



Identificación de genotipos de papilomavirus humano en regiones de la costa, sierra y selva peruana mediante la plataforma Allplex HPV 28

Víctor Cárdenas López, José Alarcón Guerrero, Nyshon Rojas Palomino, Marco Galarza Pérez, Maria del Águila Ferreira, Fabiola Diaz Soria, Melody Vera Ramírez, Pavel Huaripuma Medina, Gladys Ventura Egusquiza ⁽¹⁾

(1) Grupo de Investigación de la Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad San Cristóbal de Huamanga, Ayacucho.

Introducción

El virus del papiloma humano (HPV) es un virus ADN que origina la infección de transmisión sexual más frecuente en todo el mundo. Por lo general se adquiere por vía sexual pero también se puede contraer verticalmente de madre a hijo, por contacto con la mucosa cervical durante el parto, por vía transplacentaria y menos frecuentemente por transmisión horizontal durante la infancia (1). Afecta a mujeres y hombres jóvenes, siendo su incidencia directamente relacionada con la actividad sexual (2). La infección por HPV, así como las lesiones que originan, pueden detectarse mediante diferentes técnicas de PCR, citología y colposcopia. Además de la tinción de Papanicolau, existen en el mercado innumerables pruebas directas para la detección de la presencia del virus en muestras cervicales. La mayoría se basan en la reacción en cadena de la polimerasa (PCR) a tiempo real, amplificación de señal o detección de la presencia del ARN mensajero de los oncogenes E6, E7 y LCR (3). En Perú, son escasos los datos sobre la distribución geográfica de los genotipos de HPV. La ausencia de información principalmente la prevalencia de los distintos genotipos obstaculiza la planificación de estrategias efectivas para su control y la adaptación de tratamientos adecuados para los pacientes infectados. En ese sentido, es necesario plantear investigaciones relacionados a la detección de los genotipos circulantes en el país. La plataforma Allplex™ HPV28 Detection, es un ensayo de PCR en tiempo real múltiple permite la amplificación y detección simultánea de ácidos nucleicos diana de 19 genotipos de HPV de alto riesgo y 9 tipos de bajo riesgo, además presenta un control interno humano. El presente estudio se desarrolló con el objetivo de identificar los genotipos de HPV circulantes en las regiones de la costa, sierra y selva peruana mediante la plataforma Allplex™ HPV28 Detection

Metodología

El presente estudio tiene un diseño transversal, retrospectivo, observacional y cualitativo. La población de estudio estuvo compuesta por mujeres que acudieron a los establecimientos de salud, incluyendo centros de salud, hospitales de ESSALUD, hospitales MINSA y laboratorios referenciales, así como universidades. Las participantes pertenecieron a las siguientes instituciones y regiones: Hospital Nacional Docente Madre-Niño San Bartolomé en Lima; Laboratorio de Referencia Regional de Loreto, Iquitos; Laboratorio de Referencia Regional de La Libertad, Trujillo; Laboratorio Regional de Salud en Cajamarca; Universidad Nacional San Cristóbal de Huamanga en Ayacucho; y el Instituto Regional de Enfermedades Neoplásicas (IREN) en Junín.

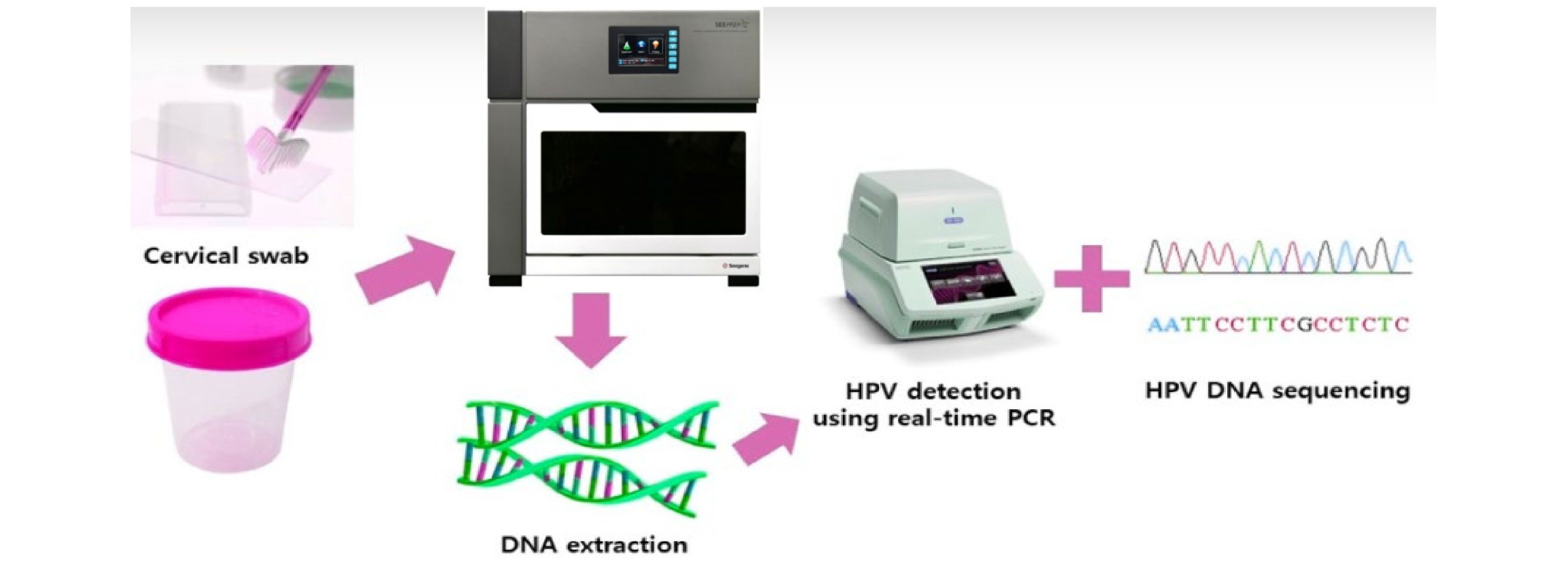


Figura 1. Flujograma desde la obtención de muestra hasta la identificación de los genotipos de HPV.

Las pacientes con resultados positivos en la plataforma Cobas, de las diferentes instituciones participantes, fueron incluidas en el estudio. Se extrajo el ADN a partir de las muestras de lavado endocervical utilizando el equipo semiautomatizado Seeprep 32 (Seegene) (Figura 1). La detección múltiple de genotipos de HPV se realizó en el equipo CFX96 (Bio-Rad), permitiendo el procesamiento de un total de 480 muestras. La identificación de los genotipos de HPV se realizó mediante la plataforma Allplex™ HPV28 Detection (Figura 2).

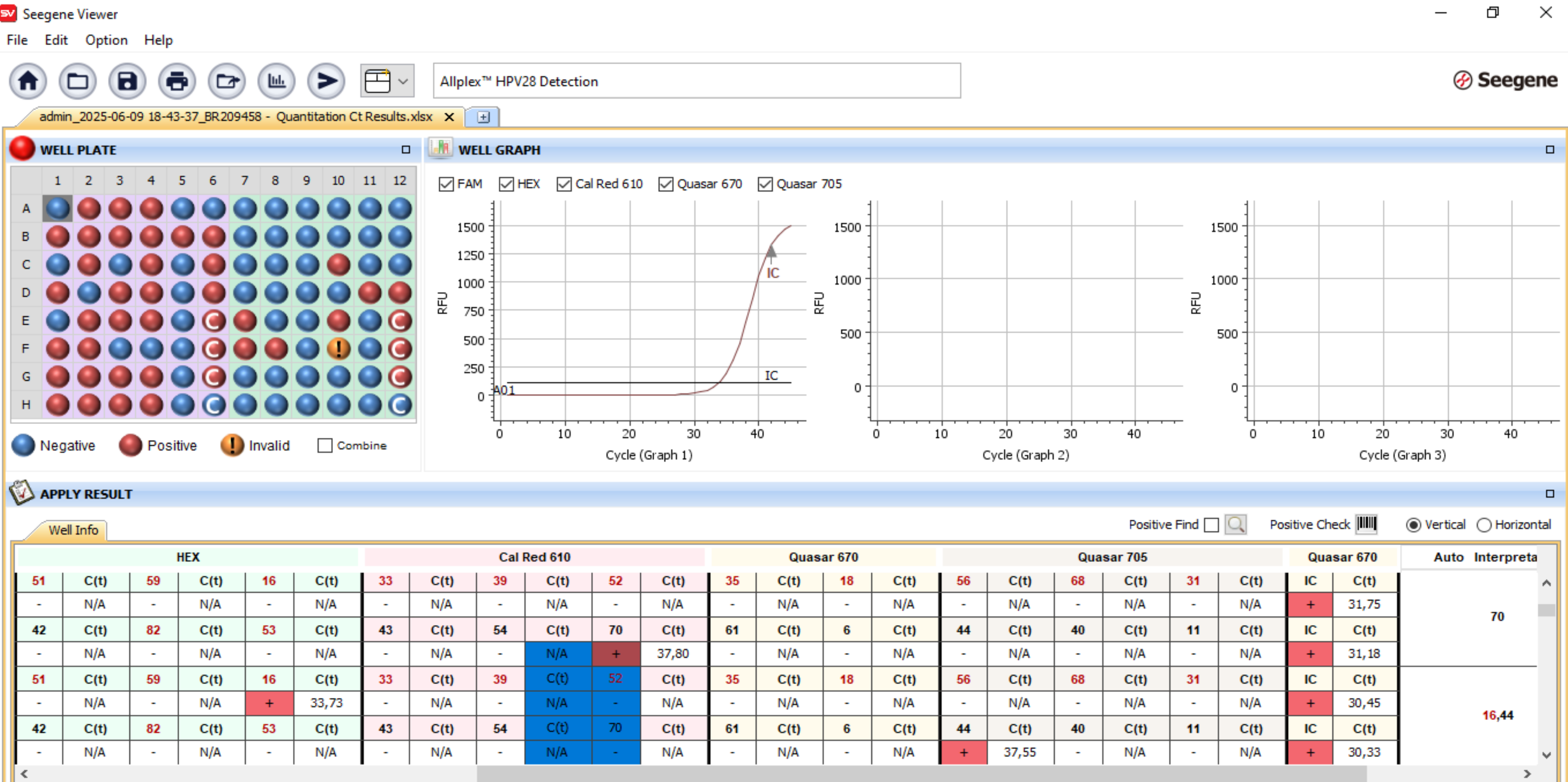


Figura 2. Software de análisis de plataforma Seegene para la identificación de múltiples genotipos de HPV presentes en las muestras de lavado endocervical.

Resultados y discusión

En un total de 480 muestras, con resultados positivos en la plataforma Cobas, el 4,8% resultaron en análisis inválido, 27,7% en resultados negativos y 67,5% en resultados positivos. De las muestras positivas, se detectó que el 44% presentó un único genotipo de HPV, mientras que el 14% presentó dos genotipos. Además, se identificó una muestra con seis genotipos y otra con siete genotipos simultáneamente (Figura 3).

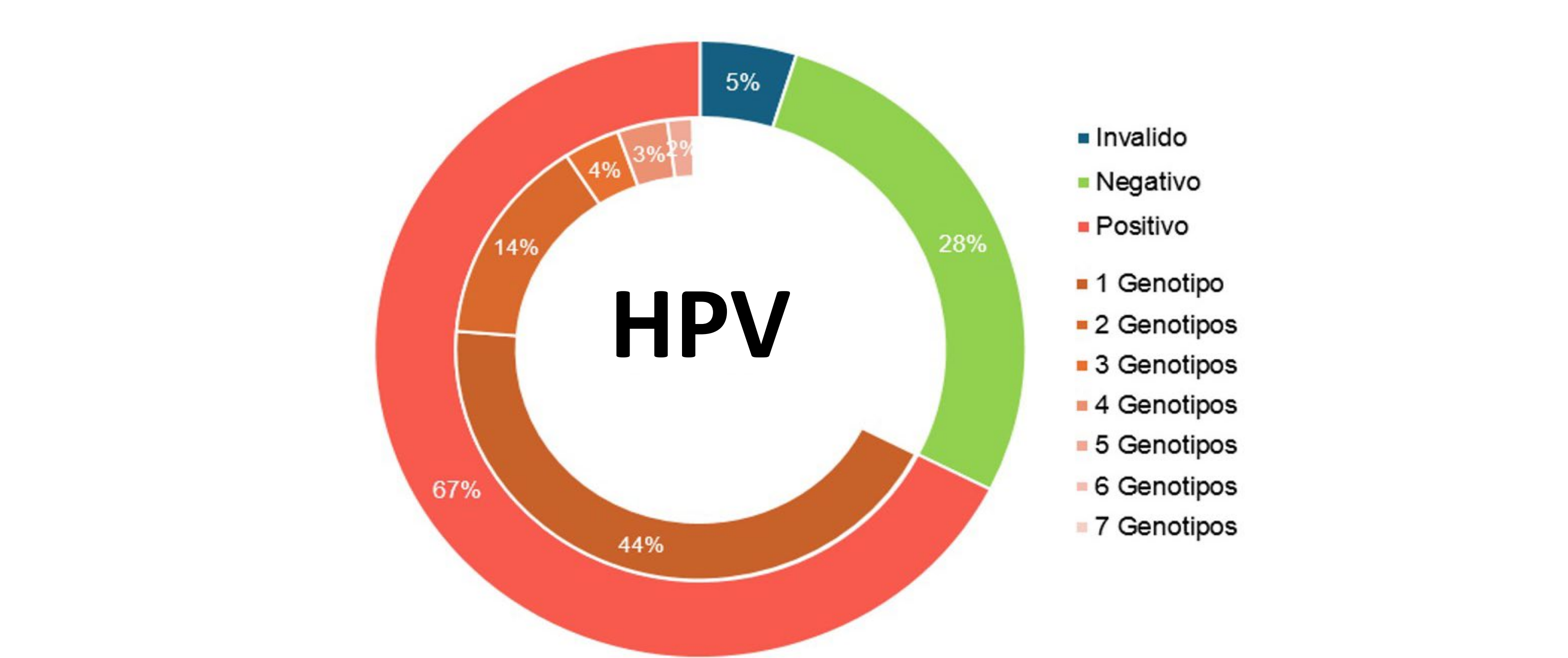


Figura 3. Frecuencia de positividad e infecciones mixtas encontrados en el estudio.

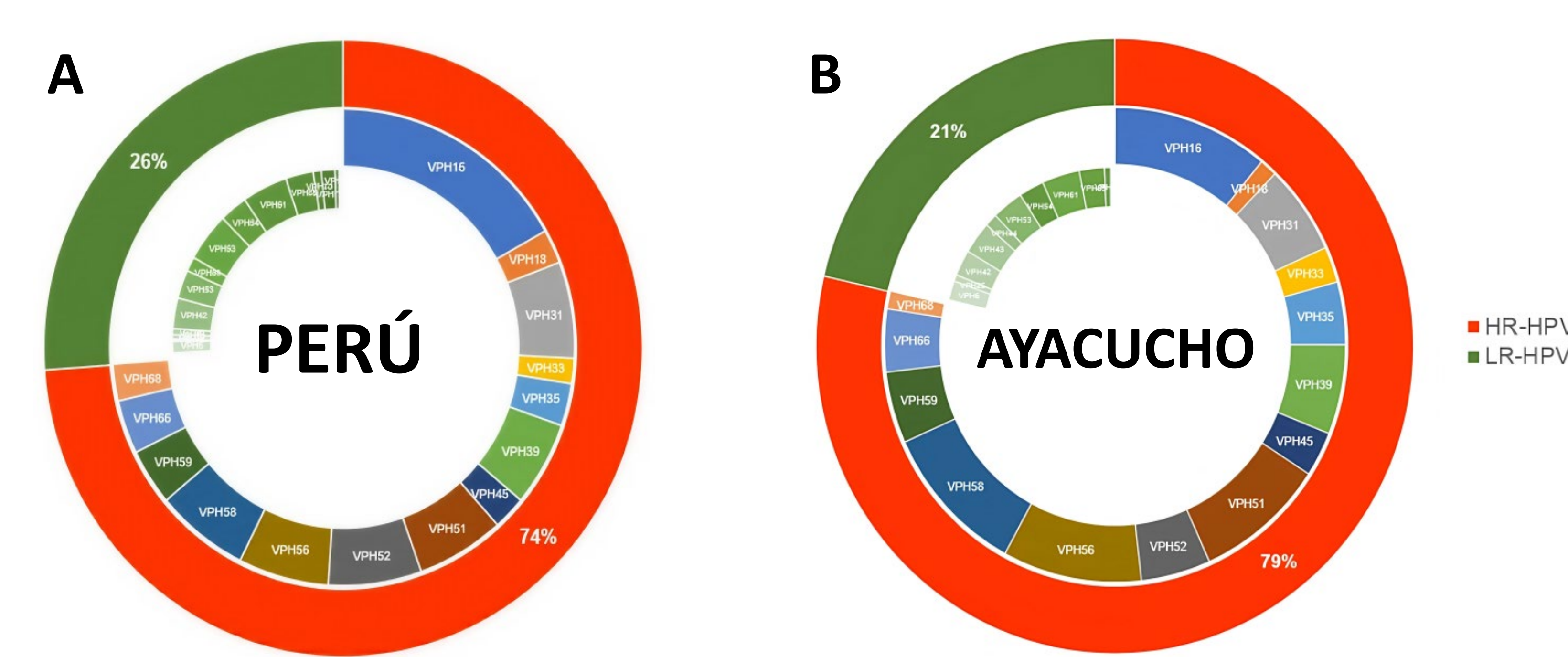


Figura 4. Frecuencia de genotipos del HPV de alto y bajo riesgo encontrados en el estudio. **A.** Total de muestras procedentes de las regiones de la costa, sierra y selva peruana. **B.** Muestras procedentes de la región de Ayacucho.

En relación a los genotipos de alto y bajo riesgo, se observó que, en las muestras procedentes de la costa, sierra y selva del Perú, el 74% correspondían a genotipos de alto riesgo, mientras que el 26% correspondían a genotipos de bajo riesgo (Figura 4A). Asimismo, se identificó una mayor prevalencia del genotipo HPV-16, presente en el 17% del total de muestras, en tanto que el genotipo HPV-18 se detectó en el 2.3%. Otros genotipos de alto riesgo identificados incluyeron HPV-31, HPV-39, HPV-51, HPV-52, HPV-56 y HPV-58, con una prevalencia entre el 6 a 7% de los casos analizados.

Por otro lado, en la región de Ayacucho, el HPV-16 fue detectado en el 11% de los casos, mientras que el HPV-18 se encontró únicamente en el 1.2% de las muestras. Es importante señalar que los genotipos HPV51, HPV-56 y HPV-58 estuvieron presentes ente el 9 al 10% del total de casos (Figura 4B).

Conclusiones

- Se logró la detección de HPV en el 67.5% del total de las muestras estudiadas, mientras que en el 27.7% de las muestras no se detectó presencia de HPV.
- Entre las muestras positivas, el 44% presentó únicamente un genotipo de HPV, mientras que se identificaron muestras que contenían entre 2 y 7 genotipos simultáneamente.
- La prevalencia del genotipo HPV-16 en las muestras provenientes de la costa, sierra y selva fue del 17%.
- En la región de Ayacucho, la prevalencia de HPV-16 fue del 11%. Otros genotipos de alto riesgo relevantes para esta región, como HPV-56 y HPV-58, se detectaron en el 10% de los casos positivos en Ayacucho.

Referencias

- Sendagorta E, Burgos J and Rodriguez M. Infecciones genitales por el virus del papiloma humano. 2019. Enferm Infecc Microbiol Clin.;37(5):324-334. <https://doi.org/10.1016/j.eimc.2019.01.010>.
- Mateos M, Pérez S, Pérez M and Rodríguez M. Diagnóstico microbiológico de la infección por el virus del papiloma humano. 2016. Procedimientos en Microbiología Clínica. Sociedad Española de Enfermedades Infecciosas y Microbiología Clínica (SEIMC).www.seimc.org.
- Murillo A, Morales M, Quimiz M. HPV: una actualización al diagnóstico y la prevención. 2022. Dom. Cien., ISSN: 2477-8818 Vol. 8, núm. 2, Abril-Junio, 2022, pp. 402-419. <http://dx.doi.org/10.23857/dc.v8i2.2652> .in genome diversity in pathogens'. *Journal of Sequencing* (5), vol. 4, 45-53.



GenLab
del Perú



Seegene