P252

VIROLOGIA

RUOLO DEI SOTTOTIPI NON-B NELLE DINAMICHE DI TRASMISSIONE DI HIV-1 NEL NORD ITALIA NEGLI ANNI 2012-2018

L. Colagrossi [3], M.C. Moioli [1], A. Nava [2], S. Carta [2], S. Chiappetta [1], V. Costabile [3], D. Motta [1], L.G. Chianura [1], R. Rossotti [1], D. Fanti [2], C.F. Perno [2], M. Puoti [1], C. Alteri [3]

[1]*Malattie Infettive, ASST GOM Niguarda, Milano, Italia*

[2]*Microbiologia e Virologia, ASST GOM Niguarda, Milano, Italia*

[3]*Università degli Studi di Milano, Milano, Italia*

INTRODUZIONE

Negli ultimi 15 anni, l'epidemiologia molecolare dei diversi sottotipi e delle forme ricombinanti (CRFs) di HIV-1 si è significativamente modificata, diventando molto più eterogenea. Lo scopo del nostro studio è stato quindi quello di valutare le dinamiche e le relazioni filogenetiche dei ceppi di HIV-1 circolanti nel Nord Italia negli ultimi anni.

METODI

Dal 2012 al 2018 sono state analizzate 272 sequenze POL, ottenute da pazienti naive con una nuova diagnosi di infezione da HIV. Il sottotipo di HIV-1 e i cluster di trasmissione (TCs) sono stati inizialmente determinati attraverso un albero di Neighbor-Joining. I TCs sono stati successivamente confermati attraverso un albero di Maximum likelihood. In accordo con il numero di sequenze contenute nel TCs, i clusters sono stati stratificati in medium/large clusters (LTCs, >3 sequenze) e pairs (2 sequenze).

RISULTATI

I pazienti erano prevalentemente di sesso maschile (82%) ed italiani (65%), con un'età mediana di 39(30-48) anni. La via di trasmissione più rappresentata era quella sessuale, con una prevalenza maggiore di eterosessuali (47%) rispetto agli omosessuali (36%).

Il sottotipo prevalente era il B (64%), seguito dalle forme ricombinanti (23%) e pure non-B (13%). Analizzando l'andamento dei sottotipi nel tempo, i non-B, e in particolare le CRFs, aumentavano significativamente dal 2012 al 2018 (35,8%-57,0%, p=0,012 e 12,2%-23,1% p=0,006, rispettivamente). Le forme BF (48%) e CRF02_AG (36%) erano le più rappresentate.

Il 24,6% (67/272) dei pazienti erano coinvolti nei TCs: 39 (58,2%) nei pairs e 28 (41,8%) in LTCs. I pazienti in TCs rispetto ai pazienti fuori dai clusters risultavano prevalentemente italiani (76% vs 62%, p=0,034) e infettati da sottotipi non-B, in particolare dalle forme ricombinanti BF (7% vs 2%, p=0,043).

Il 100% dei pazienti nei LTCs risultava di sesso maschile rispetto al 79,5% nei pairs (p=0,017). Una più elevata prevalenza di sottotipi non-B si confermava nei LTCs rispetto ai pairs, con la CR42_BF presente solo nel gruppo dei LTCs (18% vs 0%; p=0,010).

Infine attraverso l'analisi logistica multivariata, l'infezione da sottotipi non-B di HIV-1 era l'unico fattore significativamente associato alla probabilità di essere in un LTC (Odd-Ratio [95% C.I.], 3,29 [1,37-7,93]).

CONCLUSIONI

Questo lavoro ha permesso di osservare come le infezioni causate da sottotipi non-B di HIV-1 stiano aumentando nel Nord Italia, e come si stiano diffondendo in LTCs, partecipando al cambiamento epidemiologico nel contesto dell'infezione da HIV.

Complessivamente, la crescente variabilità osservata nelle nuove diagnosi di HIV-1 obbliga alla messa in atto di strategie di prevenzione e sorveglianza mirate alla lotta e identificazione precoce di questi outbreaks locali.