

STUDIO DELLE MUTAZIONI DEL GENE POL (REGIONE CODIFICANTE PER LA TRASCRITTASI INVERSA E PER LA PROTEASI DELL'HIV) IN PAZIENTI NAIVE

Di Nicuolo G., Gargiulo M.*, Chirianni A.*, Abrescia N.^, Izzo C. M.°

Laboratorio di Virologia, *III Divisione, ^IV Divisione, °VIII Divisione A.O. D. Cotugno, Napoli

Presentatore: Gargiulo Miriam

Ospedale: D.COTUGNO Via: Quagliariello, n° : 54 - 80131 Napoli Tel.: 081-5908460 Fax: 081-5908303

OBIETTIVI: Scopo dello studio è stata la valutazione della frequenza e del significato clinico delle mutazioni genotipiche in pazienti HIV-1 infetti non ancora sottoposti a terapia antiretrovirale mediante analisi filogenetica del gene pol.

METODI: Sono stati inclusi nello studio 102 pazienti mai sottoposti a terapia antiretrovirale . E' stata effettuata la sequenza dell'intero gene delle proteasi e dei codoni 1-335 del gene della trascrittasi inversa mediante kit ViroSeq HIV-1 Genotyping System (Abbott Lab). L'elettroforesi in gel con ABI Prism 377 DNA Sequencer (Applied Biosystem) e l'analisi delle sequenze era eseguita con DNA Sequencing Analysis software, ver 3.4 e ViroSeq HIV-1 Genotyping System ver 2.5 (Applied Biosystem). E' stato utilizzato il programma Stanford per il saggio interpretativo di predittività di farmacoresistenza.

RISULTATI: I geni RT e PR sono stati amplificati e sequenziali con successo in tutti i 102 pazienti naive.

Nei 102 pazienti naive non è stata riscontrata nessuna mutazione primaria per le tre classi dei farmaci. 94 pazienti (92,1%) hanno mostrato almeno una mutazione secondaria per PI e 8 pazienti (7,8%) per NRTI. Nessun paziente naive ha mostrato mutazioni correlate a farmacoresistenza per NNRTI. La mutazione secondaria più frequente è la P63L presente in 60 pazienti (58,8%), in 20 dei quali (29,4%) rappresenta l'unica mutazione presente. La mutazione V77I risulta in 38 pazienti (37,2%) e la L10I/V/F in 22 pazienti (21,5%).

DISCUSSIONE: Mentre i nostri pazienti in trattamento antiretrovirale mostrano una elevata frequenza di mutazione primaria (93% dei casi), la frequenza di mutazione nei naive è pressoché trascurabile (nessuna mutazione primaria e presenza di almeno una mutazione secondaria per NRTI nel 7,8% e per IP del 92% dei pazienti). Tale situazione al momento, nella nostra area geografica, non rende raccomandabile lo studio delle resistenze nei pazienti naive, salvo nel contesto di indagini epidemiologiche o specifici protocolli.