
094

**INFEZIONE DA PAPILOMAVIRUS:
STUDIO DI PREVALENZA DEI GENOTIPI AD
ALTO E BASSO RISCHIO ONCOGENICO**Camporiondo M.P., Gallone D., Luzietti V., Natili S.,
Tronci M.*Laboratorio Di Microbiologia e Virologia,
Azienda Ospedaliera San Camillo-Forlanini,
Piazzale Carlo Forlanini 1, 00152 Roma***Introduzione**

Sono noti circa 100 tipi di Papillomavirus (HPV), circa 1/5 è associato a patologie del tratto genitale.

Nella popolazione sessualmente attiva la localizzazione più frequente è a livello della cervice uterina. HPV è rilevabile con significativa frequenza nelle lesioni di basso grado (LSIL), con frequenza maggiore in quelle di alto grado (HSIL) mentre è fortemente associato (99.7%) al tumore della cervice. La diversa capacità oncogenica degli HPV consente di suddividerli in genotipi ad alto rischio (AR) e basso rischio (BR).

Tra settembre 2002-maggio 2005 abbiamo ricercato il DNA di HPV su 960 prelievi cervicali di donne provenienti dall'ambulatorio ginecologico dell'ospedale San Camillo di Roma. L'età media è stata di 34.2 anni. Lo scopo dell'indagine è stato quello di valutare la prevalenza dei diversi genotipi HPV.

Metodi

L'iter diagnostico dei campioni è iniziato con una PCR screening per HPV-DNA con i primer MY09-MY11 (regione L1). I campioni positivi sono stati tipizzati utilizzando la tecnica INNOLIPA che individua 25 genotipi di cui 14 AR (16,18,31,33,35,39,45,51,52,58,59,66,68) e 11 BR (6,11,40,42,43,44,53,54,56,70,74).

Risultati

160 campioni (17.6%) sono risultati positivi allo screening per HPV-DNA.

Di questi 120 sono stati tipizzati con l'INNOLIPA. I genotipi AR più frequenti sono stati: 16 (25.0%), 52 (16.0%), 18 e 31 (11.7%), 66 (10.8%) 51 (10.0%), 56 (7.7%), 58 (6.7%), gli altri con valori inferiori al 5%.

I genotipi BR più frequenti sono stati: 11 (26.7%), 53 (24.2%), 6 (19.2%), gli altri con valori inferiori al 5%.

Inoltre 41/120 campioni (34.2%) avevano uno o più genotipi AR, 48/120 (40.0%) uno o più genotipi BR, 31/120 (25.8%) li avevano entrambi, 4/120 (3.2%) erano negativi.

Conclusioni

Dai risultati emerge nei genotipi AR il 16 come quello maggiormente rappresentato, seguito dal 52 che prevale rispetto al 18 e al 31; tra i genotipi BR dopo l'11, prevale il 53 rispetto al 6.