P177

Virologia

GENOTIPIZZAZIONE PAPILLOMAVIRUS: 18 MESI DI VALUTAZIONE EPIDEMIOLOGICA

S. Torri [1], A. Nava [1], P.D. Doneda [1], V. Lepera [1], D. Fanti [1]

[1]*S.C. Analisi Chimico Cliniche e Microbiologia- ASST Grande Ospedale Metropolitano Niguarda-Milano*

INTRODUZIONE

Papillomavirus (HPV) costituisce uno dei principali agenti di infezioni sessualmente trasmesse; diversi genotipi sono implicati nello sviluppo di neoplasie genitali, displasie orofaringee e condilomi. Lo screening permette una conoscenza precoce della presenza di tale infezione e l'attuazione di una strategia terapeutica appropriata per evitare l'evoluzione delle lesioni. Scopo del nostro studio è stata la valutazione epidemiologica dei diversi genotipi di HPV.

METODI

Da gennaio 2016 a giugno 2017 abbiamo analizzato 808 campioni di secreto cervicale e di materiali vari (spazzolato da condiloma, tampone uretrale, anale e faringeo) di pazienti afferenti agli ambulatori dell' ASST Grande Ospedale Metropolitano Niguarda. Per ciascun campione è stato eseguito il test di screening per genotipi ad alto rischio (16, 18, 31, 33, 35, 39, 45, 51, 52, 56, 58, 59, 66 e 68) con Abbott Real Time High Risk HPV kit su piattaforma m2000. Tutti i tamponi cervicali risultati positivi allo screening sono stati analizzati per determinare l'esatto genotipo tramite kit INNO-LiPA HPV Genotyping Extra II secondo il protocollo dell'azienda. Per quanto riguarda gli altri materiali sono stati eseguiti entrambi i test.

RISULTATI

I campioni maschili analizzati sono stati 62, dei quali 44 positivi per HPV. Il 34.09 % aveva un'infezione singola, 31.82% una doppia, e il 34.09% mostrava 3 o più genotipi. Tra quelli ad alto rischio, i più frequentemente isolati sono stati HPV 16(11.22%), 51(6.12%), 66(5.10%); i genotipi a basso rischio HPV 6 e 11 costituiscono rispettivamente il 20.41% e 17.35%, mentre gli altri genotipi a basso rischio rappresentano il 17.35%. Nella popolazione femminile, abbiamo analizzato 746 campioni, 347 dei quali sono risultati positivi allo screening. Esaminati con il test di secondo livello, il 48.99 % presentava un'infezione singola, 31.70% una doppia, e il 19.31% mostrava 3 o più genotipi. Tra quelli ad alto rischio, i più frequentemente isolati sono stati HPV 16(12.66%), 31(9.29%), 66(8.65%); i genotipi a basso rischio rappresentavano il 24.52%. Il genotipo 18 è stato riscontrato nello 1.02% delle infezioni maschili nel 4.01% delle infezioni femminili.

CONCLUSIONI

Nella popolazione maschile la maggioranza delle infezioni è sostenuta da multipli genotipi di HPV. I genotipi più frequentemente isolati sono stati 6, 11 e 16, in linea con i dati di letteratura. Nella popolazione femminile HPV16 è maggiormente rappresentato, seguito da 31 e 66.
L'analisi epidemiologica permette la conoscenza dei diversi genotipi attualmente circolanti e, nei prossimi anni, renderà possibile la valutazione dell'efficacia vaccinale.