

PREVALENZA DEI PRINCIPALI AGENTI DI INFEZIONI A TRASMISSIONE SESSUALE, DETERMINATA CON METODO MOLECOLARE, NELLA POPOLAZIONE AFFERENTE AL SERVIZIO DI MICROBIOLOGIA DELLA AOUI DI VERONA

M.M. Lleo², A. Sandri¹

¹Dipartimento di Diagnostica e Sanità Pubblica, Sezione Microbiologia, Università di Verona

²Unità Operativa Complessa di Microbiologia e Virologia, AOUI Verona. Dipartimento di Diagnostica e Sanità Pubblica, Sezione Microbiologia, Università di Verona

INTRODUZIONE

Le infezioni sessualmente trasmesse (IST) si confermano tutt'oggi come una area di primaria importanza nella gestione della salute pubblica mondiale. Infatti, al di là dell'impatto rappresentato dalle infezioni acute, le IST possono causare diverse complicanze a livello genitale. È oramai inoltre globalmente riconosciuta la stretta connessione tra la presenza di STI e l'aumento del rischio per infezione da HIV. L'Organizzazione Mondiale della Sanità (OMS) stima che, globalmente, circa 500 milioni di persone all'anno si infettino con una malattia a trasmissione sessuale assolutamente prevenibile e curabile (sostenuta principalmente da *Treponema pallidum* (sifilide), *Neisseria gonorrhoeae*, *Chlamydia trachomatis* e *Trichomonas vaginalis*). In Italia al momento non sono disponibili dati nazionali circa la prevalenza di tali infezioni sia in pazienti sintomatici che, soprattutto, in pazienti asintomatici ed in specifiche popolazioni a rischio. In questo studio si sono valutate le caratteristiche e le prestazioni di un metodo molecolare per la diagnosi delle infezioni batteriche a trasmissione sessuale.

METODI

Dalla seconda metà del 2015 il Servizio di Microbiologia dell'AOUI di Verona utilizza il metodo molecolare Seegene Anyplex STI7 per l'analisi dei campioni da pazienti interni e soprattutto da utenti ambulatoriali per la diagnosi di possibili infezioni da batteri a trasmissione sessuale e da *Trichomonas vaginalis* utilizzando un unico campione. In questi tre anni sono stati esaminati 4.700 campioni costituiti soprattutto da tampone cervicale (1930), urine (1668), tampone uretrale (655) e tampone vaginale (439). Da segnalare una evoluzione nell'arco dei tre anni del tipo di campione scelto per la diagnosi con una diminuzione del numero di tamponi uretrali (da 280 nel primo anno a 166 nel terzo anno) a favore dei campioni di urina che sono passati da 255 nel 2016 a 507 nel 2017 e a 910 nel 2018.

RISULTATI

Mentre la prevalenza, sul totale dei campioni, dei microorganismi senza un ruolo clinico chiaro risulta essere quella maggiore, *Ureaplasma parvum* (22%), *U. urealyticum* (6%) e *Mycoplasma hominis* (5%), è stata riscontrata una prevalenza del 4.2% per *Chlamydia trachomatis*, del 1.2% per *Neisseria gonorrhoeae*, del 1.6% per *Mycoplasma genitalium* e del 1.2% per *Trichomonas vaginalis*, in linea con la prevalenze segnalate in altri laboratori italiani ed europei.

CONCLUSIONI

Il test biomolecolare utilizzato consente di rilevare contemporaneamente ed in un unico campione, preferibilmente un campione di urina, sette diversi agenti eziologici batterici di IST. Il test, basato in una multiplex Real-Time PCR si è dimostrato cost-effective con un aumento della sensibilità, diminuzione del tempo di amplificazione e semplificazione della procedura diagnostica con importanti vantaggi sia per il paziente sia per l'ambulatorio ed il medico curante. Il test fornisce anche la quantificazione della carica microbica, un dato aggiuntivo interessante nella discriminazione tra infezione e colonizzazione.