

**P160**

**STUDIO RETROSPETTIVO SU 30 PAZIENTI HCV+ CON E. C. NON RESPONDER ALL'INTERFERONE. IMPORTANZA DEL GENOTIPO VIRALE.**

Bongera M.\*, Ceresa E.\*, Ferrini A.\*, Rizzi R.°, Peyre S.°

\* U.O.A. Dip. Patologia Clinica ASL 9 P.O. Cuornè

° U.O.A. Gastroenterologia ASL 9 P.O. Cuornè

**Obiettivo** : verificare l'utilità del genotipo virale nella scelta e nella modulazione della terapia.

**Metodi** : popolazione di 30 pazienti, età media 44.9, range 21-72 anni di cui 6 con cirrosi ( 20%) trattati inizialmente con interferone .

Determinazione su tutti i pazienti della carica virale con AMPLICOR HCV Monitor e del genotipo con saggio di ibridazione inversa su striscia. (Genotype HCV III Nuclear Laser Medicine).

Mod. trasmissione/Gen	1a-b	2a/c	3a	4
Parenterale 43,3%	3		8	2
Emotrasfusionale 16,7%	4	1		
Sconosciuta 40,0%	9			3

Risposta: 33.3% relapse  
66.6% non responder

**Risultati**

Dopo trattamento con Ribavirina:

	N°pazienti	1a-b	2a/c	3a	4
Responder	4	2		2	
Non resp	12	7			5
Relapse	10	5	1	4	
Drop out	4	2		2	

**Considerazioni conclusive:** la determinazione del genotipo è fondamentale per valutare la probabilità di successo dell'eventuale trattamento terapeutico.

**P161**

**DESCRIZIONE DEL DECORSO DI INFEZIONE DA HCV DOPO INCIDENTE OSPEDALIERO**

Bonini F.\*, Manetti M.\*, Bolognesi L.\*\*

\*Servizio di Patologia Clinica -

Sez. Microbiologia Biologia molecolare P.O. Livorno;

\*\*Rep. Malattie Infettive. P.O. Livorno.

Scopo del presente lavoro è la descrizione di un caso d'infezione acuta da HCV dopo incidente ospedaliero.

Una colluttazione avvenuta fra un operatore sanitario ed un degente ha provocato escoriazioni in entrambi i soggetti con contatto reciproco. Il paziente, in seguito ha firmato la dimissione volontaria e si è allontanato dal Presidio Ospedaliero: non è stato quindi possibile effettuare accertamenti sierologici.

L'operatore sanitario è stato monitorato, secondo i protocolli, e, dopo 3 mesi, anticorpi anti-HCV presenti, RIBA III positivo per core C22, NS3 C33, NS4 C100, PCR quantitativa 941 UI-mL, genotipo 3°.

Seguiva un decorso clinico, nei successivi 6 mesi, apparentemente favorevole con negativizzazione della PCR quanti-

tativa: si decideva di non eseguire alcuna terapia. Il valore dell'ALT presentava andamento sinusoidale.

Il controllo dopo 30 giorni rivelava un movimento antigenico (176 U.I.-mL) che aveva un'impennata al controllo del mese successivo (28.000 U.I.-mL): si decideva d'intervenire con RIBAVIRINA 1000-mg/die.

I controlli successivi dimostrano ALT normali e PCR quantitativa negativa.

La metodica PCR monitor Ampliprep-Amplicor correlata col quadro emato-chimico può essere impiegata per prevenire la cronicizzazione di un'infezione da HCV, anticipando l'intervento terapeutico.

**P162**

**STUDIO DELL'ESPRESSIONE DI PARVOVIRUS B19 IN SISTEMI PERMISSIVI E NON MEDIANTE REAL-TIME PCR**

Bonvicini F., Gallinella G., Manaresi E., Filippone C., Delbarba S., Gentilomi G., Musiani M., Zerbini M.

Dip. di Medicina Clinica, Specialistica e Sperimentale,

Sez. di Microbiologia, Università di Bologna,

Via Massarenti 9, 40138 Bologna

**Scopo** studiare la replicazione e l'espressione del parvovirus B19 in sistemi sperimentali in vitro, come modello per l'interpretazione delle interazioni virus-cellula in vivo.

**Metodologie** cellule permissive e non alla replicazione virale sono state infettate in vitro con parvovirus B19. Gli acidi nucleici e le proteine virali sono stati analizzati con metodi qualitativi e quantitativi a diversi tempi dopo l'infezione. In particolare, gli acidi nucleici virali, estratti dalle cellule infettate, sono stati analizzati mediante Real-Time PCR (sistema Light-Cycler Roche) utilizzando coppie di primer specifiche per il DNA e per le diverse classi di messaggeri virali.

**Risultati** le coppie di primer disegnate per la determinazione quantitativa del genoma virale e, in maniera selettiva, delle diverse classi di messaggeri virali, hanno consentito di identificare diversi livelli di replicazione e pattern di espressione del genoma virale. Sono state analizzate sia colture primarie derivate da midollo osseo e sangue cordonale, in cui è stata evidenziata la completa replicazione ed espressione del genoma, sia diverse linee cellulari in cui sono stati evidenziati diversi gradi di permissività per la moltiplicazione virale.

**Considerazioni conclusive** questi metodi per la quantificazione degli acidi nucleici virali, messi a punto su sistemi cellulari in vitro, potrebbero chiarire il ruolo del B19 in vivo, in quei quadri clinici, ad esempio, in cui è documentata la presenza del DNA virale ma in cui non è determinato il suo grado di espressione, in termini di replicazione, trascrizione e traduzione.

**P163**

**VALUTAZIONE DELLE INFEZIONI RECENTI MEDIANTE INDICE DI AVIDITA' ANTI-HIV**

V.Bossi<sup>1</sup>, C. Pasqualini<sup>2</sup>, B. Suligoi<sup>3</sup>, C. Galli<sup>4</sup>

<sup>1</sup>Virologia, Ospedale "Amedeo di Savoia", Torino;

<sup>2</sup>Servizio Sovrazonale di Epidemiologia, ASL 20, Alessandria

<sup>3</sup>COA-ISS, Roma;

<sup>4</sup>Abbott Divisione Diagnostici, Roma

La sorveglianza dell'infezione da HIV si basa sulla rileva-

zione delle "nuove" positività per anti-HIV, che però possono rappresentare vecchie infezioni non note in precedenza. In questo studio abbiamo adottato un nuovo indice sierologico (indice di avidità anti-HIV<sup>1</sup>) per valutare la frequenza di infezioni recenti in pazienti sieropositivi.

**Pazienti e metodi:** lo studio è stato condotto su tutti i soggetti con nuova diagnosi di infezione da HIV (positività per anticorpi non rilevata in precedenza) pervenuti nell'arco di 9 mesi, da maggio 2003 a gennaio 2004. I campioni di siero sono stati testati per anti-HIV con AxSYM HIV1/2gO (Abbott Diagnostici); i campioni reattivi sono stati sottoposti a conferma con Western blot, e sui campioni positivi o indeterminati al WB è stato valutato l'indice di avidità (IA) con lo stesso test di screening, mediante analisi di due aliquote diluite 1:10 rispettivamente in guanidina e tampone. I risultati dell'IA sono stati confrontati con la intensità del segnale del test di screening (S/CO) e con i "patterns" di reattività in WB, un valore di IA  $\leq 0,80$  è stato considerato discriminante per le infezioni recenti (<6 mesi). **Risultati** Nel periodo di osservazione sono stati testati per anti-HIV 10.500 soggetti, e di questi 205 (2%) sono risultati "nuovi" reattivi al test di screening e positivi o indeterminati al WB. La valutazione dell'IA ha identificato 45 soggetti su 205 (21,9%) come "recenti infetti". Un AI  $\leq 80\%$  era rilevabile in tutti i soggetti con S/CO <10 allo screening, nel 75% di quelli con S/CO tra 10 e 20, nel 18% di quelli con S/CO tra 20 e 30 e anche nel 4% di quelli con S/CO >30. Un WB indeterminato o un "pattern" WB con negatività per anti-gp41 (25/28; 89,3%) erano predittivi di un basso AI.

**Conclusioni.** Le infezioni recenti da HIV tra i "nuovi" positivi per anticorpi appaiono molto frequenti (22%); la valutazione dell'IA è semplice e appare più sensibile di una bassa reattività ( $\leq 20$  S/CO) al test di screening, che avrebbe mancato di identificare almeno un terzo dei casi recenti.

#### BIBLIOGRAFIA

1. Suligoi B. et al, J Clin Microbiol 2002; 43(11):4015-4020.

## P164

### RICERCA DI HPV-DNA MEDIANTE NESTED-PCR. NEI BRUSH LINGUALI DI SOGGETTI SANI

Caldarelli-Stefano R., Avezzu S., Molina V.

Laboratorio Analisi, CAM, Monza (MI),  
sez. Diagnostica Molecolare,

Recentemente nel nostro laboratorio abbiamo isolato un papillomavirus umano (HPV) dall'epitelio linguale di un giovane adulto, fumatore accanito (oltre 2 pacchetti di sigarette/die) che presentava una proliferazione papillomatosa linguale diffusa, appartenente al gruppo dei genotipi ad alto rischio.

A seguito di questo ritrovamento, supportato da dati della letteratura che indicano che i papillomavirus causano tumori benigni nel tratto respiratorio, abbiamo deciso di indagare sulla presenza di HPV-DNA nelle sue possibili sedi di infezione, in particolare sulla lingua.

È stato quindi ricercato l'HPV-DNA in soggetti sani, suddivisi essenzialmente in due gruppi, fumatori e non fumatori, in quanto sembra che il fumo di sigaretta sia un fattore di rischio associato alla presenza di HPV.

In campioni di brush linguale è stata effettuata l'estrazione del DNA, a cui è seguita la ricerca di HPV mediante nested-PCR ('home-made') della regione L1 con primers consensus.

Nessuno dei 40 campioni fin'ora analizzati è risultato esse-

re positivo per la presenza di HPV sulla lingua.

Di questi, 38 appartengono alla categoria 'non fumatori' e solo 2 ai 'fumatori' (massimo un pacchetto di sigarette/die). Sono in corso di valutazione i soggetti fumatori.

Questi dati, ancora preliminari, sembrano dimostrare che l'HPV non sia ampiamente diffuso nella popolazione umana sana, a livello dell'epitelio linguale.

## P165

### PRESENZA DI HPV-DNA GENOTIPO 16 NELL'EPITELIO LINGUALE DI UN GIOVANE ADULTO ITALIANO: UN CASE REPORT

Caldarelli-Stefano R., Azzara A., Gironi A.

Laboratorio Analisi, CAM, Monza (MI),  
sez. Diagnostica Molecolare,

I papillomavirus umani (HPV) sono virus oncogeni con uno spiccato tropismo per le cellule epiteliali squamose. Sono responsabili di lesioni cutanee benigne, come le verruche, o lesioni che possono evolvere in displasie severe e neoplasie, in particolare nell'epitelio cervicale, nella vescica o nella laringe. Descriviamo un caso di un giovane adulto, quarantenne, italiano, fumatore accanito, che presenta infezione da HPV diffusa. Il paziente è giunto alla nostra attenzione a causa di una fastidiosa papillomatosi presente sulla mucosa linguale. Dopo prelievo biotipico, la diagnosi istologica ha suggerito la presenza di papillomatosi con aspetti citopatologici da HPV.

Un brush linguale ha permesso la ricerca del DNA di HPV, e tramite nested-PCR ('home-made') della regione L1 con primers consensus, il campione si è rivelato positivo. La successiva tipizzazione genomica con ibridazione su strip (Innolia, Innogenetics) ha evidenziato la presenza del genotipo 16, considerato ad alto rischio.

Ad un'anamnesi più approfondita, il paziente ha rivelato di essere stato operato pochi anni prima di un 'carcinoma 'in situ' della vescica, di cui purtroppo non è stato possibile analizzare il pezzo operatorio.

Un successivo prelievo di sangue periferico in contemporanea ad un nuovo brush linguale ha dimostrato in entrambi i campioni la presenza di HPV-DNA, dello stesso genotipo virale, dimostrando la diffusione sistemica del virus.

In definitiva, questi dati, pur non avendo conferma che il carcinoma vescicale presentasse HPV-DNA, dimostrano come l'infezione da papillomavirus non vada sottovalutata e che i pazienti che risultano positivi per un'infezione, anche seppur localizzata, devono essere seguiti nel tempo.

## P166

### FOLLICOLITE DA HERPES SIMPLEX VIRUS-TIPO 2: CASE REPORT.

Calvario\* A., Scarasciulli M.L.\*, Bozzi A.\*, Ventola C.\*, Seccia R.\*, Caterina Foti<sup>^</sup>

\* Laboratorio di Virologia, U.O. Igiene, Epidemiologia e Sanità Pubblica II, Policlinico, Azienda Ospedaliera Policlinico Bari  
<sup>^</sup> Dipartimento di Medicina Interna, Immunologia e Malattie Infettive, U.O. Dermatologia, Azienda Ospedaliera Policlinico Bari

Herpes Simplex Virus (HSV) è un termine usato per descrivere un virus neurotrofico, a DNA, appartenente alla sottofamiglia degli  $\alpha$ -herpesvirinae di cui si conoscono due sierotipi, HSV tipo 1 (HSV-1) e HSV tipo 2 (HSV-2). Entrambi i