P162

Virologia

POSSIBILE RUOLO DELLE COINFEZIONI DA GENOTIPI MULTIPLI NELLA EZIOPATOGENESI DELLE INFEZIONI HPV CORRELATE.

R. Del Prete [3], L. Ronga [4], R. Magrone [2], G. Addati [2], D. Di Carlo [1], G. Miragliotta [3]

[1]*Department of Experimental Medicine and Surgery, University of "Rome Tor Vergata", Rome, Italy.*

[2]*Dip DIM, Università degli Studi di Bari "Aldo Moro", Bari, Italy.*

[3]*Dip DIM, Università degli Studi di Bari "Aldo Moro", Bari, Italy. UOC Microbiologia e Virologia, Azienda Ospedaliero-Universitaria Policlinico, P.zza G. Cesare, 4, 70124 Bari.*

[4]*UOC Microbiologia e Virologia, Azienda Ospedaliero-Universitaria Policlinico, P.zza G. Cesare, 4, 70124 Bari.*

INTRODUZIONE

Circa l'80% delle donne sessualmente attive presenta, almeno una volta nella vita, un' infezione da HPV (Human Papillomavirus). Nel 10-30% dei soggetti infetti è stata riscontrata presenza simultanea di più di un genotipo infettante. Tuttavia, il ruolo delle coinfezioni nella genesi e sviluppo delle patologie collegate all'infezione da HPV non è stato ancora chiarito. Lo scopo di questo studio è stato quello di valutare l'associazione tra i quattro genotipi coperti dall'attuale vaccino quadrivalente (HPV 6, 11, 16 e 18) e i genotipi virali rilevati da un sistema di amplificazione Real-Time.

METODI

Sono stati retrospettivamente valutati 2058 campioni (1780 tamponi vaginali, 134 tamponi cervicali e 144 tamponi uretrali) pervenuti, nel periodo Gennaio 2013/Novembre 2016, presso l'U.O.C. di Microbiologia e Virologia dell'Azienda Ospedaliero-Universitaria Policlinico di Bari per la ricerca di genotipi HPV.
Il DNA è stato estratto dai campioni clinici con metodica automatizzata (MagNA Pure 96 System, Diagnostics GmbH, Mannheim, Germany). Gli estratti sono stati successivamente processati con metodica molecolare multiplex real-time PCR (ANYPLEX II HPV-28, SEEGENE, Inc., Seoul, Korea) mediante Bio-Rad real-time cycler CFX96TM PCR (Bio-Rad Laboratories).
La valutazione delle associazioni è stata effettuata tramite regressione logistica cui sono seguite 100.000 ripetizioni effettuate su sottoinsiemi casuali di 1990 campioni ognuno.

RISULTATI

994/2058 campioni (48.3%) sono risultati positivi per la presenza di HPV DNA e su 504 campioni (24,5%) è stata rintracciata la presenza di più di un genotipo virale. La prevalenza di HPV 6, 11, 16 e 18 è risultata essere, rispettivamente, 5.30% (109), 0.87% (18), 8.75% (180) e 3.01% (62). Dall'analisi di regressione logistica effettuata sui genotipi virali 6, 11, 16 e 18 è emerso che: HPV 6 è risultato associato ai genotipi virali 42 (aOR:2.43, 95%CI:1.41-4.05) e 45 (Adjusted OR:8,42, 95%CI:3.23-20.55), HPV 16 è risultato associato al genotipo 66 (aOR:2.70, 95%CI:1.54-4.56) e HPV 11 e 18 non sono risultati associati ad alcun genotipo.

CONCLUSIONI

La presenza di alcune coinfezioni potrebbe essere ascrivibile a comuni modalità di trasmissione dell'infezione ma potrebbe anche essere dovuta a peculiari predisposizioni dell'ospite all'acquisizione di determinati genotipi. La successiva valutazione del dato citologico/istologico potrebbe contribuire a chiarire l'eventuale significato clinico di queste associazioni.