

RICERCA ED IDENTIFICAZIONE DI PATOGENI ASSOCIATI A INFEZIONI SESSUALMENTE TRASMISSIBILI MEDIANTE MULTIPLEX REAL-TIME PCR.

R. Del Prete¹, L. Ronga², G. Addati¹, M. Lestingi¹, U.F. Angelotti¹, G. Miragliotta¹

¹Dip.DIM, Università degli Studi, Policlinico, P.zza G. Cesare, 4, 70124-Bari.

²UOC Microbiologia e Virologia, Azienda Ospedaliera-Universitaria Policlinico, P.zza G. Cesare, 4, 70124-Bari.

INTRODUZIONE

Le infezioni sessualmente trasmissibili (IST) sono divenute in questi ultimi anni fra le più frequenti infezioni che possono colpire sia l'uomo sia la donna. Tra i patogeni coinvolti si annoverano *Chlamydia trachomatis* (CT), *Neisseria gonorrhoeae* (NG), *Ureaplasma urealyticum* (UU), *Mycoplasma hominis* (MH), *Mycoplasma genitalium* (MG), *Trichomonas vaginalis* (TV) e *Ureaplasma parvum* (UP). L'importanza dell'identificazione di tali patogeni sta nel fatto che una delle complicanze più gravi è la sterilità, maschile e femminile.

Nella diagnosi delle IST le tecnologie molecolari rappresentano un nuovo fronte in termini di rapidità, di sensibilità e specificità rispetto alle metodiche tradizionali. Nell'ambito delle biotecnologie, l'utilizzazione della multiplex real-time PCR, volta alla ricerca in campioni biologici di CT, NG, UU, MH, MG, TV e UP contemporaneamente, rappresenta un vantaggio nella diagnosi di tali infezioni. Scopo del lavoro è quello di valutare l'incidenza di CT, NG, UU, MH, MG, TV e UP in campioni clinici provenienti da pazienti con sintomi di IST mediante la metodica molecolare multiplex real-time PCR.

METODI

Nel periodo Giugno 2014 – Luglio 2015 all'UOC di Microbiologia e Virologia dell'Azienda Ospedaliera-Universitaria Policlinico di Bari sono pervenuti 1342 campioni (13 urine, 79 tamponi vaginali, 92 tamponi uretrali, 859 tamponi cervicali, 142 liquidi seminali, 115 liquidi endometriali, 19 tamponi anali, 7 tamponi buccali, 16 tamponi glande) per la ricerca di DNA di CT, NG, UU, MH, MG, TV e UP. Il DNA è stato estratto dai campioni clinici con metodica automatizzata (MagNA Pure Compact System, Roche Diagnostics GmbH, Mannheim, Germany). Gli estratti sono stati successivamente processati con metodica molecolare multiplex real-time PCR (ANYPLEXII STI-7, SEEENE, Inc., Seoul, Korea) mediante Bio-Rad thermal real-time cyclers CFX96TM Real-Time PCR (Bio-Rad Laboratories). Complessivamente, il tempo necessario per la completa esecuzione è stato di circa 4 ore, per ogni campione.

RISULTATI

Dei campioni clinici analizzati per la ricerca di DNA di CT, NG, UU, MH, MG, TV e UP, 342/1342 (25.48%) sono risultati positivi e 1000/1342 (74.52%) negativi. 20/342 (5.85%) sono risultati positivi per CT, 10/342 (2.92%) positivi per NG, 3/342 (0.88%) positivi per MG, 62/342 (18.13%) positivi per MH, 62/342 (18.13%) positivi per UU, 250/342 (73.1%) positivi per UP e 27/342 (7.89%) positivi per TV. Sono state rilevate 68 (19.88%) coinfezioni: 49 (14.33%) campioni con 2 microorganismi, 15 (4.38%) con 3, 3 (0.88%) con 4 ed 1 (0.29%) con 5.

CONCLUSIONI

I nostri dati ottenuti con la metodica molecolare multiplex real-time PCR ne evidenziano la rapidità, sensibilità e specificità per la rilevazione simultanea di patogeni associati ad IST. L'applicazione di tale metodologia nei campioni clinici di pazienti con sintomi di IST appare di sicuro interesse, soprattutto riguardo alla rapidità di esecuzione che consente la tempestiva terapia antibiotica mirata.