

PREVALENCIA DE VPH EN MUJERES DEL BAJÍO ATENDIDAS EN UNA INSTITUCIÓN PRIVADA: ANÁLISIS GENOTÍPICO

Martínez Padilla Moisés Adrián¹, Luna Chagolla Mauricio¹, Hernández Blas Ana Isabel¹, Lopez Sánchez Jesús Gerardo¹.

¹Proquimed de León S.C.



Objetivo:

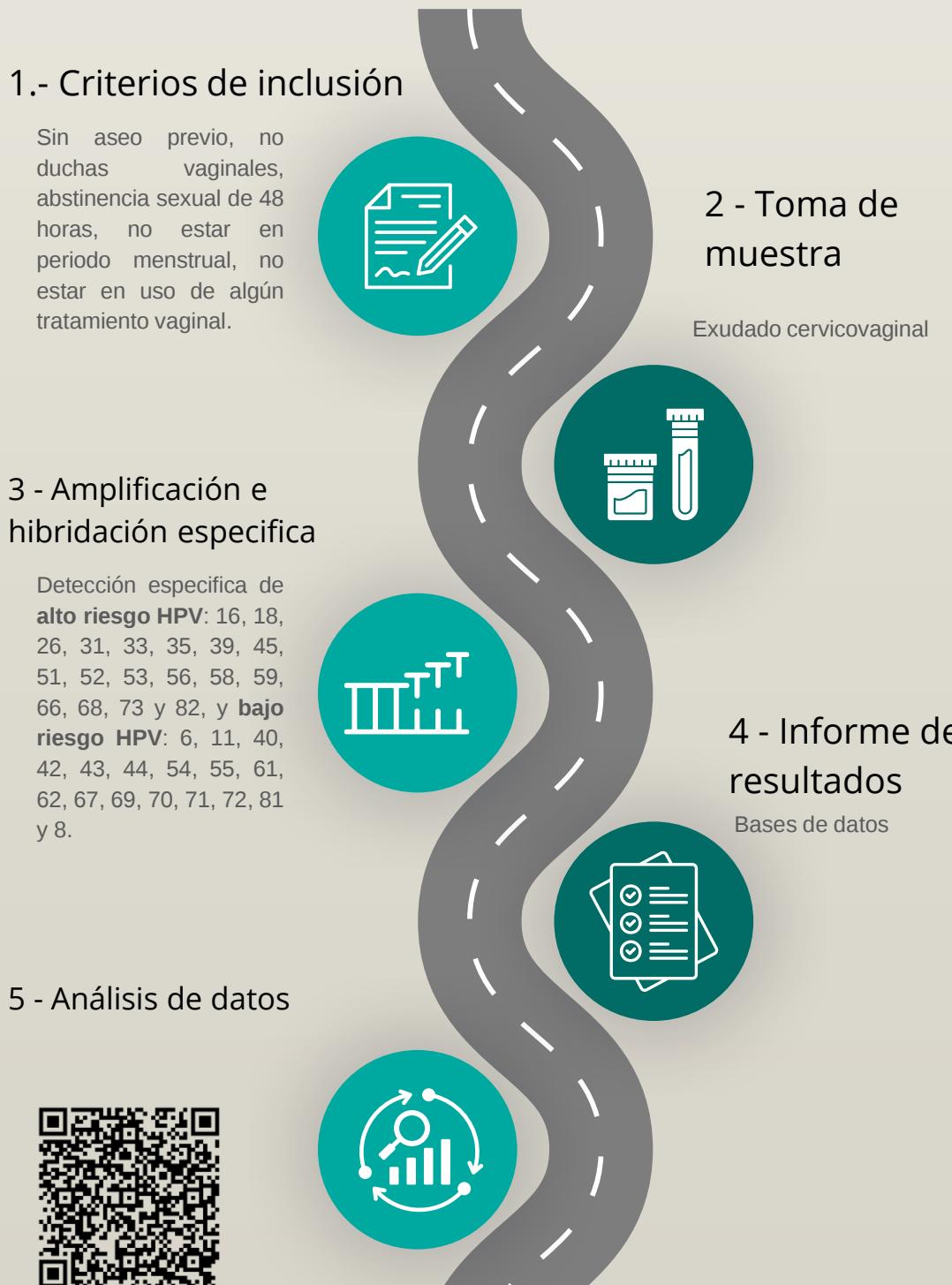
Identificar la prevalencia de genotipos de alto riesgo (HR) y bajo riesgo (LR) del virus del papiloma humano (VPH) en mujeres atendidas en una institución privada del Bajío mediante técnicas moleculares.

Introducción:

El VPH es la infección más común del tracto reproductivo; la mayoría son asintomáticas y se resuelven espontáneamente en ~2 años (80%) a 4 años (90%). Existen >200 genotipos y ~40 se transmiten sexualmente: los de alto riesgo, los cuales pueden presentar un proceso carcinogénico que puede tardar hasta 15 años, mientras que los de bajo riesgo se asocian sobre todo con verrugas genitales o papilomatosis respiratoria. El genotipado es clave para diferenciar riesgo, orientar el pronóstico y los estudios epidemiológicos. En un estudio del centro de México (2019), el genotipo más prevalente fue el VPH 51, seguido del VPH 16.

Material y métodos:

Estudio transversal, observacional y retrospectivo (N=191 mujeres de 18-62 años) periodo de estudio: 01/01/2024 al 31/12/2024.



Resultados

Top 5 genotipos con mayor prevalencia
(n= 191 muestras)

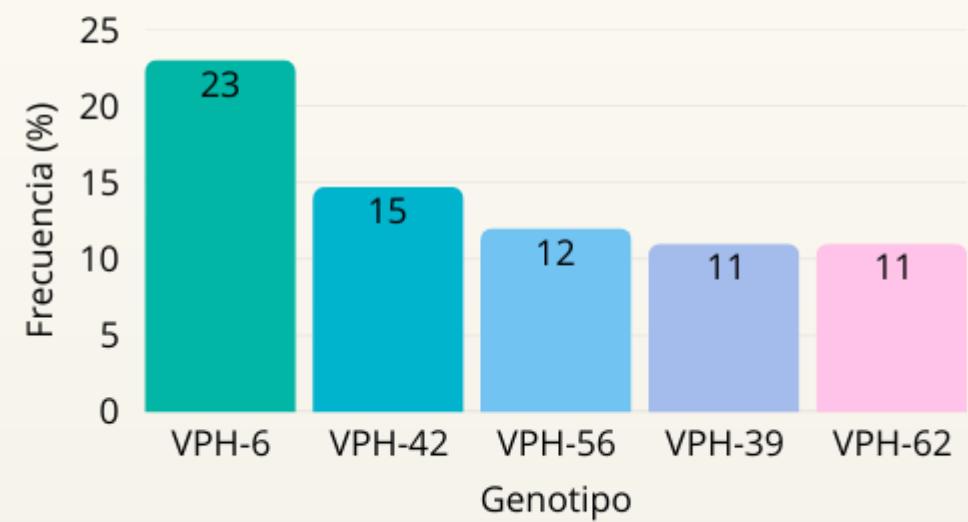


Figura 1. Top 5 genotipos por muestra. Prevalencia: VPH-6 23.0% (44), VPH-42 15% (28), VPH-56 12.0% (23), VPH-39 11.0% (21) y VPH-62 11.0% (21). Las proporciones se estimaron como x/n; IC95% por método de Wilson (z=1.96).

Coinfección en muestras positivas



Figura 2. Coinfección (≥2 genotipos): 18.9% (36); sin coinfección: 81.1% (155). Proporciones calculadas como x/n; IC95% (Wilson).

Proporción de detecciones de VPH de alto y bajo riesgo (N = 415 detecciones)

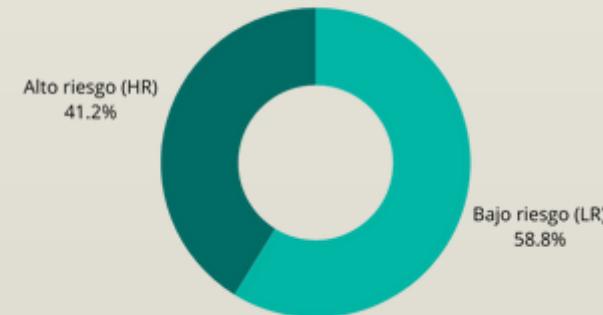


Figura 3. Alto riesgo (HR): 41.2% (171/415); bajo riesgo (LR): 58.8% (244/415). Nota: porcentajes por detección, no por muestra; en coinfecciones una muestra puede aportar >1 detección. IC95% (Wilson).

Conclusiones

En esta cohorte, los genotipos VPH-6, 42, 56, 39 y 62 concentraron la mayor prevalencia por muestra y ~1 de cada 5-6 muestras positivas presentaron coinfección. Aunque los LR fueron más frecuentes por detección, la diferencia con respecto a los HR fue solo del 17.6%, lo que respalda el tamizaje molecular y el genotipado con técnicas robustas para prevención y manejo oportuno. Los hallazgos deben interpretarse junto con la evaluación citológica/histológica y las guías vigentes.