

Genotipos de alto riesgo del Virus del Papiloma Humano en mujeres de América Latina y el Caribe

High-risk genotypes of Human Papillomavirus in women in Latin America and the Caribbean

Genótipos de alto risco do Papilomavírus Humano em mulheres da América Latina e do Caribe

ARTÍCULO DE REVISIÓN



Escanea en tu dispositivo móvil
o revisa este artículo en:

<https://doi.org/10.33996/revistavive.v7i21.339>

Janina Tahiry Aguilar Luna 

janina.aguilar.86@est.ucacue.edu.ec

Jonnathan Gerardo Ortiz Tejedor 

jonnathan.ortiz@ucacue.edu.ec

María Gabriela Vizhñay Guzmán 

maria.vizhñay@ucacue.edu.ec

Universidad Católica de Cuenca. Cuenca, Ecuador

Artículo recibido 23 de julio 2024 / Aceptado 28 de agosto 2024 / Publicado 27 de septiembre 2024

RESUMEN

El virus de papiloma humano, se contagia por transmisión sexual, es un adenovirus con más de 200 genotipos, de los cuales son de alto riesgo para la aparición de cáncer uterino los identificados como VPH 16,-18,-31,-33,-35,-39,-45,-51,-52,-56,-58,-59,-67-68,-73,-82. La detección de alguna de estas variantes permite la prevención y tratamiento oportuno para impedir el desarrollo del cáncer. **Objetivo:** Describir los principales genotipos de alto riesgo del virus del papiloma humano reportados en mujeres de América Latina y el Caribe. **Metodología:** Se realizó una revisión sistemática de literatura utilizando el método PRISMA, a partir de una búsqueda en bases de datos como Pubmed, Scielo, ELSEVIER, Google Académico, y la de la Organización Mundial de la Salud. Los criterios de inclusión son: idioma en inglés y español, estudios realizados por métodos moleculares publicados en los años 2019 al 2023. **Resultados:** Se describió el estado actual de los genotipos de alto riesgo del VPH en 17 países de América Latina y el Caribe, donde Venezuela es el país con mayor porcentaje de casos positivos para HPV (12,46%), seguido por las Bahamas (10,25%). De igual forma se identificó al VPH-16 con mayor prevalencia (10,18%), seguido del VPH-56 (9,39%). **Conclusión:** A nivel mundial se considera a los genotipos de alto riesgo VPH-16 y VPH-18 como los más comunes, pero en algunos países de América Latina y el Caribe se han identificado a otros como el VPH-56 y VPH-53 que también muestran alta frecuencia, demostrando una variación drástica entre países e incluso en diferentes regiones del mismo país.

Palabras clave: Cáncer; Genotipos; Humano; Papiloma; Prevalencia; Virus

ABSTRACT

The human papilloma virus, which is contagious through sexual transmission, is an adenovirus with more than 200 genotypes, which are of high risk for the appearance of uterine cancer, identified as HPV 16,-18,-31,-33,-35,-39,-45,-51,-52,-56,-58,-59,-67-68,-73,-82. The detection of any of these variants allows for timely prevention and treatment to prevent the development of cancer. **Objective:** To describe the main high-risk genotypes of the human papillomavirus reported in women in Latin America and the Caribbean. **Methodology:** A systematic literature review was carried out using the PRISMA method, based on a search in databases such as Pubmed, Scielo, ELSEVIER, Google Scholar, and the World Health Organization. The inclusion criteria are: language in English and Spanish, studies carried out by molecular methods published in the years 2019 to 2023. **Results:** The current state of high-risk HPV genotypes in 17 countries in Latin America and the Caribbean was described, Venezuela is the country with the highest percentage of positive cases for HPV (12.46%), followed by the Bahamas (10.25%). HPV-16 was also identified with the highest prevalence (10.18%), followed by HPV-56 (9.39%). **Conclusion:** At a global level, high-risk genotypes HPV-16 and HPV-18 are considered to be the most common, but in some countries in Latin America and the Caribbean, others have been identified as HPV-56 and HPV-53, which it also shows high frequency, demonstrating drastic variation between countries and even in different regions of the same country.

Key words: Cancer; Genotypes; Human; Papilloma; Prevalence; Virus

RESUMO

O vírus do papiloma humano, contagiado por transmissão sexual, é um adenovírus com mais de 200 genótipos, dos quais são de alto risco para o aparecimento de câncer uterino, identificados como VPH 16,-18,-31,-33,-35,-39,-45,-51,-52,-56,-58,-59,-67-68,-73,-82. A detecção de algumas dessas variantes permite a prevenção e o tratamento oportunos para impedir o desenvolvimento do câncer. **Objetivo:** Descrever os principais genótipos de alto risco do vírus do papiloma humano relatados em mulheres da América Latina e do Caribe. **Metodologia:** Foi realizada uma revisão sistemática da literatura utilizando o método PRISMA, a partir de uma pesquisa em bases de dados como Pubmed, Scielo, ELSEVIER, Google Académico e na Organização Mundial da Saúde. Os critérios de inclusão são: idioma em inglês e espanhol, estudos realizados por métodos moleculares publicados nos anos de 2019 a 2023. **Resultados:** Se descreveu o estado atual dos genótipos de alto risco do VPH em 17 países da América Latina e do Caribe, onde a Venezuela é o país com maior porcentagem de casos positivos para HPV (12,46%), seguido pelas Bahamas (10,25%). De igual forma foi identificado o VPH-16 com maior prevalência (10,18%), seguido do VPH-56 (9,39%). **Conclusão:** Em nível mundial são considerados os genótipos de alto risco VPH-16 e VPH-18 como as mais comunidades, mas em alguns países da América Latina e do Caribe foram identificados outros como o VPH-56 e VPH-53 que também mostra alta frequência, demonstrando uma variação drástica entre países e até mesmo em diferentes regiões do mesmo país.

Palavras-chave: Câncer; Genótipos; Humano; Papiloma; Prevalência; Vírus

INTRODUCCIÓN

El virus del papiloma humano (VPH) representa una de las infecciones de transmisión sexual más prevalentes a nivel mundial. En América Latina y el Caribe, esta problemática adquiere especial relevancia debido a la alta incidencia de cáncer cervicouterino asociado a ciertos genotipos de alto riesgo del VPH. Es un virus de transmisión sexual muy frecuente a nivel mundial, siendo el agente vírico causante de varias consecuencias en mujeres, especialmente el cáncer de cuello uterino (CCU) con una prevalencia de aproximadamente el 99% según la Organización Mundial de la Salud (OMS) (1) y del total de los genotipos que infectan el tracto genital, los dos genotipos de alto riesgo como son el VPH-16 y VPH-18 son causantes del 70% de CCU (2).

Cabe destacar que, el VPH es un virus ADN bicatenario que se divide en cinco géneros: alfa, beta, gamma, delta y mue. Los genotipos alfa son los causantes de infecciones mucoso genitales, algunas de las cuales pueden evolucionar hacia lesiones malignas. Dentro de este grupo, existen genotipos de bajo riesgo no oncogénicos, que pueden causar displasia leve de bajo grado y verrugas genitales. Por otro lado, existen genotipos oncogénicos considerados de alto riesgo VPH-16,-18,-31,-33,-35,-39,-45,-51,-52,-56,-58,-59,-67-68,-73,-82 que son responsables de ocasionar displasia y cáncer, además, se encuentran los genotipos VPH-26,-

53,-66 considerados como tipos probables de alto riesgo (3). Entendiendo la diversidad de los genotipos y su potencial patogénico, se puede analizar cómo se desarrolla la infección.

En este sentido, la infección tiene inicio luego del contacto sexual, cuando el virus ingresa a la capa basal a través de pequeñas lesiones que comprometen el estado de la barrera epitelial. El genoma del virus se mantiene en las células basales del huésped en un bajo número de copias, luego de la diferenciación de las células epiteliales el virus se replica y expresa los genes de la cápside (L1 y L2) generando la producción de nuevos viriones que se liberan desde la superficie epitelial (4).

Una vez contraída la infección, las manifestaciones clínicas son variables y puede ir desde estados asintomáticos con resolución espontánea hasta presentar procesos cancerígenos. Cuando los pacientes son sintomáticos presentan cuadros clínicos donde se destaca los condilomas acuminados conocidos como verrugas genitales. Estas lesiones son proliferativas benignas, generalmente múltiples y presentan un color rosado o blanco-grisáceo (4).

Es importante mencionar además que, el VPH es un virus muy común que afecta a un alto porcentaje de mujeres jóvenes entre los 20 y 25 años de edad, esta enfermedad se presenta con mayor prevalencia en países en desarrollo (5). Estudios coordinados por la International Agency

for Research on Cancer (IARC) (6) en más de 18.000 mujeres mayores de 15 años en 13 países, han demostrado una prevalencia de HPV desde 1,6% en España y Hanoi (Vietnam) y hasta con el 27% en Nigeria.

En estudios epidemiológicos sobre genotipos de VPH asociados a cáncer, se ha observado una alta prevalencia de infección por este virus. Por ejemplo, un estudio multicéntrico reportó que el 90.7% de 1.739 pacientes dieron positivo para VPH, predominando infecciones por un solo genotipo (91.9%). El VPH-16 fue el más frecuente en todos los países evaluados, seguido del VPH-18 y el VPH-45. Los tipos VPH-31 y 35 mostraron mayor prevalencia en América Latina (7). Por otro lado, un estudio en un hospital mexicano identificó el VPH en el 55.4% de 65 mujeres, detectando un total de 65 genotipos. Los genotipos de alto riesgo representaron el 29.2% de los casos, siendo el VPH-52 y VPH-51 los más comunes, seguidos por el VPH-16, 31, 35 y 58 (8). Estos hallazgos subrayan la diversidad de genotipos de VPH circulantes y su distribución geográfica variable, lo cual tiene implicaciones importantes para la prevención y el control del cáncer cervicouterino.

En este contexto, en Ecuador la epidemiología del VPH y la situación del CCU es compleja e inconclusa. En un reporte del 2016 realizado por el Instituto Catalán de Oncología (ICO) (9), refiere que en Ecuador se notificaron 2.094 muertes de mujeres con CCU y 1.026 nuevos casos. En los

últimos años se han realizado pocos estudios sobre la epidemiología del VPH en Ecuador, existiendo discrepancia en la mayoría de los estudios sobre la prevalencia de los genotipos. En investigaciones recientes describen al VPH-16 con mayor frecuencia en mujeres seguido por el VPH-58 lo cual resulta novedoso para Ecuador (10, 11).

Por su parte, según Global Cancer Statistics 2020 (12), el cáncer de cuello uterino es el cuarto cáncer diagnosticado con más frecuencia con aproximadamente 604.000 nuevos casos y 342.000 muertes registradas en 2020 siendo la cuarta causa principal de mortalidad en mujeres en el África subsahariana, Melanesia, Sur América y el Sudeste Asiático. La tasa de mortalidad y la incidencia regional más alta se encuentran en el África subsahariana, con mayor prevalencia en África Oriental, África Meridional y África Central. En el caso de América del Norte, Australia/Nueva Zelanda y Asia Occidental, las tasas de incidencia son de 7 a 10 veces más bajas con tasas de mortalidad que varían hasta 18 veces.

Ahora bien, es evidente la problemática existente a nivel mundial a causa de infecciones por el virus del papiloma humano, considerando que cerca de 14 millones de personas al año presentan la infección por primera vez, incrementando el riesgo de contraer a futuro cáncer de cuello uterino (13). Razón por la cual, mediante el presente trabajo se pretende describir los genotipos de alto riesgo del virus del papiloma humano asociados al

cáncer de cuello uterino en mujeres de América Latina y el Caribe para poder brindar una imagen de la situación actual de la enfermedad.

METODOLOGÍA

Esta investigación se orientó bajo el enfoque cualitativo, tipo documental. En este, se realizó una revisión sistemática de la literatura con información relevante sobre los genotipos de alto riesgo del virus del papiloma humano asociados al cáncer de cuello uterino en mujeres de América Latina y el Caribe en un periodo de 5 años, utilizando el método PRISMA (Preferred Reporting Items for Systematic reviews and Meta –Analyses) (14).

También, se realizaron búsquedas exhaustivas de información en documentos científicos, artículos de investigación en bases de datos y navegadores como Pubmed, Scielo, ELSEVIER, Google Académico, y la página oficial de la Organización Mundial de la Salud. Se utilizaron operadores booleanos para filtrar la búsqueda de los artículos de la siguiente forma: Virus del papiloma humano Y genotipos de alto riesgo, Human papillomavirus AND cervical cáncer, Molecular diagnostics AND human papillomavirus, Virus del papiloma humano Y transmisión, Human papillomavirus AND prevalence, VPH in Latin America.

De igual forma, para mejorar la búsqueda se analizó la información de cada artículo realizando una previa lectura del resumen y la introducción,

con el fin de seleccionar los más adecuados para la revisión, luego se realizó un análisis crítico mediante la lectura completa de los artículos y se aplicaron criterios de inclusión y exclusión.

En lo referido a la selección de la muestra se tomó en cuenta como criterios de inclusión el idioma en español e inglés, artículos que contengan estudios realizados por métodos moleculares que estén publicados en los 5 últimos años. Por otro lado, se establecieron criterios de exclusión como artículos con más de 15 años de publicación sin relevancia, tesis de grado, revisiones sistemáticas y aquellos que describen genotipos de bajo riesgo y en otras zonas de estudio.

Con el proceso de selección se obtuvo un total de 60 artículos obtenidos en diferentes bases de datos: 8 en PudMed, 6 en Elsevier, 11 en Scielo, 34 en Google académico y 1 en la página de la OMS. A estos artículos se les aplicó el análisis PRISMA empezando con un cribaje inicial, donde se descartaron artículos repetidos, revisiones bibliográficas, metaanálisis, y tesis quedando un total de 55 artículos. Seguidamente se realizó un cribaje detallado, descartando artículos de investigación con ubicación geográfica diferente al estudio, documentos que no constan con un estudio molecular y aquellos que describen una infección por HPV en zonas afectadas diferentes al cérvix uterino, dando un total de 32 artículos seleccionados para la investigación. A continuación, en la Figura 1, el Flujograma Prisma.

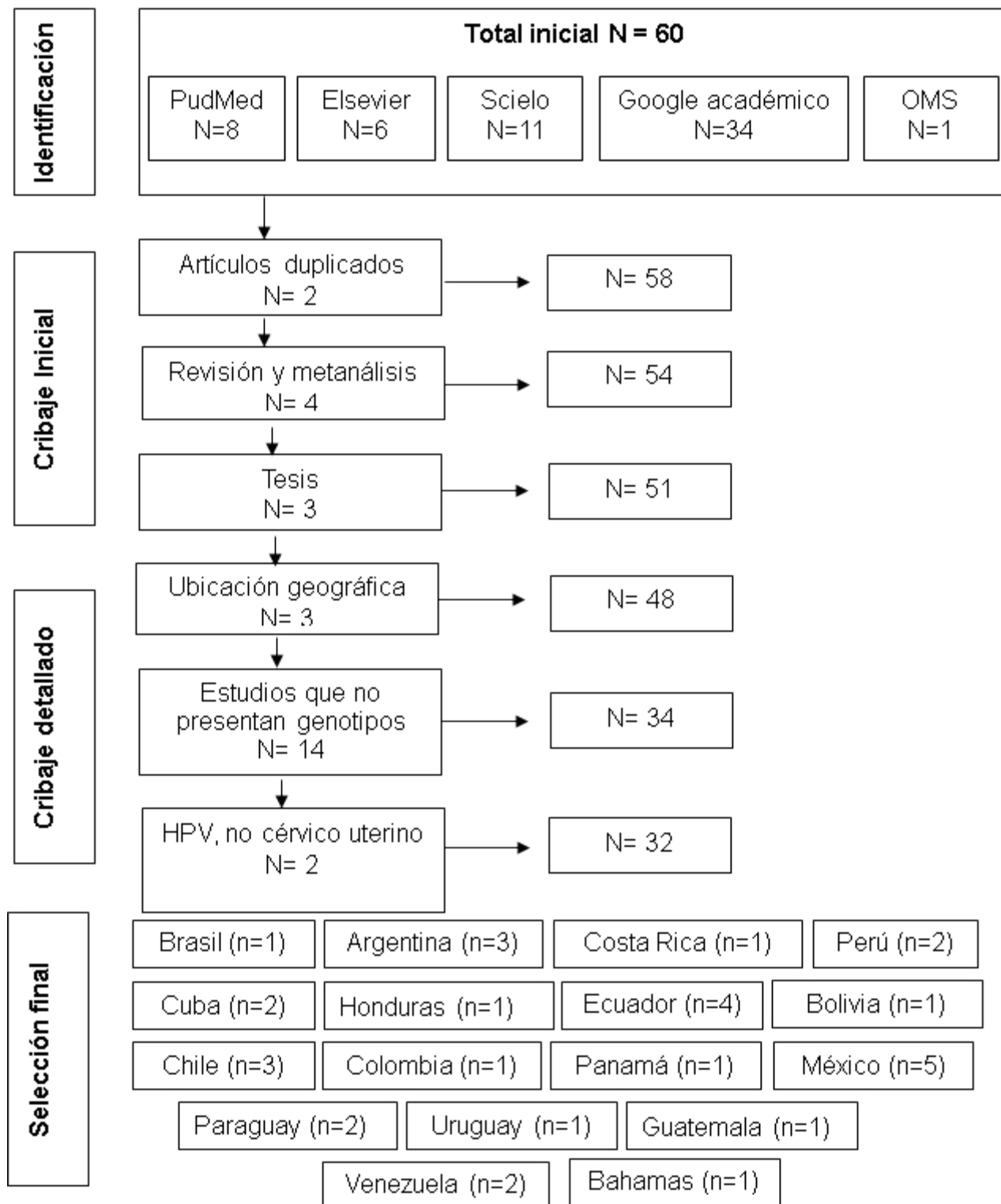


Figura 1. Flujograma PRISMA.

DESARROLLO Y DISCUSIÓN

Una vez seleccionado los 32 artículos, se realizó el análisis de los mismos, obteniendo como resultado varios estudios aplicados en 17 países de América Latina y el Caribe como son México, Cuba, Guatemala, Honduras, Costa Rica, Panamá,

las Bahamas, Venezuela, Colombia, Ecuador, Perú, Bolivia, Brasil, Paraguay, Uruguay, Argentina y Chile, en los cuales se realizaron diferentes técnicas de diagnóstico molecular para la identificación de los genotipos de alto riesgo del VPH en mujeres como se muestra en la Tabla 1.

Tabla 1. Prevalencia de genotipos de alto riesgo en países de América Latina y el Caribe.

País	Técnica de diagnóstico	Población	Prevalencia de genotipo de alto riesgo	Referencia
México	PCR Multiplex linear array hpv genotyping test	65 mujeres entre 15 a 46 años	52 (11,1%), 51 (8,3%), 16, 31, 35 y 58 (5,6%)	(8)
México	PCR, Fisher	2.956 muestras	16 (39,4%), 18 (7,5%), 31 (7,1%), 59 (4,9%), 58 (3,2%)	(15)
México	PCR Multiplex	1.187 mujeres entre 20 a 70 años	58 (24,47%), 59 (13,30%), 39 (12,23%), 66 (9,6%)	(16)
México	Análisis de captura híbrida 2 HCII	159.288 mujeres entre 19 a 82 años	59 (39,28%), 51 (25%), 31, 45, 58 (7,14%), 35,39,52 (3,57%)	(17)
México	PCR punto final CLART HPV 2 kit	100 mujeres	59 (30%), 31 (26%), 16 (24%), 51 (22%)	(18)
Cuba	PCR CLART HPV 2 kit	500 mujeres entre 16 a 67 años	16 (23%), 31 (10,8%), 33 (8,1%)	(19)
Cuba	RT-PCR, PCR punto final	322 mujeres entre 30 y 69 años	16 (61,8%), 18 (14,6%), 31 (10,9%), 33 (4,7%), 45 (3,1%)	(20)
Guatemala	PCR	620 mujeres entre 18 y 49 años	51 (13,7%), 16 (13,4%), 66 (13,1%), 58 (13,1)	(21)
Honduras	RT-PCR y multiplex	1.732 mujeres	58 (19%), 35 (13%), 16 (13%)	(22)
Costa Rica	PCR	3.737 mujeres entre 18 a 25 años	52 (15,4%), 51 (13,6%), 16 (12,4%)	(23)
Panamá	PCR Multiplex, hibridación inversa	500 mujeres entre 15 a 60 años	52 (21%), 31 (12%), 16 y 33 (7%), 39 y 53 (6%), 18 (4%)	(24)
Bahamas	PCR Multiplex, Captura híbrida 2 HC II	167 mujeres >18 años	18 (34,9%), 58 (30,2%), 16 (27,9%), 52 (19,8)	(25)
Venezuela	PCR, Captura híbrida	24.734 mujeres entre 18 a 82 años	31 (31,4%), 45 (16,9%), 33 (14,4%), 16 (12,8%), 35 (9,5%)	(26)
Venezuela	PCR, Captura híbrida	184 mujeres	45 (2,7%), 59 (2,2%), 52 y 16 (1,6%)	(27)
Colombia	PCR	1.375 mujeres entre 14 a 76 años	16 (46,3%), 31 (32,9%), 18 (30,6%)	(28)
Ecuador	PCR Multiplex	117 mujeres entre 19 a 59 años	16	(13)
Ecuador	PCR	164 mujeres entre 19 a 77 años	16 (40,6%), 58 (25%), 18 (2,8%)	(29)
Ecuador	RT-PCR	200 mujeres entre 15 a 55 años	31 (50,6%), 58 (32,9%), 66 (24,7%), 59 (16,5%)	(30)
Ecuador	RT-PCR	15 mujeres	52 (26,32%), 31 (5,26%), 51 (2,63%), 59 (2,63%)	(10)
Perú	qPCR	2.247 mujeres entre 17 a 79 años	16 (10,77%), 18 (2%), otros VPH AR (28,08%)	(31)
Perú	qPCR	429 mujeres entre 18 a 65 años	35 (38%), 16 (20%), 18 (9%)	(32)
Bolivia	RT-PCR, PCR Multiplex	379 mujeres	31, 39 y 56 (50%), 16 (4%), 18 (2%)	(33)
Brasil	PCR Anidada	300 mujeres	16 (12,75%), 31 y 45 (8,51%), 56 (2,12%)	(34)
Paraguay	RT-PCR	495 mujeres entre 25 a 64 años	16 (18,1%), 18 (2,8%), otros VPH AR (18,1%)	(35)

País	Técnica de diagnóstico	Población	Prevalencia de genotipo de alto riesgo	Referencia
Paraguay	PCR	181 mujeres	16 (4,4%), 58 y 45 (3,3%)	(36)
Uruguay	PCR	121 mujeres	16 (63,6%), 18 y 45 (8,3%)	(37)
Argentina	PCR, polimorfismo de longitud de fragmentos de restricción RFLP	255 mujeres edad media de 29 años	16 (14,1%), 58 (8,2%), 53 (5,5%), 31 (3,5%), 18 (3,1%)	(38)
Argentina	PCR, Hibridación inversa	957 mujeres entre 15 a 17 años	16 (11,1%), 52 (10,8%), 56 (8,3%), 51 (7,4%), 58 (7,3%), 31 (7,1%)	(39)
Argentina	PCR, polimorfismo de longitud de fragmentos de restricción RFLP	505 mujeres entre 15 a 49 años	16 (29,7%), 58 (8,1%), 31 (6,8%), 53 y 18 (2,7%)	(40)
Chile	PCR Multiplex, hibridación inversa	1.738 mujeres entre 18 a 64 años	16 (2,8%), 66 (1,4%), 51 y 59 (1,2%), 31 (1,0%), 39 (0,7%)	(41)
Chile	PCR, Hibridación inversa	985 mujeres edad media 33 años	16 (61,1%), 18 (19,0%), 39, 45, 66 y 68 (4,8%)	(42)
Chile	PCR, hibridación inversa	97 mujeres entre 19 a 70 años	66 (12%), 58 (9,3%), 16, 59 y 82 (8%)	(43)

Cada artículo seleccionado presenta un estudio molecular en una muestra de mujeres con ciertos rangos de edad en un país determinado, de este modo se identificó el porcentaje total de casos positivos para el Virus del papiloma humano en cada estudio, mismo que se muestra en la Tabla 2 a continuación, donde se puede observar que, en los

17 países en estudio presentan un total de 761,05 casos positivos de HPV, de los cuales Venezuela es el país con mayor porcentaje de casos con un 12,46%, seguido por las Bahamas con un 10,25%. Por otro lado, tenemos a Uruguay con 2,00% que representa al menor porcentaje de casos positivos para el virus.

Tabla 2. Casos positivos para VPH por países.

Zona geográfica	Hpv (+) %	% TOTAL
Venezuela	94,8	12,46
Bahamas	78	10,25
Chile	62,9	8,26
Guatemala	52,7	6,92
Ecuador	52,55	6,90
Costa rica	51,3	6,74
Perú	50,39	6,62
Argentina	47,7	6,27
Colombia	47,4	6,23
Cuba	45,45	5,97
México	41,21	5,41
Paraguay	30,5	4,01
Honduras	28	3,68
Bolivia	25,2	3,31
Panamá	22	2,89
Brasil	15,7	2,06
Uruguay	15,25	2,00
Total	761,05	100,00

En cuanto a los genotipos de VPH de alto riesgo en las muestras analizadas y su prevalencia relativa, los resultados de los diferentes estudios revelaron una amplia variedad de genotipos de VPH de alto riesgo. Entre los genotipos identificados se encuentran; VPH-52, -51, -16, -31, -35, -58, -18, -59, 39, -66, -45, -33, -53, -56, -68, -82 y en algunos

estudios se describe como otros VPH de alto riesgo (HR), que se observan en la Tabla 3.

En conjunto, los estudios identificaron 214, 41 genotipos de VPH de alto riesgo. De manera destacada, el VPH-16 fue el más frecuentemente detectado, representando el 10.18% del total. Le siguió el VPH-56 con un 9.39%. Esta información

proporciona una visión general de la distribución de los genotipos de VPH en las poblaciones estudiadas.

También se tiene, el caso de genotipos que se describen como otros VPH HR en algunos estudios

que utilizaron kits que no permite la identificación de los mismos con un 10,77%. Por otro lado, se observa que, el VPH-53 es el genotipo con menor frecuencia con un 2,21% entre los 17 países.

Tabla 3. Porcentaje de genotipos de VPH de alto riesgo.

Genotipo HPV	Total	%
Otros VPH HR	23,09	10,77
16	21,82	10,18
56	20,14	9,39
31	16,28	7,59
58	14,06	6,56
35	13,93	6,50
52	13,70	6,39
59	13,11	6,12
39	12,88	6,01
51	11,73	5,47
66	10,50	4,90
18	10,24	4,77
33	8,55	3,99
82	8,00	3,73
45	6,84	3,19
68	4,80	2,24
53	4,73	2,21
Total	214,41	100,00

La prevalencia de los genotipos de alto riesgo es generalmente mayor en regiones de bajos y medianos recursos, donde el acceso a programas de detección y vacunación es limitado. En África subsahariana, América Latina y el Caribe, las tasas de infección por VPH son significativamente más altas en comparación con Europa y América del Norte (44).

En países de América Latina, México, por ejemplo, un estudio realizado encontró que el

VPH-16 estaba presente en el 12% de las mujeres con citologías normales y en el 57% de las mujeres con lesiones cervicales de alto grado o cáncer (45). Mientras que en nuestro estudio obtuvimos un resultado de 5,6% de mujeres mexicanas que estaban infectadas por el VPH-16 (8).

En nuestra revisión encontramos que en Brasil la prevalencia del VPH-16 en mujeres fue del 12,75% (34). Por otro lado, en un estudio por Serra, et al, describe que la prevalencia del VPH-16

entre mujeres con cáncer cervical era del 63,4%, mientras que el VPH-18 se encontraba en el 1,6% de los casos (46). En América Latina y el Caribe, los estudios han demostrado que los genotipos VPH-16 y VPH-18 son los más prevalentes, al igual que en otras regiones del mundo. Sin embargo, también se han identificado otros genotipos de alto riesgo, como el VPH-31, VPH-33, VPH-45 y VPH-58, que contribuyen significativamente a la carga de la enfermedad en la región (44).

En un estudio realizado en varios países para la clasificación epidemiológica de los tipos de virus del papiloma humano asociado al cáncer, un total de 1.739 pacientes que corresponde al 90,7% resultaron positivo para VPH. De estos, el 91,9% estaban infectados con un solo tipo de VPH y el 8,1% estaban infectados con múltiples tipos. En los resultados del estudio el VPH-16 fue el más común en todos los países, el VPH-18 se colocó en segundo lugar y el VPH-45 fue el tercero. Los tipos de VPH 31 y 35 fueron más comunes en América Latina que en las otras áreas de estudio (7).

El VPH-16 y VPH-18 son responsables de aproximadamente el 70% de los casos de cáncer cervical a nivel global. Sin embargo, la prevalencia de estos genotipos puede variar dependiendo de factores como la edad, el comportamiento sexual y el acceso a programas de detección y vacunación. Además, en la presente investigación se ha observado que estos genotipos no son los

más frecuentes en varios países de América Latina y el Caribe.

La Organización Mundial de la Salud señala que en Suramérica el genotipo más común detectado en muestras de cérvix es VPH-16 (47). Sin embargo, en el continente se observa un comportamiento diferente. Aunque el VPH-16 se encuentra entre los tipos de mayor incidencia a nivel mundial y es el más frecuentemente asociado con el desarrollo de malignidad provocando CCU, resulta interesante ver que los genotipos -31, -45 y -33 presentan una mayor prevalencia, aunque no han sido considerados de esta forma a nivel internacional.

En Venezuela, algunas publicaciones han señalado una mayor frecuencia de genotipos diferentes a la -16, entre ellos, el trabajo de Rivas y Col. (48) en 725 mujeres, señala que el genotipo de alto riesgo más frecuente en su estudio fue el -52 y en otro estudio realizado por Reigosa et al., (26) en 24.734 mujeres analizadas y donde el genotipo más frecuente fue el -31.

En Ecuador existe mucha discrepancia en la prevalencia de los genotipos. Algunos estudios mencionan que el VPH-16 es el más frecuente (13, 29), mientras que otros estudios presentan al VPH-31 (30) y al VPH-52 (10) con mayor prevalencia. Lo que indica que la prevalencia del genotipo del VPH varía drásticamente entre países e incluso en diferentes regiones del mismo país.

CONCLUSIÓN

El virus del papiloma humano (VPH) es un virus de transmisión sexual muy frecuente a nivel mundial que presenta genotipos de bajo y alto riesgo. En América Latina y el Caribe es notable la elevada prevalencia de la infección por las condiciones socio económicas de los países en desarrollo, presentando un desafío significativo para la salud pública en la región. Los genotipos de alto riesgo, en particular el VPH-16 y VPH-18, están estrechamente vinculados al desarrollo del cáncer de cuello uterino, que se destaca como uno de los tipos de cáncer más comunes entre las mujeres en estas zonas.

Aunque el VPH-16 y el VPH-18 son los genotipos más comunes a nivel mundial, en América Latina y el Caribe se presenta una diversidad en la distribución de los genotipos. Algunos estudios en la región han identificado una alta prevalencia de otros genotipos como el VPH-31, VPH-45, y VPH-33, en este estudio se identificó al VPH-16 con mayor prevalencia con un 10,18% seguido del VPH-56 con un 9,39%, al identificar esta variación de genotipos en los diferentes países e incluso en diferentes regiones del país, se observa la importancia de diseñar programas de vacunación y detección temprana con pruebas moleculares que se adapten a las características epidemiológicas específicas de cada país con el fin de disminuir la incidencia de

cáncer relacionado con la infección, abordar de esta manera la prevención de VPH es crucial para reducir la carga global de cáncer y mejorar la salud pública a largo plazo.

CONFLICTO DE INTERESES. Los autores declaran que no existe conflicto de intereses

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

1. OPS/OMS. Organización Panamericana de la Salud Prevención, Control y Eliminación de Enfermedades Transmisibles. 2024. <https://acortar.link/taUBDk>
2. Vargas-Hernández V, Vargas-Aguilar V, Tovar-Rodríguez J. Detección primaria del cáncer cervicouterino. *Cir Cir.* 2015; 83(5):448-53. <https://acortar.link/FxjzqT>
3. Ortiz-Martínez Y, Vásquez W, Rotela-Fisch V. Virus del papiloma humano: Revisión de la literatura. *CIMEL.* 2017; 22:72-6. <https://acortar.link/1c7J9v>
4. Sendagorta-Cudós E, Burgos-Cibrián J, Rodríguez-Iglesias M. Infecciones genitales por el virus del papiloma humano. *Enfermedades Infecc Microbiol Clínica.* 2019; 37(5):324-34. <https://acortar.link/rUfD2R>
5. Concha P, Urrutia S, Riquelme H. Creencias y virus papiloma humano. *Rev Chil Obstet Ginecol.* 2012;77(2):87-92. <https://acortar.link/NlyShu>
6. Clifford G, Gallus S, Herrero R, Muñoz N, Snijders P, Vaccarella S, et al. Worldwide distribution of human papillomavirus types in cytologically normal women in the International Agency for Research on Cancer HPV prevalence surveys: a pooled analysis. *The Lancet.* 2005; 366(9490):991-8. <https://acortar.link/hcwoAB>
7. Muñoz N, Bosch F, de Sanjosé S, Herrero R, Castellsagué X, Shah K, et al. Epidemiologic Classification of Human Papillomavirus Types Associated with Cervical Cancer. *N Engl J Med.* 2003; 348(6):518-27. <https://acortar.link/qDWJbO>

- 8.** Flores-Medina S, García-Romero C, Soriano-Becerril D, Figueroa-Damián R, Márquez-Acosta G. Genotipificación del virus del papiloma humano en mujeres que asisten a un hospital gineco-obstétrico de tercer nivel de la Ciudad de México. *Rev Chil Obstet Ginecol.* 2016;81(5):381-7. <https://acortar.link/WzVIKP>
- 9.** LKA-RH-47-01-REPORT-2017-eng-HPV-and-related-diseases-report.pdf. <https://acortar.link/ELLw5Q>
- 10.** Rodríguez L, Galarraga R, Cabezas J, Giler J, Béjar D, Giler É. Detección molecular y genotipificación del virus del papiloma humano en el Instituto Oncológico Nacional ION-SOLCA del Ecuador. <https://acortar.link/oRQF0s>
- 11.** Mejía L, Muñoz D, Trueba G, Tinoco L, Zapata S. Prevalence of human papillomavirus types in cervical cancerous and precancerous lesions of Ecuadorian women. *J Med Virol.* 2016; 88(1):144-52. <https://acortar.link/VJvqDY>
- 12.** Global Cancer Statistics 2020: GLOBOCAN Estimates of Incidence and Mortality Worldwide for 36 Cancers in 185 Countries - Sung - 2021 - CA: A Cancer Journal for Clinicians - Wiley Online Library. <https://acortar.link/mGOTm>
- 13.** Cherres J, Castro A. Diagnóstico del virus del papiloma humano en mujeres en edad fértil del área de salud No. 1 de Azogues, Ecuador. *Rev Inf Científica.* 2018;97(1):19-28. <https://acortar.link/VtpcNf>
- 14.** Page M, McKenzie J, Bossuyt P, Boutron I, Hoffmann T, Mulrow C, et al. The PRISMA 2020 statement: an updated guideline for reporting systematic reviews. *BMJ.* 2021;n71. <https://acortar.link/COOc0T>
- 15.** Salcedo M, Pina-Sanchez P, Vallejo-Ruiz V, Monroy-García A, Aguilar-Lemarroy A, Cortes-Gutierrez EI, et al. Human Papillomavirus Genotypes among Females in Mexico: a Study from the Mexican Institute for Social Security. *Asian Pac J Cancer Prev.* 2015;15(23):10061-6. <https://acortar.link/phX315>
- 16.** Navarro-Vidal E, Hernandez-Rosas F, Rey M, Flores-Peredo L. Prevalence of Human Papillomavirus Genotypes in Women from Cozumel, Mexico. *Asian Pac J Cancer Prev APJCP.* 2018;19(9):2417-22. <https://acortar.link/ZDnCoX>
- 17.** Jácome-Galarza I, Ito-Nakashimada M, Figueroa-Aguilar G, García-Latorre E, Salazar M, López-Orduña E, et al. Prevalence of Human Papillomavirus in Women from the State of Michoacan, Mexico, Showed High Frequency of Unusual Virus Genotypes. *Rev Investig Clínica.* 24 de octubre de 2017;69(5):348. <https://acortar.link/jlCl4p>
- 18.** González-Yebra B, Mojica-Larrea M, Alonso R, González A, Romero-Morelos P, Taniguchi-Ponciano K, et al. Perfil de infecciones por VPH en lesiones cervicales. *Gac Médica México.* 2022;158(4):222-8. <https://acortar.link/DTo8IM>
- 19.** Circulation of Human Papillomavirus and Chlamydia trachomatis in Cuban Women. *MEDICC Rev.* 2020; 22(1). <https://acortar.link/XGFM4Q>
- 20.** Soto Y, Torres G, Kourí V, Limia C, Goicolea A, Capó V, et al. Molecular epidemiology of human papillomavirus infections in cervical samples from Cuban women older than 30 years. *J Low Genit Tract Dis.* 2014; 18(3):210-7. <https://acortar.link/4iHs22>
- 21.** High prevalence of human papillomavirus infection in the female population of Guatemala -Vallès. 2009. *International Journal of Cancer - Wiley Online Library.* <https://acortar.link/RGNQHa>
- 22.** Detección del virus del papiloma humano en un país de ingresos bajos y medios | *JCO Global Oncology.* 2019. <https://acortar.link/B1llwr>
- 23.** Clarke M, Schiffman M, Wacholder S, Rodriguez A, Hildesheim A, Quint W, et al. A prospective study of absolute risk and determinants of human papillomavirus incidence among young women in Costa Rica. *BMC Infect Dis.* 2013; 13(1):308. <https://acortar.link/Yq1Say>

- 24.** Rojas G. Oferta de medicamentos esenciales de las dos principales causas de muerte materna en el Ecuador. *Rev Ecuat Ginecol Obstet.* 2015; 22:54-6. <https://acortar.link/heXGIH>
- 25.** Dames D, Blackman E, Butler R, Taioli E, Eckstein S, Devarajan K, et al. High-Risk Cervical Human Papillomavirus Infections among Human Immunodeficiency Virus-Positive Women in the Bahamas. *PLOS ONE.* 2014; 9(1):e85429. <https://acortar.link/flZD7k>
- 26.** Reigosa A, Fernández Á, Hung C, Graterol I, Fernández Y, Espinal J, et al. Genotipos del virus papiloma humano en el cuello uterino de mujeres de la región central de Venezuela. *Rev Obstet Ginecol Venezuela.* 2015; 75(3):177-86. <https://acortar.link/fris5h>
- 27.** Aguilar H, González F, Pacheco C, Correia H, Herrera F. Distribución de genotipos del virus de papiloma humano en mujeres del edo. Aragua, Venezuela. *Rev Obstet Ginecol Venezuela.* 2018; 78(1):5-12. <https://acortar.link/Pglb38>
- 28.** Camargo M, Soto-De Leon S, Munoz M, Sanchez R, Peña-Herrera D, Pineda-Peña A, et al. Human papillomavirus detection in women with and without human immunodeficiency virus infection in Colombia. *BMC Cancer.* 2014; 14(1):451. <https://acortar.link/bsVIXZ>
- 29.** Mejía L, Muñoz D, Trueba G, Tinoco L, Zapata S. Prevalence of human papillomavirus types in cervical cancerous and precancerous lesions of Ecuadorian women. *J Med Virol.* 2016; 88(1):144-52. <https://acortar.link/VJvqDY>
- 30.** Julia C, Yudira S, Fabián E, Laura G, Maritza P. Human Papillomavirus Infection and Associated Risk Factors in Indigenous and Urban Women from Cañar Province, Ecuador. *J Cerv Cancer Res.* 2020; 3(1). <https://acortar.link/LKn5bi>
- 31.** Iwasaki R, Galvez-Philpott F, Arias-Stella Jr. J, Arias-Stella J. Prevalence of high-risk human papillomavirus by cobas 4800 HPV test in urban Peru. *Braz J Infect Dis.* octubre de 2014;18:469-72. <https://acortar.link/icVU1K>
- 32.** Jelinek K, Harding L, Briceno R, Li Z, Niezgoda A, Sergeant S, et al. Prevalence of high-risk human papillomavirus genotypes in two regions of Peru. *Int J Gynaecol Obstet Off Organ Int Fed Gynaecol Obstet.* 2021;154(3):544-9. <https://acortar.link/WIk9zc>
- 33.** Prevalence of viral sexually transmitted infections and HPV high-risk genotypes in women in rural communities in the Department of La Paz, Bolivia | *BMC Infectious Diseases* | Full Text. 2020. <https://acortar.link/4dEkyc>
- 34.** Coser J, Boeira T da R, Wolf J, Cerbaro K, Simon D, Lunge V. Cervical human papillomavirus infection and persistence: a clinic-based study in the countryside from South Brazil. *Braz J Infect Dis.* 2016; 20:61-8. <https://acortar.link/rAkWgq>
- 35.** Bobadilla M, Villagra V, Zorrilla M, Olmedo G, Riveros M, Franco F, et al. Detección y tipificación del Virus Papiloma Humano en el marco del tamizaje virológico para la detección de lesiones del cuello uterino en Asunción, Paraguay. *Mem Inst Investig En Cienc Salud.* 2019; 17(1):6-15. <https://acortar.link/g1Llx7>
- 36.** Mongelos P, Mendoza L, Rodriguez-Riveros I, Castro A, Gimenez G, Araujo P, et al. Distribution of human papillomavirus (HPV) genotypes and bacterial vaginosis presence in cervical samples from Paraguayan indigenous. *Int J Infect Dis.* 2015; 39:44-9. <https://acortar.link/37PdpD>
- 37.** Berois N, Nozar F, Greif D, Franciulli A, Barrios E, Osinaga E. Prevalence and Distribution of High-Risk Human Papillomavirus Genotypes in Invasive Carcinoma of the Uterine Cervix in Uruguay. An update on clinical outcome. *Med Res Arch.* 2017; 5(6). <https://acortar.link/mCNnOU>
- 38.** Marín H, Torres C, Deluca G, Mbayed V. Detección del virus del papiloma humano en Corrientes, Argentina: Alta prevalencia del genotipo 58 y su filodinámica. *Rev Argent Microbiol.* 2015; 47(4):302-11. <https://acortar.link/xuGzCl>
- 39.** Gonzalez J, Deluca G, Liotta D, Corre R, Basiletti J, Pei P, et al. Baseline prevalence and type distribution of Human papillomavirus in sexually active non-vaccinated adolescent girls from Argentina. *Rev Argent Microbiol.* 2021; 53(1):1-10. <https://acortar.link/fTkFpm>
- 40.** Jordá G, Ramos J, Mosmann J, Lopez M, Wegert A, Cuffini C, et al. Prevalencia del virus papiloma

humano y factores de riesgo asociados en mujeres afiliadas al seguro de salud estatal en Posadas, Misiones (Argentina). *Rev Chil Infectol.* 2020; 37(2):111-6. <https://acortar.link/PpP8ki>

41. Balanda M, Quiero A, Vergara N, Espinoza G, San Martín H, Rojas G, et al. Prevalence of human papillomavirus infection among women presenting for cervical cancer screening in Chile, 2014-2015. *Med Microbiol Immunol (Berl).* 2016; <https://acortar.link/GJWRbk>

42. Brebi P, Ili C, Andana A, Menzel D, Lopez J, Guzman P, et al. Frequency of Human papillomavirus in women attending cervical cancer screening program in Chile. *BMC Cancer.* 2017; 17(1):518. <https://acortar.link/1Aelaa>

43. Hott-Schulz K, Ramírez-Villalobos E, Ortega-Peña M, Santander-Cabello E, Fernández-Moraga J, Zemelman-Decarli V, et al. Prevalencia y genotipificación de virus papiloma humano vaginal y cervical en trabajadoras sexuales de un centro de salud sexual en la zona Norte de Santiago, Chile. *Rev Chil Infectol.* 2022; 39(2):117-25. <https://acortar.link/OfxYU3>

44. Bruni L, Albero G, Serrano B, Mena M, Collado J, Gómez D, Muñoz J, Bosch F, de Sanjosé S. ICO/IARC Information Centre on HPV and Cancer (HPV Information Centre). Human Papillomavirus and Related Diseases in the World. Summary Report 10 March 2023. <https://acortar.link/VB5JAX>

45. Muñoz-Bello J, Carrillo-García A, Lizano M. Epidemiology and Molecular Biology of HPV Variants in Cervical Cancer: The State of the Art in Mexico. *Int J Mol Sci.* 2022; 23(15):8566. <https://acortar.link/EHgKQt>

46. Serra I, Araujo E, Barros G, Santos F, Gurgel R, Batista M. Prevalence of human papillomavirus types associated with cervical lesions in Sergipe state, Northeastern Brazil: high frequency of a possibly carcinogenic type. *Epidemiol Infect.* 2018; 146(9):1184-93. <https://acortar.link/gyVUTj>

47. World Health Organization (WHO). <https://www.who.int>

48. Rivas E, Verlezza S, Flores M. Distribución genotipo-específico del virus papiloma humano entre hombres y mujeres de Caracas, Venezuela. *Rev Obstet Ginecol Venezuela.* 2012;72(3):171-6. <https://acortar.link/E6bmAl>

ACERCA DE LOS AUTORES

Janina Tahiry Aguilar Luna. Licenciada en Ciencias de la Salud en Laboratorio Clínico e Histopatológico, Universidad Nacional de Chimborazo. Maestría en Diagnóstico de Laboratorio Clínico y Molecular, Universidad Católica de Cuenca. Pasantías en Hospital General Docente Riobamba y en el H. IESS Riobamba. Analista en Laboratorio de Especialidades Médicas Ochoa & Ochoa, Ecuador.

Jonnathan Gerardo Ortiz Tejedor. Químico Farmaceuta, Universidad Católica de Cuenca. Master en Bacteriología y Micología, Universidad de la Habana. Instituto de Medicina Tropical Pedro Kourí. Coordinador Académico de la Maestría en Diagnóstico de Laboratorio Clínico y Molecular, Universidad Católica de Cuenca. Docente-Investigador, carrera de Bioquímica y Farmacia. Universidad Católica de Cuenca. Cuenca-Ecuador.