P226

VIROLOGIA

GENOTIPO HPV: ANALISI IN UNA POPOLAZIONE DI SESSO MASCHILE.

E. Matarazzo [2], A. Nava [1], S. Torri [2], L. Colagrossi [2], C.F. Perno [1], D. Fanti [1]
[1]*S.C Analisi Chimico Cliniche e Microbiologia ASST GOM Niguarda, Milano, Italia*
[2]*Università degli Studi di Milano, Milano, Italia.*

INTRODUZIONE

Il Papilloma virus (HPV) è responsabile di infezioni a trasmissione sessuale. Nei maschi è causa di verruche-condilomi ano-genitali e di tumori genitali e orofaringei. Gli individui maggiormente esposti al rischio di patologie associate ad HPV sono gli MSM (men who have sex with men). Il vaccino nona-valente fornisce protezione nei confronti dei genotipi 6,11,16,18,31,33,45,52 e 58, ma la sua disponibilità varia su base regionale. La mancanza di programmi di screening sui soggetti maschi in Italia, rende difficoltosa la diagnosi e limita l'attuazione di una strategia terapeutica mirata. Lo scopo del nostro lavoro è stato la valutazione epidemiologica dei genotipi di HPV in individui di sesso maschile.

METODI

Dal giugno 2017 a maggio 2019 abbiamo processato 157 campioni maschili di differenti matrici presso l'ASST Grande Ospedale Metropolitano Niguarda. I campioni sono stati sottoposti all'analisi per la determinazione del genotipo HPV con il kit INNO-LiPA HPV Genotyping Extra II, secondo il protocollo del produttore.

RISULTATI

Sono stati processati 157 campioni: 117 (74,5%) positivi per almeno un genotipo di HPV, 4 (2,5%) positivi ma con genotipo non tipizzabile (quindi esclusi dall'analisi) e 36 (23%) negativi.
I materiali dei 117 campioni positivi erano: tampone anale (94,9%), tampone genitale (3,4%) e tampone orale (1,7%). Il 32,5% aveva un solo genotipo, il 39,3% ne aveva due/tre mentre il 28.2% quattro o più. Nel 13,7% dei campioni positivi abbiamo rilevato solo HPV ad alto rischio, nel 49,5% sia genotipi a basso che ad alto rischio ed infine nel 36,8% solo HPV a basso rischio.
I genotipi ad alto rischio isolati con più frequenza sono stati: 16 (18,8%), 51 (15,4%), 59 (14,5%) e 66 (12,8%). Tra i genotipi a basso rischio, 6 e 11 sono stati isolati rispettivamente nel 43,6% e 20,5% dei casi; tra gli altri genotipi a basso rischio, non associati solitamente alla formazione di condilomi, i più frequenti sono stati: 53 (12,8%), 44 (8,5%) e 62 (6,8%).
Nella popolazione esaminata, 41 campioni provenivano da pazienti HIV positivi, di questi 34 (82,9%) sono risultati positivi per HPV. In 4 (11,8%) campioni era presente un solo genotipo, in 11 (32,4%) due-tre ed in 19 (55,8%) quattro o più, invece nei pazienti HIV negativi abbiamo osservato un trend opposto riguardo al numero di isolamenti (41%, 42,1% e 16,9% rispettivamente).
Non abbiamo riscontrato invece differenze sui genotipi isolati nei pazienti con HIV e le altre popolazioni.

CONCLUSIONI

I dati evidenziano come le infezioni maschili siano in maggioranza sostenute da genotipi multipli di HPV. I genotipi isolati con più frequenza sono stati il 6, 11, 16, 51 e 59 , la maggior parte presenti nel vaccino nona-valente. Vista l'elevata frequenza di tale infezione, il vaccino nona-valente potrebbe ridurre l'insorgenza di tali patologie soprattutto nelle popolazioni considerate ad alto rischio come gli MSM.