P167

Virologia

**PREVALENZA DEI GENOTIPI DELL'HBV IN UNA AREA URBANA DELL'OVEST MILANESE**

M. De Paschale [2], O. Arpino [2], T. Re [1], M.T. Manco [2], A. Cianflone [2], C. Agrappi [2], P. Mirri [2], P. Viganò [1], P. Clerici [2]
[1]*U.O. Malattie Infettive, ASST Ovest Milanese, Ospedale di Legnano*
[2]*U.O. Microbiologia, ASST Ovest Milanese, Ospedale di Legnano*

**INTRODUZIONE**

Il virus dell'epatite B (HBV) è suddiviso in 10 diversi genotipi (A-J). A livello geografico il genotipo A pur essendo ubiquitario, è maggiormente presente in Africa ed in Nord Europa. I genotipi B e C sono comuni in Asia. Il genotipo D, anch'esso ubiquitario, è soprattutto presente in Asia, bacino del Mediterraneo e Subcontinente indiano. Il genotipo E è ristretto in Africa Sub-Sahariana. E' stata riportata anche una correlazione tra genotipi e modalità di trasmissione: in particolare i genotipi B e C sono correlati alla via verticale o perinatale, mentre gli altri genotipi alla trasmissione orizzontale, sessuale o all'uso comunitario di oggetti contaminati. Scopo del nostro lavoro è stato quello di valutare la prevalenza dei genotipi dell'HBV e le possibili vie di trasmissione in pazienti italiani e stranieri con epatite HBV cronica, afferenti all'Ospedale di Legnano.

**METODI**

Il genotipo dell'HBV è stato ricercato su campioni di 59 pazienti HBV-DNA positivi che erano giunti al nostro Ospedale per un controllo clinico in previsione di un'eventuale inizio di terapia anti-virale. Di questi pazienti, 39 pazienti erano di origine italiana e 20 straniera. Per il genotipo è stata utilizzata una metodica LiPA. Negli archivi sono stati ricercati i dati sulle vie di trasmissione e sulla presenza di HBeAg.

**RISULTATI**

47 (79.7%) campioni sono risultati con genotipo D, 5 (8.5%) con genotipo A, 5 (8.5%) con E e 2 (3.4%) con C. Tra i soggetti italiani, 35 (89.7%) presentavano genotipo D e 4 (10.3%) genotipo A. Tra gli stranieri, 12 (60%) genotipo D (provenienza da Paesi del Bacino del Mediterraneo, Africa e Asia), 5 (25%) genotipo E (Africa Sub-Sahariana), 2 (10%) genotipo C (Cina) e 1 (5%) genotipo A (Brasile). Il genotipo D era statisticamente ($p<0.05$) più presente tra gli italiani, mentre il genotipo E tra gli stranieri ($p<0.01$). In 33 casi è stato possibile identificare la via di trasmissione: 22 per via familiare, 5 per via sessuale, 4 per via trasfusionale e 2 tramite tossicodipendenza, ma senza differenze significative tra i vari genotipi.
Correlando i dati dei genotipi con l'HBeAg, 6 (12.8%) tra i genotipi D, 4 (80%) tra i genotipi A, 1 (50%) tra i genotipi C e nessuno (0%) tra i genotipi E erano HBeAg positivi. I pazienti con genotipo A presentavano un prevalenza statisticamente più alta di HBeAg rispetto al genotipo D ($p<0.01$) ed E ($p<0.05$).

**CONCLUSIONI**

Il genotipo D è quello più rappresentato nella popolazione di origine italiana della nostra area, seguito dal genotipo A. Negli stranieri sono presenti i genotipi in relazione al loro Paese di provenienza. L'HBeAg è più presente nel genotipo A che non nel D il quale, essendo soprattutto presente nel Bacino del Mediterraneo copre la variante HBeAg negativa. Non sono state infine evidenziate, anche per la esiguità numerica dei gruppi non-D, differenze tra i vari genotipi nella modalità di trasmissione dell'infezione da HBV.