

Obiettivo: Il linfogranuloma venereo (LGV) è un'infezione sessualmente trasmessa causata dai sierotipi L1-L3 di *Chlamydia trachomatis*. In Europa, l'attuale epidemia di LGV è dovuta prevalentemente al genotipo L2b, sebbene siano stati descritti sempre più casi dovuti ad altre genovarianti. Obiettivo di questo lavoro è stato quello di valutare la distribuzione delle genovarianti di LGV rettale in una popolazione di maschi omosessuali.

Metodi: Dal 2016 al 2020, sono stati conservati tutti i tamponi ano-rettali raccolti da maschi omosessuali recatisi presso l'ambulatorio per le malattie sessualmente trasmesse dell'Ospedale Sant'Orsola-Malpighi di Bologna e positivi per *C. trachomatis*. L'infezione da LGV è stata confermata da un PCR per il gene *pmpH*, e successivamente, un frammento del gene *ompA* è stato amplificato e sequenziato. Le sequenze ottenute sono state confrontate con sequenze di riferimento di diverse varianti di LGV.

Risultati: I casi di LGV rappresentavano circa un terzo di tutte le infezioni rettali con una prevalenza totale del 4,1%. Il numero totale dei casi di LGV per anno è rimasto costante. I casi di LGV sono stati ritrovati prevalentemente in pazienti sintomatici (>65%), di età superiore ai 30 anni, con una elevata presenza di altre infezioni sessualmente trasmesse (63,7% HIV-positivi, 35,5% con gonorrea rettale, 19,7% con sifilide precoce). Una progressiva riduzione delle co-infezioni HIV-LGV è stata notata nel tempo. Sono stati riscontrate 3 principali genovarianti di LGV (L2f: 46,1%; L2b: 23,0%; L2-L2b/D-Da: 16,9%), insieme ad altre varianti note di L2b (prevalentemente L2bV2 e L2bV4). Inoltre, sono state identificate due nuove varianti di L2b con polimorfismi di un singolo nucleotide nel gene *ompA*. La percentuale di casi dovuti alla variante L2f si è ridotta nel tempo con un aumento contemporaneo di casi dovuti a varianti L2-L2b/D-Da ($P=0.04$).

Conclusioni: Nella nostra area l'infezione da LGV è endemica fra i maschi omosessuali con differenti genovarianti circolanti. Programmi di sorveglianza attiva e genotipizzazione sono necessari per ridurre la diffusione dell'infezione da LGV.