascrizionale del virus e quindi l'infezione attiva. Come atteso, è risultato che a valori di antigenemia-pp65 più elevati (>10 cellule positive/2x10⁵ PMNL) e alla positività per i trascritti tardivi pp67 rilevati mediante NASBA, sono significativamente correlati valori elevati di HCMV-DNA (carica media: 3,77x10⁶ genomi/ml, p=0,021; e 8,61x10⁵ genomi/ml, rispettivamente, p=0,005). Non è stata invece rilevata correlazione statisticamente significativa (p=0,177, n.s.) tra il n° di genomi e la positività alla viremia, ma ciò può essere spiegato dal minor riscontro di risultati positivi per la viremia (8/41), sia a causa della difficoltà nel dimostrare l'infettività virale, sia per il fatto che i soggetti con antigenemia positiva vengono subito trattati con ganciclovir che inibisce la replicazione virale.
