

nute sono state sottoposte a saggio interpretativo di predittività di farmacoresistenza e ad analisi filogenetica del sottotipo mediante programma Stanford (<http://hivdb.stanford.edu>). **Risultati** L'analisi filogenetica effettuata sulla sequenza del gene *pol* di HIV-1 ha rivelato la presenza del sottotipo B in 219/234 (3,58%) e di sottotipi non-B in 15/234 (6,41%). I sottotipi non-B erano rappresentati da CRF02\_AG 3 (1,28%), A 2 (0,85%), CRF01\_AE 1 (0,42%), C 1 (0,42%), D 1 (0,42%), G 1 (0,42%) e dai sottotipi misti D (PR) / B (RT) 2 (0,85%), G (PR) / B (RT) 1 (0,42%), A (PR) / CRF01\_AE 1 (0,42%), CRF02\_AG (PR) / A (RT) 1 (0,42%), CRF01\_AE (PR) / A (RT) 1 (0,42%). L'analisi filogenetica effettuata sulla sola sequenza del gene della trascrittasi inversa ha mostrato la presenza di sottotipi non-B 12/234 soggetti (5,12%): CRF02\_AG 4 (1,70%), A 3 (1,28%), CRF01\_AE 2 (0,85%), C 1 (0,42%), D 1 (0,42%), G 1 (0,42%).

La distribuzione dei sottotipi non-B nei soggetti con sieropositività per HIV-1 rilevata in epoca antecedente al 1999 è risultata del 2,84%, mentre nei soggetti con sieropositività rilevata negli ultimi cinque anni è risultata del 10,42%.

**Conclusioni** Questo studio mostra una bassa prevalenza dei sottotipi non-B in soggetti con infezione da HIV-1 nella popolazione autoctona della regione Campania, ma un significativo incremento nella prevalenza dei sottotipi non-B negli ultimi anni.

## P179

### CONFRONTO TRA SISTEMI IN AUTOMAZIONE. HIV-Ag/Ab-COMBO AxSYM (ABBOTT) VERSO ANTI-HIV-VITROS (ORTHO).

Marinelli M., Tomassini L., Soldini L., Dorigatti F.

*Diagnostica e Ricerca S. Raffaele, Via Stamira d'Ancona 20, Milano.*

**Obiettivo** In questi anni diverse sono state le proposte delle Società Diagnostiche di sistemi per una migliore e precoce diagnosi di infezione da HIV. Nel nostro Istituto abbiamo valutato un test automatizzato che rileva contemporaneamente sia gli anticorpi che l'antigene p24 di HIV (AxSYM HIV Ag/Ab Combo Abbott), confrontandolo con la metodica da noi in uso (Vitros-Anti-HIV Ortho).

**Metodologia** Lo studio è stato effettuato mediante: a) comparazione di 520 campioni non selezionati; i campioni reattivi e/o discordanti sono stati analizzati ulteriormente con test di conferma western blot HIV-1/2 (Genelabs); b) analisi con AxSYM di 39 campioni con positività nota al test HIV-RNA; c) misurazione con AxSYM e Vitros del pannello commerciale PBR-108 BBI per 4 sessioni in giorni diversi; d) verifica per AxSYM della stabilità, nel tempo, della calibrazione con l'utilizzo di 4 controlli (un negativo e tre positivi).

**Risultati** Dei 520 campioni analizzati 519 sono risultati concordanti (511 non reattivi, 8 reattivi) e 1 discordante (test Chi quadro non significativo, concordanza tra metodi 99,8%, sensibilità e specificità di AxSYM verso Vitros 88,9% e 100% rispettivamente). La sensibilità nel gruppo dei 39 soggetti reattivi a diverse concentrazioni al test HIV-RNA è stata del 100%. La riproducibilità dei risultati è stata inferiore a 7% intrasaggio e 11% intersaggio. I 15 campioni del pannello sono stati classificati correttamente e con buona ripetibilità da entrambi i metodi con C.V. medio per AxSYM di 5,8% e per Vitros di 2,3%. L'analisi statistica della distribuzione dei risultati negativi ha evidenziato una deriva verso i valori positivi più per Vitros che per AxSYM; i coefficienti di Asimmetria e di Curtosi sono positivi e il rapporto deviazione standard su coefficiente è significativo.

**Conclusioni** Il test Vitros, al contrario di AxSYM, per mini-

me variazioni di anticorpo presente ha un'ampia variazione di segnale e migliora così la sensibilità del metodo pur, probabilmente, perdendo in specificità (il campione discordante era negativo al WB). Il test AxSYM, al contrario, cerca di migliorare la sensibilità del test con la contemporanea misurazione dell'antigene e degli anticorpi al fine di individuare precocemente l'avvenuta infezione senza perdere in specificità. In conclusione: il test AxSYM-Anti-HIV-Combo ha evidenziato caratteristiche analitiche confrontabili con il metodo in uso in routine e potrebbe, anche se non abbiamo potuto verificarlo in questo studio, rivelarsi vantaggioso nella rilevazione precoce dell'infezione HIV.

## P180

### MONITORAGGIO DELL'INFEZIONE DA CITOMEGALOVIRUS NEI PAZIENTI TRAPIANTATI D'ORGANO E DI MIDOLLO: CONFRONTO TRA L'ANTIGENEMIA E LA PCR REAL TIME.

Sassi M., Gabrielli L., Bellucci T., Lionetti G., Monari P., Lazzarotto T., Landini M.P.

*U.O di Microbiologia, Laboratorio di Virologia, Policlinico S.Orsola-Malpighi, Università degli Studi di Bologna, Bologna.*

L'infezione da Citomegalovirus (CMV) rappresenta una seria minaccia per il buon esito del trapianto e per la stessa sopravvivenza del soggetto trapiantato. Il controllo della fase ematica dell'infezione citomegalica è utile per predire l'eventuale progressione verso la malattia e per monitorare l'efficacia della terapia antivirale.

In questo studio abbiamo valutato un nuovo sistema di PCR Real-Time per quantificare il genoma di CMV in campioni di leucociti polimorfonucleati (PMNL) provenienti da pazienti trapiantati d'organo e di midollo osseo.

Sono stati presi in considerazione 273 campioni di sangue periferico provenienti da 11 trapiantati di cuore, 8 di fegato e 5 di midollo. La ricerca quantitativa del DNA di CMV è stata condotta utilizzando un saggio di PCR Real Time (Q-CMV Real Time System - AMPLIMEDICAL). Le procedure di estrazione e amplificazione sono state eseguite come indicato nelle istruzioni operative del kit. I risultati sono stati espressi come n.copie/10<sup>5</sup> PMNL.

Gli stessi campioni sono stati sottoposti al test dell'antigenemia, test utilizzato di routine nel nostro laboratorio.

Per la ricerca quantitativa del DNA di CMV nel sangue il sistema Real Time ha mostrato un'ottima sensibilità e specificità, in particolare:

- sia l'antigenemia che la PCR Real Time hanno ritrovato tutti i casi di malattia, con un valore di mediana di 0 giorni (antigenemia) e 18.5 giorni (Real Time) rispetto all'inizio dei sintomi.

- il trattamento antivirale determina a livello ematico un marcato decremento (>90%) o scomparsa del DNA di CMV.

- il possibile valore soglia proposto per l'inizio della terapia pre-emptive potrebbe essere di 3500-4000 copie/10<sup>5</sup> PMNL.