

G028**INFEZIONE CRONICA DA VIRUS EPATITICI E DA HIV IN UNA POPOLAZIONE DI IMMIGRATI IN CAMPANIA**

Cuniato V.^{1,2}, Bellitti F.^{1,2}, D'Isanto R.^{1,2}, Di Martino M.², Nocera E.², Bozzelli L.², Rea M.², Stornaiuolo G.³, Precone DF.³, Gaeta GB.³

Laboratorio di Microbiologia, Ospedale SM delle Grazie, Pozzuoli, Napoli¹. Centro Medico-Sociale J. E. Masslo, Castelvolturno, Caserta². Dipartimento di Malattie Infettive, Seconda Università di Napoli³

La valutazione dello stato di salute della popolazione immigrata è spesso ostacolata dalla mancanza di un sistema unico di sorveglianza nazionale e dalla presenza di una quota rilevante di immigrati clandestini, che usualmente non accedono al Servizio Sanitario.

Nel presente studio è stata rilevata la prevalenza di infezioni croniche da virus epatitici e da HIV in immigrati, prevalentemente clandestini, afferenti al Centro di Volontariato *Jerry Essan Masslo*. Per ogni paziente veniva compilata una scheda contenente informazioni demografiche e abitudini di vita e praticato un prelievo ematico per la determinazione di HBsAg, anti-HBs, anti-HBc, HBeAg, anti-HBe, anti-HDV, anti-HCV, anti-HIV.

Sono stati esaminati 544 soggetti: 260 femmine (200 prostitute e 60 ex-prostitute) e 284 maschi (210 disoccupati o con attività saltuarie, 68 manovali e 6 impiegati), provenienti prevalentemente dall'Africa sub-sahariana (81.6%); età mediana 28 anni (range 15-59).

HBsAg positività era presente nel 6.8% dei casi (nessuno era anti-HDV positivo); anticorpi anti-HCV erano rilevabili nel 3.4% dei soggetti esaminati; anti-HIV erano presenti nel 6%; tra questi ultimi, 5 presentavano coinfezione HIV/HBV, mentre nessuno era coinfecto con HCV. Nessuno dei soggetti portatori di HBsAg presentava positività per HBeAg; tra tutti i soggetti esaminati, circa 1/3 presentava immunità anti-HBs.

L'infezione cronica da HBV era più frequente nei maschi ($p < 0.05$) mentre quella da HIV era più frequente nelle femmine e fortemente associata alla prostituzione. L'infezione da HCV era più frequente nei soggetti originari dell'Europa Orientale, mentre quelle da HBV e da HIV erano fortemente associate alla provenienza dall'Africa sub-sahariana. La percentuale di soggetti con anti-HCV e la loro distribuzione per età non è dissimile a quella riscontrata nella popolazione italiana. Elevata appare la percentuale di soggetti portatori di HBsAg; in associazione alla bassa copertura anticorpale riscontrata nella popolazione esaminata, il dato suggerisce la necessità di offrire una copertura vaccinale ai soggetti immigrati.

G029**DETERMINAZIONE DELLA FARMACO-RESISTENZA DI HIV-1 MEDIANTE ANALISI GENOTIPICA: CONFRONTO SULLA PREDITTIVITÀ DEI SAGGI INTERPRETATIVI VIROSEQ™ HIV-1 (APPLIED BIOSYSTEM), HIV-SEQ (STANFORD) E VIRTUAL PHENOTYPE (VIRCONET™).**

Di Nicuolo G.; Chirianni A.*; Battisti S.; Starace M.; Sangiovanni V.*; Glielmi G.*

Servizio di Virologia, *3a Divisione di Malattie Infettive, A. O. "D. Cotugno", Napoli

Obiettivo: I ceppi HIV-1 farmaco-resistenti possono essere identificati mediante analisi genotipica. La predizione di farmaco-resistenza sulla base del sequenziamento del gene *pol* di HIV, tuttavia, richiede l'uso di programmi interpretativi sviluppati da esperti. Nel presente studio vengono confrontati i risultati ottenuti con tre diversi saggi interpretativi dei dati genotipici.

Materiali e metodi

Sono stati inclusi nello studio 34 sequenze genotipiche di HIV-1 ottenute da campioni di plasma di pazienti sotto terapia antiretrovirale e in fallimento virologico con carica virale > 1000 copie di HIV-RNA/mL. La sequenza del gene *pol* di HIV-1 è stata determinata con kit ViroSeq™ HIV-1 Genotyping System (Applied Biosystem) secondo le procedure raccomandate. L'elettroforesi in gel di poliacrilamide è stata effettuata con ABI Prism 377 DNA Sequencer. L'analisi delle sequenze è stata effettuata con DNA Sequencing Analysis software, version 3.4 e ViroSeq™ HIV-1 Genotyping System software, version 2.5, che fornisce anche un report interpretativo delle mutazioni rilevate che costituiscono evidenza genetica di farmaco-resistenza. Le sequenze ottenute sono state sottoposte anche ai saggi interpretativi di predittività di farmaco-resistenza Stanford HIV-SEQ (<http://hivdb.stanford.edu>) e Virtual Phenotype (VircoNET™). I tre saggi interpretativi sono stati confrontati sulla predittività di farmaco-resistenza per 15 farmaci: 6 NRTI (AZT, 3TC, DDI, DDC, D4T, ABC), 3 NNRTI (NVP, DLV, EFV) e 6 PI (IDV, RTV, NFV, SQV, APV, LPV). Sono stati considerati discordanti, per un determinato farmaco, i risultati forniti come predittivi di sensibilità da un saggio interpretativo e di resistenza da un altro.

Risultati

ViroSeq™ (VS), Stanford HIV-SEQ (SHS) e Virtual Phenotype (VP) hanno fornito rispettivamente 510, 510 e 470 interpretazioni. Risultati concordanti sono stati ottenuti nel confronto VS vs. SHS, VS vs. VP e SHS vs. VP, rispettivamente in 370/510 casi (72.54%), 291/470 (61.91%) e in 318/470 (67.65%). Risultati discordanti sono stati ottenuti in 26 casi (5.53%) nel confronto VS vs. VP, in 60 casi (12.76%) nel confronto SHS vs. VP e in nessun caso nel confronto VS vs. SHS. I risultati discordanti erano associati in tutti i casi con VP sensibile e furono ottenuti in modo significativamente più frequente con gli NRTI rispetto ai PI: 24/25 (96.0%) nel confronto VS vs. VP e 50/60 (83.33%) nel confronto SHS vs. VP. Nessun risultato discordante nel confronto fra i tre saggi interpretativi fu ottenuto per gli NNRTI. Dei 24 casi discordanti per gli NRTI osservati nel confronto VS vs. VP, 14 (58.33%) erano per DDC. L'analisi del pattern di mutazioni in questi soggetti mostrava la presenza della mutazione al codon 184 in 11/14 casi (78.57%). Dei 50 casi discordanti per gli NRTI osservati nel confronto SHS vs. VP, 12 (24.0%) erano per DDI, 12 (24.0%) per DDC, 11 (22.0%) per