

西安地区男性尿道感染人乳头瘤病毒基因亚型分析^{*}

韩伟^a, 刘文康^b, 翟卫斌^c, 武卓^a, 张恩科^a

(陕西省人民医院 a. 设备科; b. 检验科; c. 信息科, 西安 710068)

摘要:目的 探讨西安地区男性尿道感染人乳头瘤病毒(human papillomavirus, HPV)基因亚型特点。方法 采用PCR-反向斑点杂交法(reverse dot hybridization assay, RDB)检测2015~2016年陕西省人民医院皮肤科478例男性尿道分泌物中18个HPV基因型,低危型HPV包括HPV6,11,43和高危型HPV包括HPV16,18,31,33,35等亚型。结果 478例受检者中HPV感染率为44.98%(215/478),单一HPV亚型、两种HPV亚型、三种HPV亚型、四种HPV亚型和五种HPV亚型的感染率分别为32.85%(157/478),8.79%(42/478),2.09%(10/478),0.42%(2/478)和0.84%(4/478);低危型HPV亚型和高危型HPV亚型累计检出率分别为40.17%和22.38%,其中检出率前五位HPV亚型为HPV6(24.69%),HPV11(12.13%),HPV16(5.65%),HPV43(3.35%)和HPV52(2.30%),其他亚型检出率介于0%~2.09%;在同年龄段受检者中HPVs感染模式均以单一感染为主;21岁以上的受检者中主要HPV亚型(HPV6,11,16,43,52和66)检出率差异均有统计学显著性意义($\chi^2=12.879\sim109.7$, $P=0.000\sim0.025$)。结论 西安地区男性尿道感染的HPV亚型以HPV6,11,16,43和52为主,为研究男性感染HPV的流行病学提供数据和资料。

关键词:人乳头瘤病毒;男性;基因分型;PCR-反向斑点杂交法;感染模式

中图分类号:R373;Q786 文献标志码:**A** 文章编号:1671-7414(2017)03-052-04

doi:10.3969/j.issn.1671-7414.2017.03.014

Detection of Human Papillomavirus Subtypes in Male Urethra in Xi'an Area

HAN Wei^a, LIU Wen-kang^b, ZHAI Wei-bin^c, WU Zhuo^a, ZHANG En-ke^a (a. Department of Equipment; b. Department of Clinical Laboratory; c. Department of Information Processing, Shaanxi Provincial People's Hospital, Xi'an 710068, China)

Abstract; Objective To investigate the infection of HPV subtypes in male urethra in Xi'an area. **Methods** The eighteen subtypes of HPV DNA were detected in 478 cases of male patients by PCR-reverse dot hybridization assay (RDB) including low risk subtypes (HPV6,11,43) and high risk subtypes (HPV16,18,31,33) during 2015~2016. **Results** The total infection rate of HPV subtypes in 478 subjects was 44.97% (215/478). The percents of subjects infected by one subtype, two ones, three ones, four ones and five ones were 32.85% (157/478), 8.79% (42/478), 2.09% (10/478), 0.42% (2/478) and 0.84% (4/478), respectively. The detection rates of low risk subtypes and high risk ones were 40.17% and 22.38% in which the most common subtypes were HPV6 (24.69%), HPV11 (12.13%), HPV16 (5.65%), HPV43 (3.35%) and HPV52 (2.30%) and those of others were from 0% to 2.09%. The infection pattern of HPV subtypes gave priority to one subtype infection in all age groups. There was statistically different between HPVs (6,11,16,43,52,66) in twenty years or older subjects ($\chi^2=12.879\sim109.7$, $P=0.000\sim0.025$). **Conclusion** The majority of HPV subtypes detected in male urethra were HPV6, HPV11, HPV16, HPV43 and HPV52 in Xi'an area which provided epidemiological data for HPV infection in males.

Keywords: human papillomavirus; male; genotyping; PCR-based reverse dot hybridization assay; infection pattern

人乳头瘤病毒(HPV)尤其是高危型HPV如HPV16和HPV18与女性恶性肿瘤宫颈癌的发生有因果关系^[1],因此研究HPV与宫颈病变的关系是国内外主要研究方向,然而由于HPV的性传播途径使得男性在女性感染HPV过程中充当HPV载体媒介作用,因此男性生殖器HPV感染的检测和研究不容忽视^[2],另外对男性采取预防措施宣传及干预治疗要比女性更简便易行,因此了解男性人群HPV基因分型及感染模式特点研究非常必

要,这有助于针对性地阻断HPV尤其是高危型HPV男性传播链,不但在宫颈癌的防治上起到辅助作用,而且有助于男性预防高危型HPV导致的口咽癌、肛门癌、阴茎癌^[3]。

该研究利用PCR-反向斑点杂交法检测2015~2016年皮肤科门诊478例男性尿道分泌物中18个HPV基因型,了解本地区男性HPV感染状况和感染特点。

1 材料与方法

* 基金项目:陕西省自然科学基金面上项目(NO. 2014JM2-3035)。

作者简介:韩伟(1984—),男,硕士,主管检验技师,主要研究方向为临床工程信息和转化医学, Tel: 15929958180, E-mail: headfiresss@163.com。

1.1 研究对象 478例受检者均来自2015年11月~2016年7月在皮肤科就诊的男性患者,年龄0~87岁,平均年龄33±9.7岁,标本取材于受检者的尿道口上皮细胞。0~20岁的受检者有15例,21~30岁的有226例,31~40岁的有164例,41~50岁的有48例,51岁以上的受检者有25例。

1.2 试剂和仪器 HPV基因亚型检测试剂购自中山大学达安基因股份有限公司,基因扩增仪型号为美国ABI-7300,全自动核酸分子杂交仪为DA-8000型。

1.3 方法

1.3.1 采样:所有病例均使用一次性男性专用拭子,将受检者尿道口充分暴露并用一次性拭子沿尿道口顺时针旋转拭子4~5圈以获得足够量的上皮细胞,将拭子放入洗脱管中并立即送检。

1.3.2 PCR-反向斑点杂交

1.3.2.1 DNA提取:将拭子漂洗后,吸取洗脱液至1.5 ml的离心管中,于10 000 r/min离心5 min后弃去上清,加入50 μl DNA提取液并混匀,于100℃处理10 min,最后于1 0000 r/min离心5 min,吸取上清液备用。

1.3.2.2 PCR扩增:取上清液5 μl加入PCR反应管中后6 000 r/min瞬时离心,在PCR仪中进行扩增,反应参数为93℃3 min预变性,然后93℃40 s,55℃40 s,72℃40 s扩增,共40个循环,最后72℃延伸7 min。

1.3.2.3 反向点杂交:PCR扩增产物于98℃变性8 min后冰浴至少2 min,将HPV分型杂交膜条放入5 ml的离心管中并加入45℃预热的4 ml杂交液I后备用;将PCR扩增产物放入对应的离心管

中杂交50 min;弃去杂交液I并取出膜条,用45℃预热的20 ml杂交液II进行漂洗两次,漂洗条件为置于45℃水浴摇床100 r/min 10 min,充分弃去杂交液II后加入20 ml结合液,放置于25℃摇床上并避光反应10 min;弃去结合液并用25℃杂交液I 20 ml置于摇床上漂洗3 min并重复2次;弃去杂交液I后加入20 ml溶液II并置于摇床上3 min后弃去溶液II,然后加入显色液20 ml避光反应5~10 min,弃去显色液,用20 ml溶液II置于摇床上3 min漂洗杂交膜,弃去溶液II后加入20 ml蒸馏水并轻摇3 min,取出并吸干膜条表面水分,立即在扫描仪上扫描膜条。

1.3.2.4 结果分析:使用达安图像分析软件分析杂交膜上的实验数据并判断结果。阳性质控品的显色反应控制点应呈阳性,Globin位点应呈阳性;阴性质控品的显色反应呈阴性,Globin位点应呈阴性,其他位点应为阴性。

1.4 统计学分析 本实验中统计学分析用window版软件SPSS18.0进行。计数资料由 χ^2 和Fisher's exact检验方法进行分析,P<0.05为差异有统计学意义。

2 结果

2.1 HPV亚型检测结果 478例受检者中HPV感染率为44.98%(215/478),低危型HPV亚型和高危型HPV亚型累计检出率分别为40.17%和22.38%;阳性率最高前五位的HPV亚型依次为HPV6(24.69%),HPV11(12.13%),HPV16(5.65%),HPV43(3.35%)和HPV52(2.30%),其他亚型阳性率介于0%~2.09%,见图1。

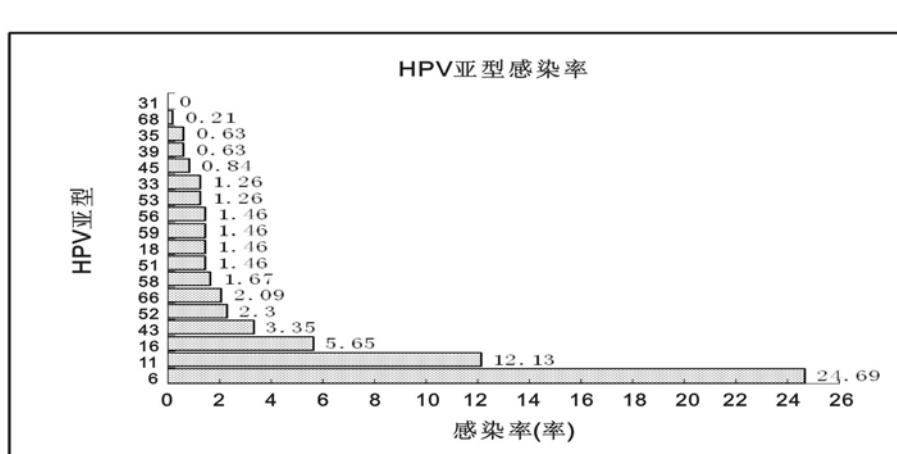


图1 HPV各亚型在受检者中的感染率示意图

2.2 受检者中HPV基因亚型感染模式 见表1。受检者中HPV感染模式有单一感染(一项)和混合感染(二至五项),其中一项HPV亚型、两项HPV亚型、三项HPV亚型、四项HPV亚型和五

项HPV亚型的感染率分别为32.85%(157/478),8.79%(42/478),2.09%(10/478),0.42%(2/478)和0.84%(4/478);在所有感染模式中,在不同年龄段受检者中HPV亚型感染率差异均无

统计学显著性意义($\chi^2 = 24.463$, $P = 0.08$),但是在同年龄段的受检者中HPVs感染模式均以单一

感染为主。未受到HPV亚型感染的占55.02% (263/478)。

表1 在不同年龄段受检者中HPV亚型感染模式

年龄组 (岁)	n	HPVs阳性模式[n(%)]						阴性
		一项	二项	三项	四项	五项	总计	
0~20	15	6(66.7)	2(22.2)	1(11.1)	0(0.0)	0(0.0)	9(60.0)	6(40.0)
21~30	226	68(70.8)	21(21.9)	4(4.2)	1(1.0)	2(2.1)	96(42.5)	130(57.5)
31~40	164	51(73.9)	14(20.3)	4(5.8)	0(0.0)	0(0.0)	69(42.1)	95(57.9)
41~50	48	23(85.2)	3(11.1)	1(3.7)	0(0.0)	0(0.0)	27(56.3)	21(43.7)
≥51	25	9(64.3)	2(14.3)	0(0.0)	1(7.1)	2(14.3)	14(56.0)	11(44.0)
总计	478	157(73.0)	42(19.5)	10(4.6)	2(0.9)	4(2.0)	215(44.98)	263(55.02)

2.3 在不同年龄段受检者中主要HPV基因型的分布 见表2。主要HPV亚型如HPV6,11,16,43和52在受检者各年龄段中的阳性率差异均无统计学显著性意义($\chi^2 = 1.824 \sim 8.227$, $P = 0.084 \sim 0.768$),而HPV66的检出率在各年龄段之间差异有统计学显著性意义($\chi^2 = 21.178$, $P = 0.000$),即HPV66在51岁以上的受检者中阳性率最高

(12%),而在21~30岁受检者中感染率最低(0.44%);在0~20岁的受检者中各个HPV亚型检出率之间差异无统计学显著性意义($\chi^2 = 9.217$, $P = 0.101$),但在21岁以上的受检者中各个主要HPV亚型检出率之间差异均有统计学显著性意义($\chi^2 = 12.879 \sim 109.7$, $P = 0.000 \sim 0.025$)。

表2 在各个年龄段受检者中主要HPV亚型的检出情况

年龄组 (岁)	HPV6		HPV11		HPV16		HPV43		HPV52		HPV66*	
	+	-	+	-	+	-	+	-	+	-	+	-
0~20	5	10	2	13	0	15	2	13	1	14	1	14
21~30*	50	176	28	198	12	214	8	218	4	222	1	225
31~40*	39	125	18	146	12	152	2	162	6	158	2	162
41~50*	17	31	5	43	1	47	3	45	0	48	3	45
≥51*	7	18	5	20	2	23	1	24	0	25	3	22
总计	118	360	58	420	27	451	16	462	11	467	10	468

注: *为 $P < 0.05$ 。

3 讨论 与以往文献比较,怀化、丽水、镇江、佛山等地男性HPV感染率介于37%~85%,本研究中西安地区男性尿道HPV感染率(44.97%)处于相对较低水平,另外男性感染HPV亚型主要为HPV6,11和16,与西安地区男性的HPV感染特点相似^[4~10]。该研究中低危型HPV和高危型HPV累计检出率分别为40.17%和22.38%,累计为62.55%则高于男性HPV感染率(44.97%),出现此现象的原因是受检者中不仅有单一HPV亚型感染,而且有多重HPV亚型感染,包括两种至五种HPV亚型混合感染,所以HPV亚型累计检出率高于受检者HPV感染率。

与以往的研究比较发现^[4~10],本研究中男性HPV亚型感染均存在两种以上亚型的多重感染,甚至有八种HPV亚型的混合感染^[8],总体上单一HPV亚型感染率高于多重感染率,多重感染也多

为低危型和高危型混合感染。本研究发现HPV6和HPV16感染者多集中在21岁以上的受检者,这提示大于21岁男性易受到HPV感染,可能与此年龄段的受检者处于性活跃期有关,而研究中男性未有HPV亚型感染的仅占55.03%,提示需要加强HPV防护意识宣传。

在以往女性感染HPV亚型的研究中,检出的主要HPV亚型有低危型HPV6,HPV11和高危型HPV16^[11~14],而本研究中男性尿道感染HPV的亚型主要也为HPV6,11和16,这提示男性尿道感染的HPV亚型与女性宫颈脱落细胞感染的HPV亚型具有较高的相似度,也说明男性在女性感染HPV过程中充当HPV载体媒介作用,然而研究男性尿道感染HPV亚型还尚显不足,需要多地域、大样本的HPV基因分型研究后方能得出结论。

高危型HPV16感染可以引发宫颈癌、肛门癌及外生殖器癌,由于高危型HPV感染与宫颈癌发病有因果关系,而研究发现女性感染HPV与男性在HPV传播中起重要作用,因此阻断男性在HPV传播是有效降低女性宫颈癌发病率的关键^[2]。由于男性尿道感染的HPV亚型谱与女性宫颈脱落细胞感染的HPV亚型谱具有较高的相似度,可以采取男性接种宫颈癌疫苗,有效监控性活跃期的男性HPV感染,及时治疗HPV阳性的男性,并采取安全的性行为,这样就可以降低男性和女性的HPV感染率,高危HPV相关恶性肿瘤如宫颈癌、肛门癌和阴茎癌等的发病率才会随之下降,同时也要加强女性宫颈癌的筛查,使得高危HPV所致恶性肿瘤才能有效预防和早期发现,提高人民生活质量。

参考文献:

- [1] Tsikouras P, Zervoudis S, Manav B, et al. Cervical cancer: screening, diagnosis and staging[J]. J Buon, 2016, 21(2):320-325.
- [2] Giuliano AR, Anic G, Nyitray AG. Epidemiology and pathology of HPV disease in males[J]. Gynecologic Oncology, 2010, 117(2 Suppl):S15-19.
- [3] Stratton KL, Culkin DJ. A contemporary review of HPV and penile cancer [J]. Oncology (Williston Park), 2016, 30(3):245-249.
- [4] 姚学群,廖晓敏,唐勇,等.某地区男性尖锐湿疣患者人乳头瘤病毒基因型别的分析[J].中国医药指南,2015,13(13):17-18.
Yao XQ, Liao XM, Tang Y, et al. Analysis of HPV genotypes in the male condyloma acuminatum (CA) skin lesions in A district[J]. Guide of China Medicine, 2015, 13(13):17-18.
- [5] 宁海明,吴绍芳.丽水地区男性尖锐湿疣患者皮损HPV基因型别分析[J].中华男科学杂志,2015,21(11):1001-1004.
Ning HM, Wu SF. Genotypes of human papilloma virus in male condyloma acuminata patients in Lishui area[J]. National Journal of Andrology, 2015, 21(11):1001-1004.
- [6] 莫天国,黄健云,黎泳仪,等.男性尿道人乳头状瘤病毒感染调查与基因亚型分析[J].中华医院感染学杂志,2015(13):2957-2958,2978.
Mo HG, Huang JY, Li YY, et al. Investigation of human papilloma virus infections in male urethral and gene subtype analysis[J]. Chinese Journal of Nosocomiology, 2015(13):2957-2958,2978.
- [7] 邓健康,郭晓兰.川东北地区性病门诊男性患者HPV感染情况分析[J].现代检验医学杂志,2014,29(5):143-146.
Deng JK, Guo XL. Analysis of human papillomavirus infection in male patients in northeast of Sichuan[J]. Journal of Modern Laboratory Medicine, 2014, 29(5):143-146.
- [8] 郑黎明,陈芹,张铭,等.镇江地区男性患者人乳头瘤病毒基因型分析[J].中华男科学杂志,2015,21(12):1102-1105.
Li LM, Chen Q, Zhang M, et al. Human papillomavirus genotypes in male patients attending the STD clinic in Zhenjiang area[J]. National Journal of Andrology, 2015, 21(12):1102-1105.
- [9] 黄泽棋,谢伟贤,陈启然,等.223例男性尖锐湿疣组织HPV基因分型检测及分析[J].广东医学,2014,35(7):1087-1089.
Huang ZQ, Xie WX, Chen QR, et al. Detection and analysis of HPV genotyping in 223 cases of male genital warts tissues[J]. Guangdong Medical Journal, 2014, 35(7):1087-1089.
- [10] 夏思钧,龚培尧,耿建祥,等.男性尿道口细胞HPV感染基因型分布的研究[J].国际检验医学杂志,2013,34(17):2231-2233.
Xia SJ, Gong PR, Geng JX, et al. A study of HPV infective genotypes distribution in urethral mouth cells of male cases[J]. International Journal of Laboratory Medicine, 2013, 34(17):2231-2233.
- [11] 李岳西,王华,苏宝凤,等.西安地区女性生殖道感染HPV基因型调查分析[J].现代检验医学杂志,2013,28(3):124-126.
Li YX, Wang H, Su BF, et al. Investigation and survey on human papillomavirus subtypes infection in the lower genital tract of women in Xi'an city[J]. Journal of Modern Laboratory Medicine, 2013, 28(3):124-126.
- [12] 赵建平.泰州黄桥地区HPV亚型分布及其与宫颈病变的关系[J].临床输血与检验,2016,18(1):30-32.
Zhao JP. HPV subtypes distribution and its relationship with cervical lesions in Taizhou Huang Qiao area[J]. Journal of Clinical Transfusion and Laboratory Medicine, 2016, 18(1):30-32.
- [13] 袁艳,王焰,马莉,等.贵州地区8102例就诊妇女21种HPV亚型检测结果分析[J].检验医学与临床,2014(9):1159-1161,1164.
Yuan Y, Wang Y, Ma L, et al. Distribution investigation of 21 types of HPV in 8 102 female patients in Guizhou[J]. Laboratory Medicine and Clinic, 2014 (9):1159-1161,1164.
- [14] 武坚锐,李小丽,祁春茹,等.1460例宫颈脱落细胞HPV亚型检测结果分析[J].临床医药实践,2014,23(4):284-286,306.
Wu JR, Li XL, Qi CR, et al. Analysis of HPV subtypes in 1 460 cases of cervical exfoliated cells[J]. Proceeding of Clinical Medicine, 2014, 23 (4): 284-286,306.