

**ANALISI DEL MICROBIOTA INTESTINALE IN PAZIENTI INFETTI DA VIRUS DELL'EPATITE A E CO-INFETTI CON HIV**E. Giombini<sup>1</sup>, G. Rozera<sup>1</sup>, M.R. Capobianchi<sup>1</sup>, I. Abbate<sup>1</sup><sup>1</sup>Laboratorio di Virologia, INMI L. Spallanzani IRCCS, Roma**INTRODUZIONE**

Recentemente, diversi studi hanno messo in evidenza l'influenza che può esercitare il microbiota intestinale sulla progressione dell'epatite virale cronica. È inoltre noto che la disbiosi intestinale, osservata nell'infezione HIV, correla con una persistente attivazione dell'immunità.

Scopo del presente lavoro è descrivere la composizione del microbiota intestinale in pazienti (pt) con infezione da virus dell'epatite A (HAV) mono-infetti ed HAV/HIV co-infetti.

**METODI**

Sono stati studiati campioni fecali appartenenti a 7 pt mono-infetti HAV ed a 2 soggetti HAV/HIV co-infetti in terapia efficace cART (valori mediani di CD4 T 667, IQR 427-907 cellule/ $\mu$ l). I pt erano tutti maschi italiani con un'età mediana di 33 anni (IQR 29,5-38,5). Tutti i soggetti erano HBV e HCV negativi, tranne un pt co-infetto HAV/HIV con positività anticorpale all'antigene core HBV. L'acido nucleico virale è stato estratto con protocollo DSP Virus/Pathogen su piattaforma QiaSymphony, Qiagen. La libreria del 16S rRNA è stato preparata utilizzando il protocollo Illumina ed è stata sequenziata sulla piattaforma Illumina MiSeq. L'identificazione tassonomica è stata realizzata con un programma specifico per dati Illumina 16S (Integrated Microbial Next Generation Sequencing, IMNGS). L'alfa diversità del microbiota è stata valutata calcolando l'indice di Shannon sia sul totale della popolazione microbica che stratificando per singoli phylum. Le diversità tra gruppi sono state confrontate mediante test di Mann-Whitney.

**RISULTATI**

Sono state ottenute mediamente 155.700 reads (IQR 124.703-204.431), di cui il 24% il programma IMNGS ha assegnato in maniera univoca la tassonomia.

In tutti i pt, tranne che in uno, il phylum Bacteroidetes è risultato essere il più rappresentato nel microbiota intestinale. All'interno di questo phylum il genere Prevotella è risultato essere il più abbondante (in 5 su 7 pt HAV mono-infetti e in tutti i pt HAV/HIV co-infetti).

I valori mediani delle alfa diversità del microbiota intestinale sono stati 1,4 (IQR 1,0-1,8) nei pt HAV mono-infetti e 2,3 (IQR 2,2-2,4) nei pt HAV/HIV co-infetti ( $p = 0,11$ ). La diversità mediana all'interno dei phyla è stata di 0,4 (IQR 0,2-0,8) negli HAV mono-infetti e 0,5 (IQR 0,1-0,8) nei pt HAV/HIV co-infetti ( $p > 0,99$ ) per quanto riguarda il phylum Bacteroidetes; 1,8 (IQR 1,7-1,9) nei HAV mono-infetti e 2,1 (IQR 1,9-2,2) nei HAV/HIV co-infetti ( $p = 0,22$ ) per i Firmicutes.

**CONCLUSIONI**

I presenti dati suggeriscono che nell'infezione da virus dell'epatite A il microbiota intestinale è piuttosto eterogeneo, con il genere Prevotella più rappresentato nel microbiota. Nella co-infezione con HIV l'alfa diversità tende ad aumentare, seppur in modo non statisticamente significativo. Ulteriori studi che verranno condotti su casistica più ampia di soggetti potranno arricchire questa analisi.