

IDENTIFICAZIONE DI CLUSTER DI TRASMISSIONE DI VIRUS DI EPATITE C IN UN GRUPPO DI PAZIENTI TALASSEMICI CON DIAGNOSI DI INFEZIONE ACUTA

M. Aragri¹, L. Fabeni¹, V.C. Di Maio¹, F. Bronte², S. Grimaudo³, R. Pipitone³, A. Craxi², C.F. Perno⁴, V. Di Marco², F. Ceccherini-Silberstein¹

¹Dipartimento di Medicina Sperimentale, Università di Roma Tor Vergata, Roma

²Gastroenterologia, Ospedale Universitario "P. Giaccone", Palermo

³Patologia Molecolare, Ospedale Universitario "P. Giaccone", Palermo

⁴Università di Milano, Milano

INTRODUZIONE

Il riconoscimento delle cause di infezione da virus di epatite C (HCV) in persone che frequentano ospedali per ricevere trasfusioni di sangue o per eseguire procedure diagnostiche e terapeutiche è uno strumento molto importante. Abbiamo valutato un focolaio di infezione acuta da HCV in un gruppo di pazienti talassemici seguiti nello stesso centro talassemico.

METODI

E' stato eseguito il sequenziamento mediante metodologia Sanger delle regioni genomiche di HCV NS3, NS5A, NS5B, seguendo protocolli home-made, di 11 pazienti con infezione acuta da HCV diagnosticata tra aprile e novembre 2016 e di 11 pazienti con infezione cronica da HCV seguiti nello stesso centro. Tutti i pazienti al momento delle analisi risultavano naïve alla terapia con i farmaci antivirali diretti. La trasmissione dell'infezione da HCV con trasfusioni di sangue è stata esclusa da un'analisi retrospettiva di tutti i donatori di sangue. Per valutare il sottotipo/genotipo di HCV e identificare i cluster di trasmissione (CT) è stata eseguita un'analisi filogenetica utilizzando i metodi di Neighbor-Joining, Maximum-Likelihood e analisi Bayesiana.

RISULTATI

In totale, sono state ottenute 18 sequenze HCV del gene NS5B, 17 di NS3 e 16 di NS5A. In particolare, sono state ottenute tutte le sequenze dei pazienti con infezione cronica e almeno 2 sequenze di geni per tutti i pazienti con infezione acuta, ad eccezione di 4, a causa di bassa viremia o della non rilevabilità. Le analisi filogenetiche hanno confermato che tutti i pazienti erano infetti da GT1b e tutti i 7 pazienti con infezione acuta erano coinvolti in CT con pazienti cronici. Nello specifico, sono stati identificati 5 CT comprendenti 2-4 pazienti per cluster, per un totale di 14 pazienti coinvolti (77,8%). Quattro CT includevano sia persone con infezione acuta che cronica, e 1 cluster solo cronici. In 4/5 CT, è stata osservata in NS5A la mutazione di resistenza Y93H in una minoranza di pazienti (generalmente nel paziente cronico). Complessivamente la prevalenza di tale mutazione nei cluster è stata del 35,71%, 20% in persone con infezione acuta e 57,14% in persone con infezione cronica.

CONCLUSIONI

Le analisi filogenetiche hanno evidenziato la presenza di CT tra i pazienti talassemici con diagnosi di infezione acuta e cronica, suggerendo che i virus appartenenti a ciascun cluster hanno gradi di somiglianza tali da farli ritenere di avere un'origine comune. La presenza di Y93H in NS5A in una minoranza di pazienti coinvolti negli stessi CT suggerisce che le interazioni virus-ospite possano influenzare una rapida e diversificata selezione delle varianti virali dopo la trasmissione.