
S1.2

**ANALISI MOLECOLARE DI HPV
GENITALI AD ALTO RISCHIO
IN LESIONI CERVICALI MONITORATE
NELLA REGIONE EMILIA ROMAGNA**
Zerbini M.L.
*Dipartimento di Medicina Clinica Specialistica e
Sperimentale, Università di Bologna*

L'infezione da HPV può causare lesioni epiteliali di diverso grado. Da studi epidemiologici emerge infatti che la persistenza d'infezioni da HPV ad alto rischio oncogeno precede e predice lo sviluppo in senso maligno delle lesioni squamose intraepiteliali. In questi ultimi anni quindi, l'utilizzo di test molecolari per la ricerca di HPV ad alto rischio oncogeno ha trovato ampia diffusione come strumento diagnostico fondamentale per l'implementazione dell'esame citologico nella prevenzione del carcinoma del collo dell'utero e nel follow up di pazienti trattate per lesioni di alto grado.

Nel nostro laboratorio sono stati analizzati, nel periodo 2001-2006, 7113 campioni citologici eso-endocervicali di pazienti in età compresa tra i 16 e gli 80 anni (età media 36.68), l'incremento degli esami effettuati in questo periodo è stato del 232 %. Dei 7113 campioni citologici esaminati, 6932 sono stati analizzati mediante test di ibridazione con amplificazione del segnale (HCII) e 968 analizzati e tipizzati mediante PCR-ELISA.

Considerando che i campioni che pervengono al laboratorio non provengono da donne inserite nel programma di screening regionale, ma provengono da pazienti che presentano già, nella maggior parte dei casi, alterazioni citologiche e/o cliniche, la positività osservata è rispettivamente del 34,43% per il test HCII e del 56,61% per la PCR-ELISA, essendo di norma la PCR-ELISA un test di secondo livello rispetto all'HCII.

I genotipi identificati mediante PCR-ELISA sono gli alti rischi 16, 18, 31, 33, 35, 45, 52, 58, con una prevalenza rispettivamente del 28,37% 5,31% 11,84% 7,55% 3,06% 1,84% 6,33% 6,53%; sono inoltre tipizzati i bassi rischi 6 ed 11 con prevalenza rispettivamente del 3,47% e del 1,43%, il 24,29% dei campioni rimane non tipizzato. Nel 12,4% dei campioni è stata riscontrata un'infezione mista.

Sono state inoltre analizzate circa 350 pazienti trattate chirurgicamente per lesioni di alto grado, circa 150 di queste pazienti sono state seguite per un follow up di almeno 12 mesi dal trattamento. Nell'ambito di questo follow up sono stati studiati diversi parametri molecolari virali e cellulari che possono essere attualmente considerati marker di malattia quali: carica

virale, stato fisico ed espressione degli mRNA degli oncogenivirali E6/7, è stato inoltre messo a punto un metodo quantitativo per l'analisi della proteina cellulare P16, la cui sovraespressione è correlata all'attivazione della oncoproteina E7 degli HPV ad alto rischio.

Concludendo quindi abbiamo a disposizione tecniche molecolari raffinate che ci permettono di diagnosticare non solo la presenza di HPV ad alto rischio oncogeno nel campione in esame, ma ci possono fornire informazioni sullo stadio e sull'evoluzione della malattia.

S1.3

**LA TIPIZZAZIONE GENOTIPICA NEL
CONTROLLO DELLE INFEZIONI.
STATO DELL'ARTE**
Facinelli B.
*Istituto di Microbiologia e Scienze Biomediche
- Facoltà di Medicina e Chirurgia
- Università Politecnica delle Marche*

Il controllo delle infezioni prevede l'identificazione dei microrganismi responsabili, l'individuazione dei possibili serbatoi e delle vie di trasmissione, e l'interruzione della trasmissione. Negli ultimi anni, l'aumento delle infezioni nosocomiali, spesso associato al fenomeno della farmaco-resistenza, ha reso imperativo questo controllo. Le infezioni nosocomiali sono molto spesso il risultato dell'esposizione ad un serbatoio comune di infezione. I microrganismi più frequentemente coinvolti appartengono a specie molto comuni e spesso sono geneticamente correlati. In questi casi, l'identificazione a livello di specie non consente di seguire la circolazione del ceppo epidemico, in quanto è difficile distinguere tra colonizzazione ed infezione. E' quindi necessario tipizzare, cioè mettere in evidenza marcatori specifici presenti nel ceppo epidemico ed assenti nei ceppi della stessa specie non correlati. Il Laboratorio di Microbiologia partecipa attivamente al controllo delle infezioni, in quanto possiede gli strumenti necessari per identificare e tipizzare i microrganismi responsabili. Prima dello sviluppo delle tecniche basate sul DNA, la tipizzazione microbiologica si avvaleva di tecniche in grado di mettere in evidenza differenze nel fenotipo (biochimiche, sierologiche, di sensibilità o di resistenza ad antibiotici, sali di metalli pesanti, fagi, batteriocine, etc.). La biotipizzazione, ancora oggi un metodo relativamente valido, presenta lo svantaggio di essere per lo più microrganismo-specifica. La tipizzazione genotipica, invece, avvalendosi di tecniche mutuata dalla biologia molecolare ed analizzando