



Distribución de genotipos de VPH y patrones de coinfección en mujeres de 20–45 años atendidas en Callao, Perú

José Jiménez-Guerra ⁽¹⁾, Diego Rivas ⁽¹⁾, Merly Sovero ⁽¹⁾, Yaniseth Ríos ⁽¹⁾, Julia Piscoya ^(1,2), Javier Salvatierra ⁽³⁾, Jorge O. Alarcón ^(1, 2)

(1) Laboratorio de Epidemiología Molecular y Genética; Centro de Investigaciones Tecnológicas Biomédicas y Medioambientales.
(2) Instituto de Medicina Tropical - Facultad de Medicina - Universidad Nacional Mayor de San Marcos
(3) Centro de Salud Alberto Barton, Callao, Perú



Introducción

El virus del papiloma humano (VPH) comprende un grupo amplio de virus de transmisión sexual. Sus genotipos se clasifican en bajo riesgo, ocasionalmente causantes de verrugas genitales, y alto riesgo, responsables de la mayoría de los casos de cáncer en zonas expuestas durante las relaciones sexuales (1). El cáncer cervical es el tipo de cáncer más frecuente causado por este virus, con una estimación de 660 000 nuevos casos en mujeres y aproximadamente 350 000 muertes a nivel mundial en 2022 (2). En el Perú, se reportan alrededor de 4270 nuevos casos de cáncer cervical causado por VPH anualmente, según estimaciones del 2020. Es el segundo tipo de cáncer más común en mujeres de 15 a 44 años, y los genotipos VPH 16 y 18 están presentes en la mayoría de los casos (3). En adición a esto, se ha reportado la presencia de genotipos de VPH en infecciones múltiples o en coinfecciones con otros virus que podrían incrementar el potencial oncogénico del VPH (4,5).

Por ello, este estudio tiene como objetivo describir la distribución de los genotipos de VPH y posibles coinfecciones con ETS ulcerativas en mujeres peruanas de 20-45 años atendidas en el Centro de Salud Alberto Barton, en Callao.

Metodología

Se recolectaron muestras de hisopado vaginal de mujeres peruanas entre 20 y 45 años atendidas en el Centro de Salud Alberto Barton, Callao, con sintomatología del tracto genital. Las muestras fueron almacenadas en medio de preservación de ácidos nucleicos hasta su procesamiento.

La extracción del ADN se realizó mediante el sistema automatizado SEEPREP32, usando los kits de cartucho STARMag 96 PropPrep, que emplean un método basado en perlas magnéticas.

La detección de genotipos de VPH y de otros patógenos causantes de úlceras genitales se realizó con los paneles Allplex HPV28 Detection y Allplex Genital Ulcer Assay, respectivamente. Los ensayos de PCR en tiempo real fueron realizados en el equipo CFX96 Dx (Bio-Rad). La visualización y exportación de los resultados se efectuó con el software Seegene Viewer.

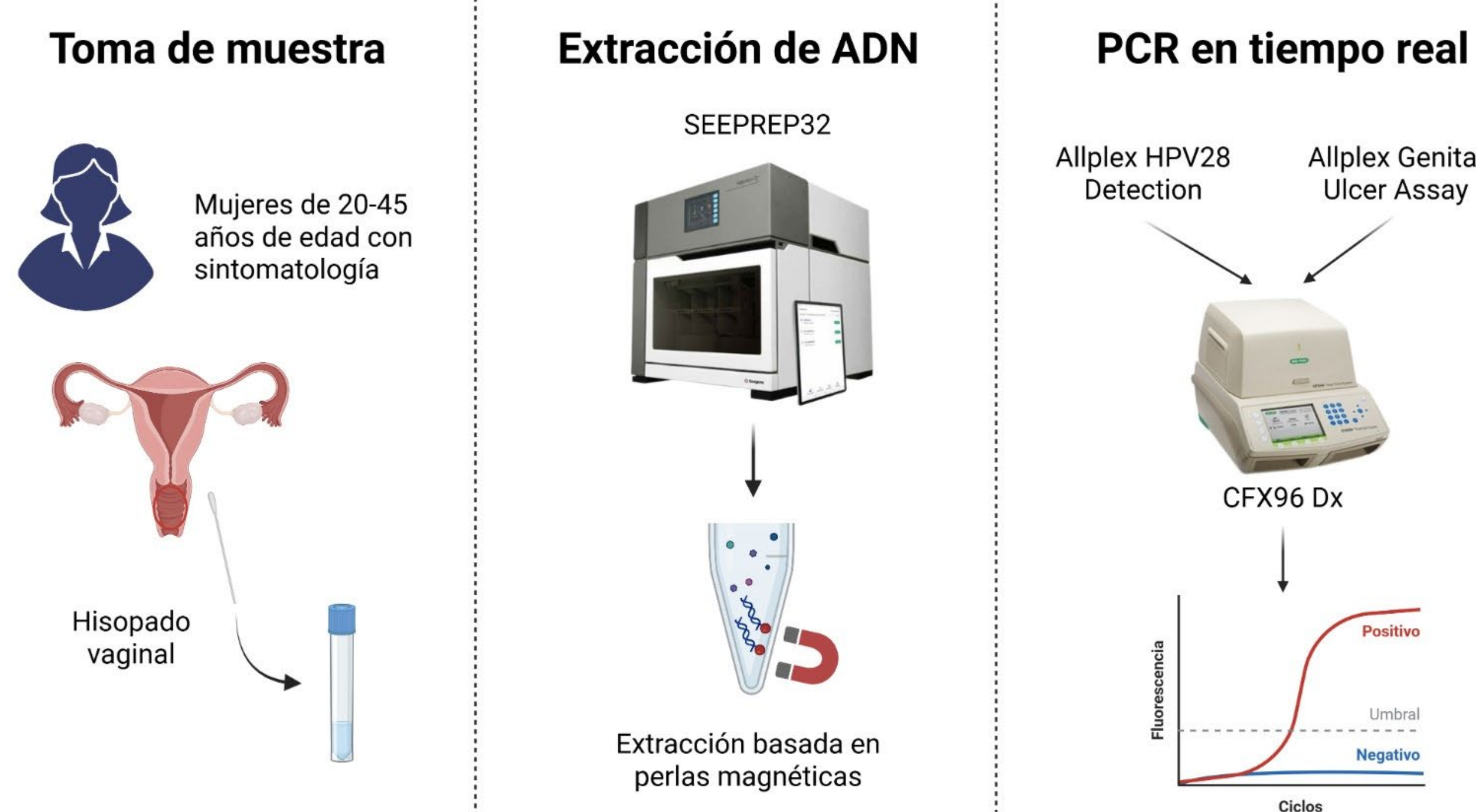


Figura 1. Esquema de la metodología empleada en el estudio

Las muestras positivas a VPH fueron asignadas en 5 grupos de acuerdo a su edad: 20-25 (N=11), 26-30 (N=7), 31-35 (N=15), 36-40 (N=10) y 41-45 (N=10). Las mono infecciones fueron los tipos de infecciones más comunes en los grupos de 31-35 años (60.0%, 9/15), 41-45 años (50.0%, 5/10) y 20-25 años (36.4%, 4/11). Asimismo, se observó mayor variedad de tipos de coinfección en los grupos de 36-40 y 20-25 años, con infecciones séptuple (10.0%, 1/10) y óctuple (9.1%, 1/11).

Conclusiones

- La positividad a VPH fue observada en más de la mitad de las muestras, y una fracción presentó coinfección con otros virus de úlcera genital.
- Las mono infecciones fueron las más frecuentes, aunque su distribución fue heterogénea entre los grupos de edad. Asimismo, se detectaron infecciones múltiples con variaciones en su distribución.
- El VPH 68 destacó como el genotipo de alto riesgo más predominante, seguido de VPH 16 y 52.
- Los hallazgos encontrados resaltan la necesidad de vigilancia molecular para orientar acciones de control y prevención.

Resultados

Se procesaron 101 muestras recolectadas. De ellas, 53 (52.5%) fueron positivas a al menos un genotipo de VPH. Dentro de este grupo, 12 (11.9% del total; 22.6% de las positivas) presentaron coinfección por VPH y otros virus causantes de úlceras genitales: Citomegalovirus y herpes de tipo 1 y 2.

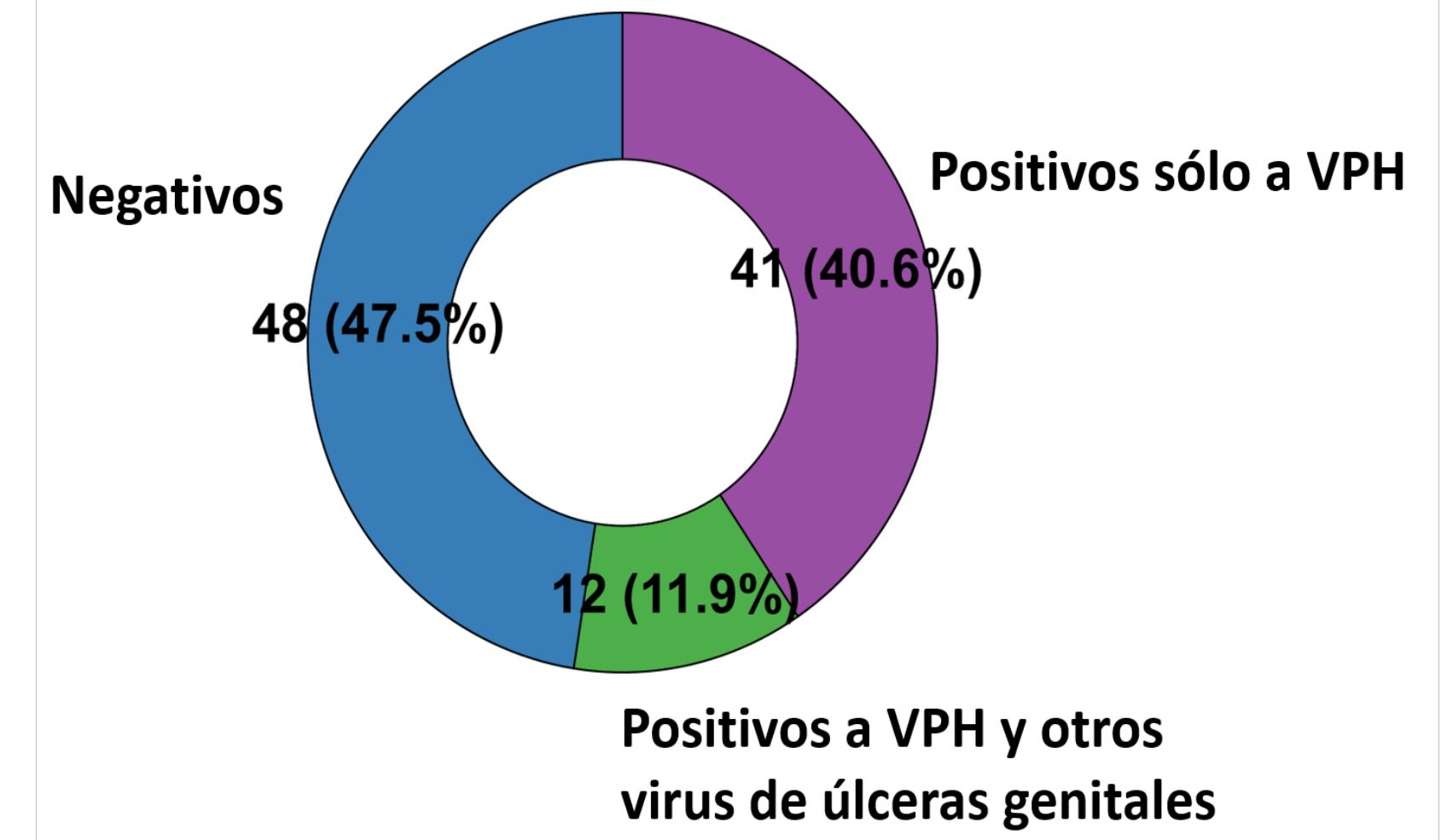


Figura 2. Resultados de VPH y coinfecciones con otros patógenos.

Las mono infecciones, es decir, infecciones por un solo genotipo, fueron las más frecuentes (39.6%, 21/53), seguida de las infecciones doble (26.4%, 14/53), triple (17.0%, 9/53) y quintuple (11.3%, 6/53). Las demás infecciones múltiples se detectaron en una sola muestra cada una (1/53; 1.9%).

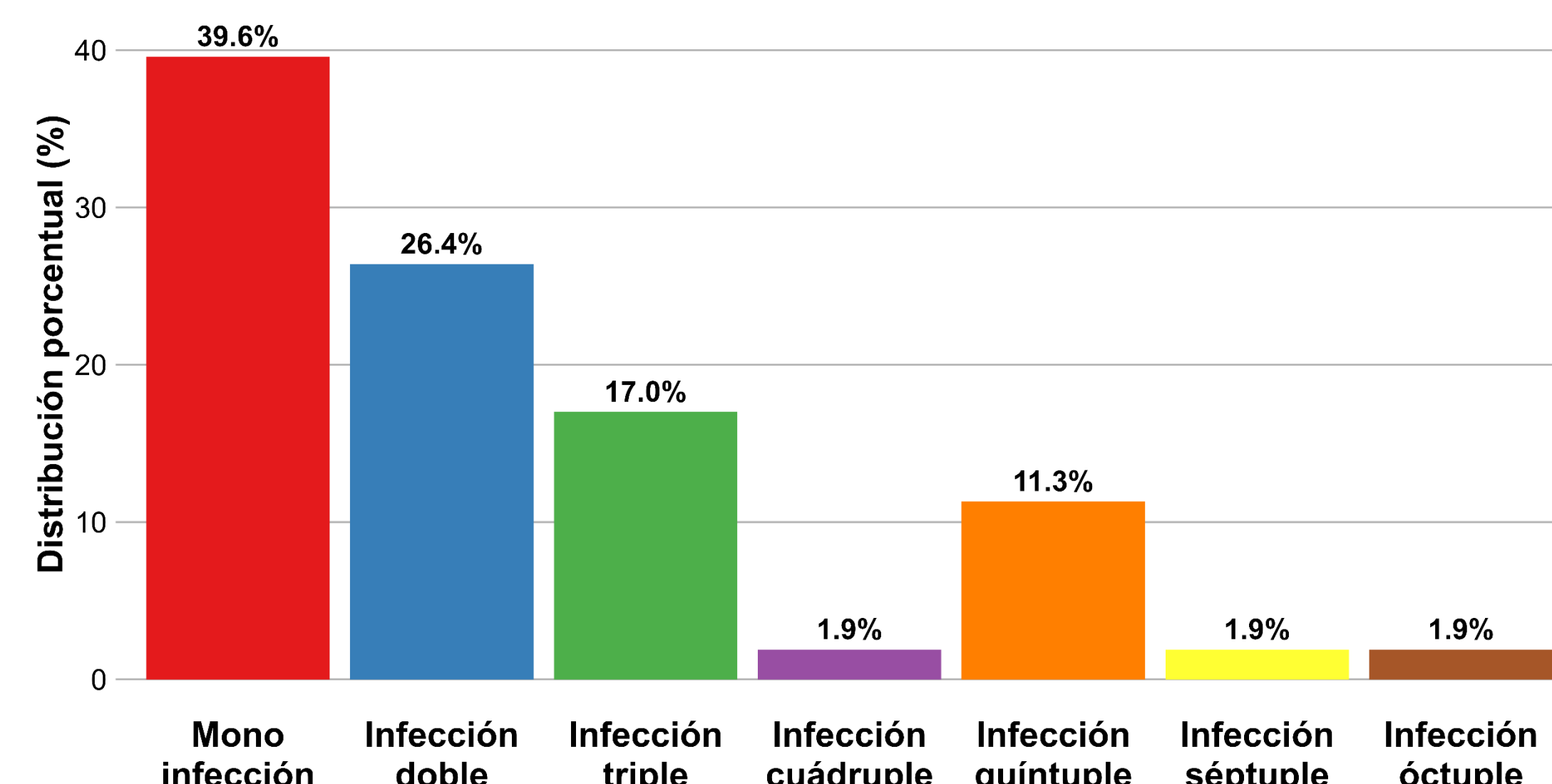


Figura 3. Distribución de mono infecciones e infecciones múltiples entre las muestras positivas a VPH.

Entre los genotipos de alto riesgo, el mayor número de casos fue del VPH 68 (20.8%, 11/53), seguido de VPH 16 (17.0%, 9/53), VPH 52 (17.0%, 9/53), VPH 58 (15.1%, 8/53), VPH 53 (13.2%, 7/53) y VPH 51 (11.3%, 6/53), mientras que en los genotipos de bajo riesgo, VPH 42 y VPH 54 fueron los más frecuentes (11.3%, 6/53). El resto de los genotipos sólo fue detectado en ≤ 5 muestras (≤9.4%; ≤5/53).

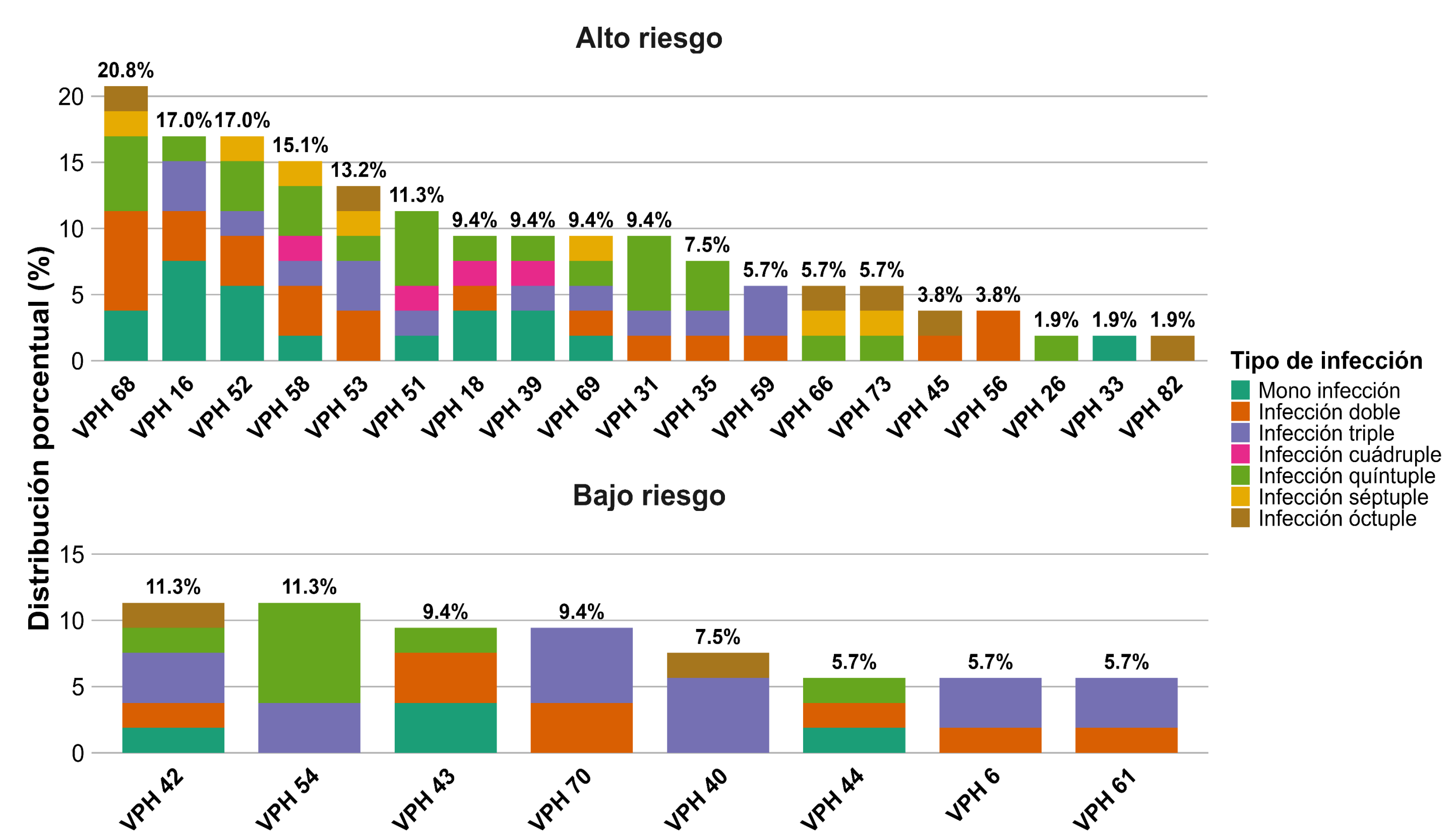
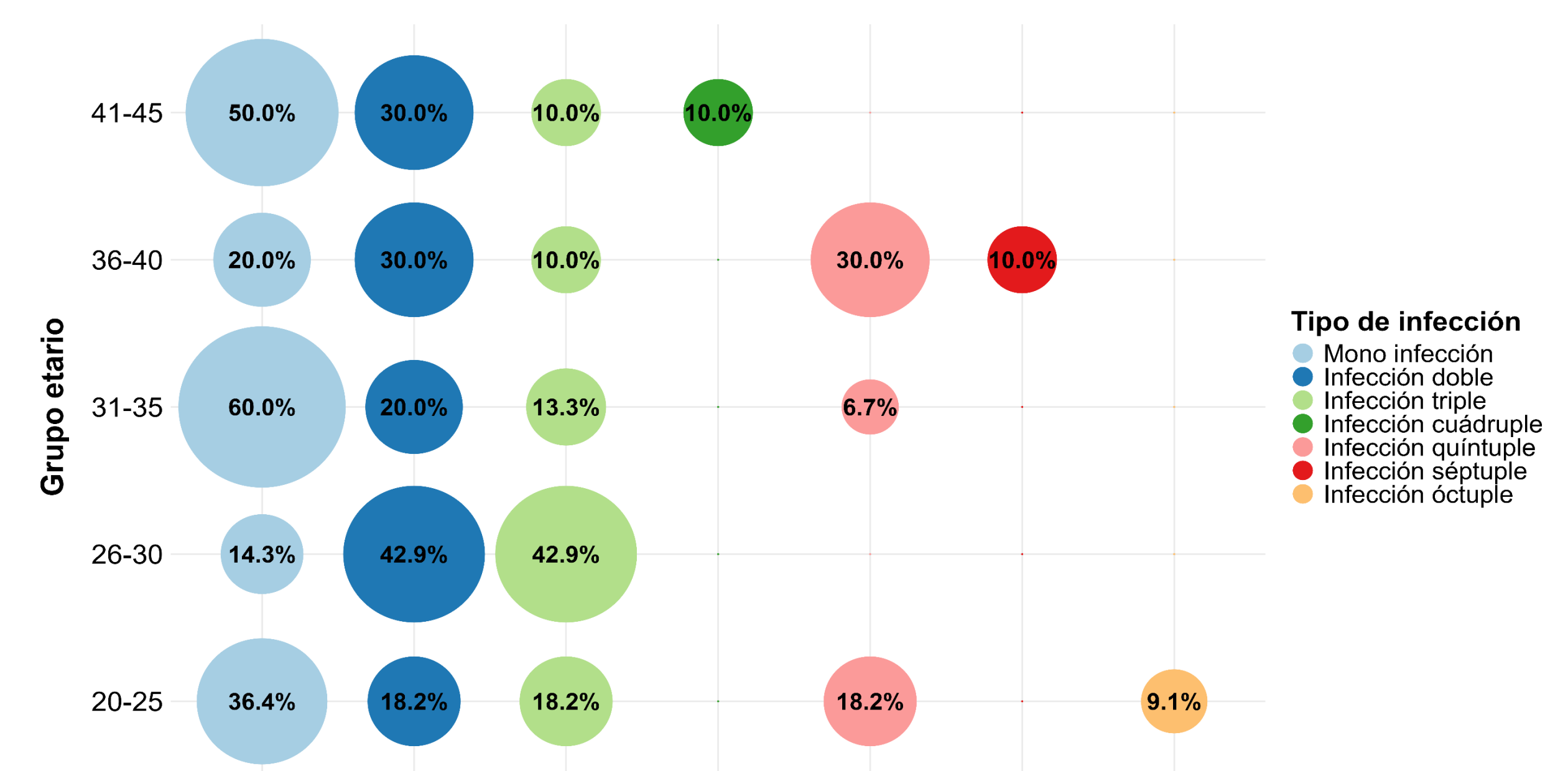


Figura 3. Distribución de mono infecciones e infecciones múltiples entre las muestras positivas a VPH.

Figura 4. Distribución de mono infecciones e infecciones múltiples entre los grupos etarios



Referencias

- El virus del papiloma humano (VPH) y el cáncer [Internet]. NIH Instituto Nacional del Cáncer; 2023
- Human papillomavirus and cancer [Internet]. World Health Organization (WHO); 2024.
- Bruni et al. Human Papillomavirus and Related Diseases in Peru. ICO/IARC Information Centre on HPV and Cancer; 2023.
- Tsakogiannis et al. Prevalence and Genotype Distribution of High-Risk HPV Genotypes Among Women in Greece: A Retrospective Analysis of 3500 Women. Cancers. 2025; 17(8):1267.
- Blanco R, Muñoz JP. Molecular Insights into HR-HPV and HCMV Co-Presence in Cervical Cancer Development. Cancers. 2025; 17(4):582.

