

Genotipificación del virus del papiloma humano y tipos de lesiones de cuello uterino en un hospital público de Durán

Genotyping of the human papillomavirus and types of cervix lesions in a public hospital in Durán.

- 1 Marieta Stefania Moreira Pincay  <https://orcid.org/0009-0006-3044-7681>
Médico, Facultad de Ciencias Médicas, Universidad de Guayaquil.
Máster en Seguridad y Salud Ocupacional, Universidad Tecnológica Empresarial de Guayaquil.
Facultad de Posgrado, Universidad Tecnológica Empresarial de Guayaquil, Ecuador.
marymoreira13@hotmail.es
- 2 Eric Gonzalo Baldeón Miranda  <https://orcid.org/0009-0005-9569-9305>
Médico, Facultad de Ciencias Médicas, Universidad de Guayaquil.
ericgbm95@gmail.com
- 3 Ana Belén Arpi Alcívar  <https://orcid.org/0000-0002-9213-1571>
Médico Cirujano, Escuela de Medicina, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Técnica de Manabí, Ecuador.
anabel19952009@hotmail.com
- 4 Julexy Loor Zambrano  <https://orcid.org/0009-0002-2079-3434>
Médico Cirujano, Escuela de Medicina, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Técnica de Manabí, Ecuador. Médico Residente de Ginecología y Obstetricia, Hospital Básico Clínica García, Portoviejo, Manabí, Ecuador
jloor7730@gmail.com
- 5 Rebeka Soasty Vera  <https://orcid.org/0009-0007-9839-4675>
Médico Cirujano, Escuela de Medicina, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Técnica de Manabí, Ecuador. Maestrante en Docencia en Ciencias de la Salud, Facultad de Posgrado, Universidad San Gregorio de Portoviejo, Ecuador.
rebedo11@hotmail.com



Artículo de Investigación Científica y Tecnológica

Enviado: 19/06/2023

Revisado: 16/07/2023

Aceptado: 15/08/2023

Publicado: 15/09/2023

DOI: <https://doi.org/10.33262/anatomiadigital.v6i3.3.2682>

Cítese:

Moreira Pincay, M. S., Baldeón Miranda, E. G., Arpi Alcívar, A. B., Loor Zambrano, J., & Soasty Vera, R. (2023). Genotipificación del virus del papiloma humano y tipos de lesiones de cuello uterino en un hospital público de Durán. *Anatomía Digital*, 6(3.3), 26-41. <https://doi.org/10.33262/anatomiadigital.v6i3.3.2682>



ANATOMÍA DIGITAL, es una Revista Electrónica, Trimestral, que se publicará en soporte electrónico tiene como misión contribuir a la formación de profesionales competentes con visión humanística y crítica que sean capaces de exponer sus resultados investigativos y científicos en la misma medida que se promueva mediante su intervención cambios positivos en la sociedad. <https://anatomiadigital.org>

La revista es editada por la Editorial Ciencia Digital (Editorial de prestigio registrada en la Cámara Ecuatoriana de Libro con No de Afiliación 663) www.celibro.org.ec

Esta revista está protegida bajo una licencia Creative Commons Atribución-NoComercial-CompartirIgual 4.0 International. Copia de la licencia: <https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/deed.es>

Palabras claves:

virus del papiloma humano, carcinoma in situ, displasia del cuello del útero.

Keywords:

human papillomavirus viruses, carcinoma in situ, displacement of the cervix.

Resumen

Introducción: actualmente una de las principales enfermedades que afecta a la población femenina a nivel mundial es el cáncer cervicouterino, donde el virus de papiloma humano (VPH) juega un papel central siendo una de las causas primarias que desencadenan esta patología. A pesar de que una cierta cantidad de mujeres cursa la enfermedad de forma asintomática e incluso pueden presentar citologías normales, es por medio del estudio genético de este virus que se determina el genotipo viral, así como los riesgos para desarrollar lesiones neoplásicas. **Método:** el presente estudio es cuantitativo, retrospectivo, transversal retrospectivo, diseño no experimental, método observacional, analítico y correlacional, cuyo objetivo fue establecer la correlación entre el genotipo viral del VPH con las lesiones intraepiteliales en cuello uterino en mujeres atendidas en la consulta externa de Ginecología del Hospital Básico Durán, en el periodo de enero del 2018 a octubre del 2021 con examen de citología cervical y genotipificación del VPH. **Resultados:** el trabajo incluyó a 100 pacientes que cumplieron con los criterios de selección, de las cuales el 55% fueron casos positivos y 45% casos negativos, de este porcentaje positivo los genotipos prevalentes fueron el 16 (14%), 51, 42 (8%), 35 y 54 (6%). Además, la citología reveló una mayor incidencia de lesiones intraepiteliales de bajo grado (53%) y lesiones intraepiteliales de alto grado (19%) donde los principales genotipos que afectaban a estas mujeres eran los de alto riesgo en ambas clasificaciones. **Conclusiones:** la genotipificación del VPH desempeña un rol muy importante para la orientación del médico con respecto a la evolución clínica de las pacientes, así como para un adecuado manejo de la enfermedad.

Abstract

Introduction: currently one of the main diseases that affects the female population worldwide is cervical cancer, where the human papillomavirus (HPV) plays a central role, being one of the primary causes that trigger this pathology. Despite the fact that a certain number of women have the disease asymptotically and may even present normal cytologies, it is through the genetic study of this virus that the viral genotype is determined, as well as the risks of developing neoplastic lesions.

Method: the present study is quantitative, retrospective, retrospective cross-sectional, non-experimental design, observational, analytical and correlational method, whose objective was to establish the correlation between the HPV viral genotype with intraepithelial lesions in the cervix in women treated in the outpatient clinic. of Gynecology of the Durán Basic Hospital, in the period from January 2018 to October 2021 with cervical cytology examination and HPV genotyping. **Results:** the work included 100 patients who met the selection criteria, of which 55% were positive cases and 45% negative cases, of this positive percentage the prevalent genotypes were 16 (14%), 51, 42 (8%), 35 and 54 (6%). In addition, cytology revealed a higher incidence of low-grade intraepithelial lesions (53%) and high-grade intraepithelial lesions (19%) where the main genotypes affecting these women were high-risk in both classifications. **Conclusions:** HPV genotyping plays a very important role in guiding the physician regarding the clinical evolution of patients, as well as for proper management of the disease.

Introducción

El VPH es un grupo de virus que pertenecen a la familia Papillomaviridae, una familia con una tendencia marcada al tropismo sobre epitelios. Son virus de 55 nanómetros, no encapsulados, con simetría icosaédrica de doble cadena circular de ácido desoxirribonucleico. Dada su estrecha relación con el cáncer de cérvix, el VPH ha sido dividido según sus propiedades oncogénicas en dos grupos muy bien delimitados, los de alto riesgo, que incluyen los VPH 16 y 18, responsables del 70% de los casos de cáncer cervical invasor, y los de bajo riesgo, que ocasionan lesiones benignas como los condilomas acuminados. Sin embargo, en la última década se ha logrado incorporar a los VPH 26, 53 y 66 a un tercer grupo, los serotipos de posibles alto riesgo (1).

A pesar de ser conocidos desde la antigüedad, la familia Papillomaviridae empezó a ser descrita a finales del siglo 20. Actualmente, se ha logrado identificar aproximadamente 200 tipos del VPH, y de estos apenas el 20% presentan capacidad para colonizar el tracto genital y asociación con lesiones premalignas y carcinoma cervical, siendo el tipo 16 el más implicado. Sin embargo, el serotipo 52 es el más frecuente junto al serotipo 16 en la población femenina ecuatoriana (1). Aspectos socioculturales como inicio de relaciones

sexuales a temprana edad, multiparidad y promiscuidad sexual, encabezan la lista de los factores de riesgo en países de bajos ingresos.

El 90% de las infecciones por VPH son controladas por el sistema inmune. Los genotipos de VPH de bajo riesgo se asocian a lesiones benignas en piel y mucosa, especialmente las verrugas vulgares y condilomas. Sin embargo, los tipos de alto riesgo pueden llegar a evolucionar a cáncer cervical, vaginal, vulva, pene y orofaringe. Sin embargo, la historia natural de la infección por VPH de alto riesgo y el prolongado lapso en que ocurre su progresión, permite la prevención de la enfermedad, mediante detecciones eficaces con pruebas moleculares que representan una mayor efectividad como prueba de tamización a comparación de las pruebas convencionales de citología que se siguen usando en países de bajos ingresos (1).

La infección por el virus del papiloma humano es la principal enfermedad prevenible que afecta la salud de la población femenina, considerada mundialmente como problema de salud por su alta tasa de mortalidad al asociarse con el cáncer cervicouterino. Sin importar consideraciones socioculturales, el virus del papiloma humano afecta a toda la población mundial; sin embargo, existen consideraciones económicas que repercuten en la toma de decisiones preventivas en casa país. Razón por la cual, países de bajos ingresos presentan más casos de infección por VPH y mortalidad por cáncer de cuello uterino (1).

Los países con bajos ingresos presentan limitaciones tanto de acceso a servicios médicos como de capacidad de reportar estudios significativos que influyan a la hora tomar nuevas medidas preventivas primarias y secundarias a nivel mundial, que no hayan sido observadas en países de altos ingresos por realidades socioeconómicas distintas. Bajo este contexto, se entiende la limitada información que aporta América latina y nuestro país en la siguiente revisión histórica de investigaciones sobre el VPH, en el que se incluyen solo aportes significativos relacionados con la genotipificación (1).

El primer registro de descripción de verrugas se encuentra en los escritos “De Medicina” de Celso en el primer siglo D.C. Posteriormente en 1793, Bell reconoció que no estaban relacionadas con sífilis. El origen del VPH era desconocido, su origen viral lo postuló Giuseppe Ciuffo en 1907 y Strauss en 1949 identificó al virus. Barret afirma su transmisión sexual en 1954. Domenio Rigoni-Stern realiza un aporte correlacionado con este tema, menciona que la transmisión sexual es un factor de riesgo para CaCu en 1842 (2).

En la década de los 70 Harald zur Hausen menciona que el cáncer de cérvix era producido por un virus de transmisión sexual. Una década posterior, en 1983 identifica la cepa 16 y 18 (3)

En la actualidad el continente asiático aporta con numerosos estudios de cribado poblacional para el estudio del VPH a nivel mundial. Se destaca el estudio realizado en la provincia de Shaanxi, en el oeste de China. Aquel estudio reportó una infección de VPH del 28% en una muestra de 17.341 participante. Además, se describió una afinidad marcada por el genotipo 16 que se correlaciono positivamente con lesiones cervicales de mayor gravedad (4)

En el 2018, Yung Taek Ouh y colaboradores realizaron un estudio retrospectivo aplicado a 18.170 mujeres en Corea del Sur, de las cuales el 12.4% presentaron genotipos de VPH de alto riesgo. El VPH 16 fue el más común en los casos de LIE de alto grado y el VPH 53 fue el más común en el grupo con citología normal (5).

España y Latinoamérica también aportan al análisis del VPH con algunos estudios amplios de tamizaje en todo su territorio. En el año 2017, un programa español de cribado poblacional reportó un total de 120.326 muestras de frotis de cérvix con un 14.65% de detección positiva para VPH. El 63,6% de la población con VPH positivo presentó genotipos considerados de alto riesgo, mientras que el 23.8% de la muestra presentó genotipos de bajo riesgo. Finalmente, el estudio determinó que el 12,6% del total de positivos, mostraron una coinfección de genotipos de bajo y alto riesgo (6)

En Brasil en un estudio transversal que incluyó a 395 mujeres, se detectó infección por VPH en el 12,6% (50/395) de la población. Las infecciones por tipos de VPH de alto riesgo fueron más frecuentes. Genotipos 68 (26,0%); 58 y 52 (20,0%); 31 (10,0%) y 62 (8,0%) fueron los más prevalentes (7).

El estudio realizado por Pablo Romero Morelos y colaboradores, en el que se utilizaron 150 muestras de mujeres mexicanas con lesiones de tipo LIE de bajo y alto grado, logró identificar 16 genotipos diferentes de VPH. Además, el estudio evidenció un predominio de infecciones múltiples donde el genotipo más involucrado fue el VPH 16 en el 34% de las muestras, seguido del VPH 52 con el 21% de los casos (8).

En el 2015, Silva y colaboradores, aportó a la región con un estudio poblacional de una de las ciudades más pobladas de Ecuador. Dicho estudio reporta que los genotipos de alto riesgo 16 y 52, son los más frecuentes en la ciudad de Guayaquil. Sin embargo, últimos reportes de estudios realizados en la región litoral del país, donde se incluye la ciudad de Guayaquil, mencionan un predominio del VPH 58 en lesiones cervicales (9).

En 2018, Carrero Yenddy publica un estudio transversal sobre infección por VPH con correlación clínica de lesiones en 189 mujeres de la región altoandina del Ecuador. Dicho estudio describe que el 10,5% de la muestra presentó infección por VPH con una asociación significativa a infección con la flora bacteriana (10).

Metodología

Se trata de un estudio cuantitativo, no experimental, transversal y retrospectivo que tiene por objeto establecer la correlación entre el genotipo viral del VPH con las lesiones intraepiteliales en cuello uterino en mujeres atendidas en la consulta externa de Ginecología del Hospital Básico Durán, en el periodo de enero del 2018 a octubre del 2021 con examen de citología cervical y genotipificación del VPH.

Para el desarrollo del trabajo se contó con la aprobación de comité de bioética y autorización de la casa de salud de Durán – sistema AS400 – incluyendo información del periodo enero 2018 a octubre 2021.

Se abordó el historial clínico de 100 pacientes, que cumplieron los criterios de inclusión: mayor de 25 años atendidas en el establecimiento de salud, historia clínica completa, examen de genotipificación, citología vaginal PAP. Se excluyó a mujeres menores de 25 años, historias clínicas incompletas y ausencia de genotipificación y citología vaginal.

Se consideró como variable dependiente la presencia de lesiones en cuello uterino, las cuales según su tipo se categorizaron como: lesiones de bajo grado (LBG) y lesiones de alto grado (LAG) según sus características clínicas, agregando la ausencia de lesiones.

Como variable independiente se estableció la tipificación del VPH que de acuerdo con su genotipo puede ser de alto riesgo oncogénico (VPH-AR) posible alto riesgo oncogénico (VPH-PAR) y bajo riesgo (VPH-BR).

Como variables intervinientes se incluyeron los factores de riesgos asociados, entre ellos: el grupo etario dividido en tres grupos, mujeres 20-35; 36-45; >46 años; estado civil (soltero, casado, divorciada, viuda, unión libre); edad de inicio de la actividad sexual apartados por rangos de edades <20, de 20-35 y >35 años; número de parejas sexuales; lugar de procedencia (urbana, rural y urbana marginal); nivel educativo (sin instrucción, primaria, secundaria y tercer nivel); antecedentes de enfermedad de transmisión sexual; estado inmunológico dividido en inmunocompetente o inmunocomprometido

Al finalizar la recolección de la información, seguido del ingreso en la base de datos, se continuó con el respectivo análisis estadístico mediante el uso del programa Microsoft Excel para calcular frecuencias absolutas y relativas; es decir, un análisis univariado, ya que se realizó el estudio individual de cada variable. Además, el uso del programa SPSS versión 22 para realizar análisis de estadísticas bivariada, investigando la influencia de la variable independiente con respecto a la variable dependiente con la prueba de Chi-cuadrado para determinar la correlación entre las variables antes mencionadas.

Resultados

En la tabla 1 observamos que la muestra total fue de 100 mujeres a las que se les había realizado citología vaginal y genotipificación del VPH, de las cuales el 55% resultó positivo en la detección del VPH por medio de la técnica de RT-PCR, frente a un 45% de la muestra que arrojó resultados negativos. Del 55% con resultados positivos el grupo etario con mayor afectación fueron las mujeres mayores de 46 años, con un 27%

Tabla 1. Análisis cruzado entre grupo etario y diagnóstico genotípico del VPH por RT-PCR

		GRUPO ETARIO						Total	
		20-35	%	36-45	%	>46	%		
DIAGNOSTICO POR RT-PCR	NEGATIVO	5	5%	16	16%	24	24%	45	45%
	POSITIVO	12	12%	16	16%	27	27%	55	55%
Total		17	17%	32	32%	51	51%	100	100%

Fuente: departamento de estadística del HBD, enero 2018 – octubre 2021.

Elaborado por: Equipo investigador.

En la tabla 2 se observa que el total de la población en estudio con genotipificación positiva fue del 55% de las cuáles el 62% (34 pacientes) se habían infectado por un solo genotipo, donde predomina el VPH-AR tipo 51 con una tasa del 9% (5 pacientes). Seguido por el tipo16 dentro de la misma clasificación, junto con el VPH-BR tipo 6 con la misma tasa de incidencia del 7% (4 pacientes). El resto de la población positiva, es decir, el 38% (21 pacientes) estaban infectadas por más de un espécimen de VPH, donde cada paciente presenta entre 2 a 5 tipos virales a la vez, cada una representa una tasa de infección del 2% completando así un total de 38% de pacientes con coinfección.

Tabla 2. Identificación del genotipo viral del HPV.

INFECCION UNICA				COINFECCION			
TIPO VPH	FRECUENCIA	%	CLASIFICACION	TIPOS VPH	FRECUENCIA	%	CLASIFICACION
16	4	7%	VPH-AR	16-42-58	1	2%	VPH-AR
18	2	4%	VPH-AR	31, 73	1	2%	VPH-AR
33	1	2%	VPH-AR	16, 31	1	2%	VPH-AR
35	3	5%	VPH-AR	16,42	1	2%	VPH-AR
58	2	4%	VPH-AR	35,43	1	2%	VPH-AR
51	5	9%	VPH-AR	39,68,54	1	2%	VPH-AR
56	1	2%	VPH-AR	45, 56, 31	1	2%	VPH-AR
66	1	2%	VPH-PAR	66, 51, 16, 35, 61	1	2%	VPH-AR
69	1	2%	VPH-PAR	31, 40	1	2%	VPH-AR
53	1	2%	VPH-PAR	16,43,6	1	2%	VPH-AR

Tabla 2. Identificación del genotipo viral del HPV. (continuación)

INFECCION UNICA				COINFECCION			
TIPO VPH	FRECUENCIA	%	CLASIFICACION	TIPOS VPH	FRECUENCIA	%	CLASIFICACION
6	4	7%	VPH-BR	16,52,42	1	2%	VPH-AR
61	2	4%	VPH-BR	51,18, 68, 70	1	2%	VPH-AR
70	2	4%	VPH-BR	58, 73	1	2%	VPH-AR
42	3	5%	VPH-BR	59, 39, 40	1	2%	VPH-AR
54	2	4%	VPH-BR	66, 39, 6	1	2%	VPH-AR
				16,69	1	2%	VPH-AR
				45,68,70	1	2%	VPH-AR
				16-53-54	1	2%	VPH-AR
				18, 69, 6	1	2%	VPH-AR
				66, 42, 53	1	2%	VPH-AR
				54,61	1	2%	VPH-BR
TOTAL	34	62%			21	38%	55

Fuente: departamento de estadística del HBD, enero 2018 – octubre 2021.

Elaborado por: Equipo investigador.

La tabla 3 muestra el análisis de la información disponible de forma individual donde se encontró que de toda la población en estudio se aislaron un total de 23 genotipos diferentes que afectan en distintas proporciones a las mujeres procedentes del cantón Duran, el genotipo que más prevalece es el tipo 16 con una tasa de incidencia del 14%.

Tabla 3. Prevalencia del genotipo viral del VPH

PREVALENCIA DEL GENOTIPO INDIVIDUAL				
TIPO	FRECUENCIA	CLASIFICACION	%	
6	4	PVH-BR	5%	
16	12	PVH-AR	14%	
18	4	PVH-AR	5%	
31	4	PVH-AR	5%	
33	1	PVH-AR	1%	
35	5	PVH-AR	6%	
39	3	PVH-AR	3%	
40	2	PVH-AR	2%	
42	7	PVH-BR	8%	
43	2	PVH-AR	2%	
45	2	PVH-AR	2%	
51	7	PVH-AR	8%	
52	1	PVH-AR	1%	
53	3	PVH-PAR	3%	
54	5	VPH-BR	6%	

Tabla 3. Prevalencia del genotipo viral del VPH (continuación)

PREVALENCIA DEL GENOTIPO INDIVIDUAL			
TIPO	FRECUENCIA	CLASIFICACION	%
56	2	VPH-AR	2%
58	4	VPH-AR	5%
59	1	PVH-AR	1%
61	4	VPH-BR	5%
66	4	VPH-PAR	5%
69	3	VPH-PAR	3%
70	4	VPH-BR	5%
73	2	PVH-AR	2%
TOTAL	86		100%

Fuente: departamento de estadística del HBD, enero 2018 – octubre 2021.

Elaborado por: Equipo investigador.

En la tabla 4 encontramos que del 100% de la población en estudio el 37% de la muestra demostró una prevalencia de genotipos de alto riesgo de los cuales, el 18% estaban presentes en mujeres con LIEBG, el 17% de estas mujeres tenían una LIEAG a diferencia de un 2% que no demostró variación patológica en la citología cervical.

Tabla 4. Análisis cruzado entre clasificación de VPH. Y grado de lesión cervical

		LESION CERVICAL						TOTAL	%
		LIEAG	%	LIEBG	%	SIN LESION	%		
CLASIFICACION DEL VPH	AUSENTE	0	0%	27	27%	18	18%	45	45%
	VPH-AR	17	17%	18	18%	2	2%	37	37%
	VPH-BR	1	1%	5	5%	8	8%	14	14%
	VPH-PAR	1	1%	3	3%	0	0%	4	4%
Total		19	19%	53	53%	28	28%	100	100%

Fuente: departamento de estadística del HBD, enero 2018 – octubre 2021.

Elaborado por: Equipo investigador.

Tabla 5. Análisis cruzado entre el genotipo viral del VPH con el grado de lesión cervical

		TIPO DE LESION CERVICAL							
		LIEAG	%	LIEBG	%	SIN LESION	%	Total	%
GENOTIPO VPH	6	0	0%	1	1%	3	3%	4	5%
	16	9	10%	3	3%	0	0%	12	14%
	18	2	2%	2	2%	0	0%	4	5%
	31	0	0%	3	3%	1	1%	4	5%
	33	0	0%	1	1%	0	0%	1	1%
	35	3	3%	2	2%	0	0%	5	6%

Tabla 5. Análisis cruzado entre el genotipo viral del VPH con el grado de lesión cervical (continuación)

	TIPO DE LESION CERVICAL								
	LIEAG	%	LIEBG	%	SIN LESION	%	Total	%	
	39	1	1%	2	2%	0	0%	3	3%
	40	1	1%	0	0%	1	1%	2	2%
	42	4	5%	3	3%	0	0%	7	8%
	43	1	1%	1	1%	0	0%	2	2%
	45	0	0%	2	2%	0	0%	2	2%
	51	4	5%	3	3%	0	0%	7	8%
	52	1	1%	0	0%	0	0%	1	1%
	53	2	2%	1	1%	0	0%	3	3%
GENOTIPO VPH	54	2	2%	1	1%	2	2%	5	6%
	56	0	0%	2	2%	0	0%	2	2%
	58	2	2%	2	2%	0	0%	4	5%
	59	1	1%	0	0%	0	0%	1	1%
	61	1	1%	1	1%	2	2%	4	5%
	66	2	2%	2	2%	0	0%	4	5%
	69	1	1%	2	2%	0	0%	3	3%
	70	1	1%	1	1%	2	2%	4	5%
	73	0	0%	2	2%	0	0%	2	2%
Total	38	44%	37	43%	11	13%	86	100%	

Fuente: departamento de estadística del HBD, enero 2018 – octubre 2021.

Elaborado por: Equipo investigador.

La tabla 5 ha sido realizada individualizando cada genotipo aislado, indiferentemente de si estuvo presente como monoinfección o coinfección. De tal forma que se detectaron 23 genotipos diferentes, siendo el VPH 16 el genotipo más frecuente (14%) de este valor el 10% se encontró en LIEAG y el 3% en LIBG, el segundo genotipo que más se ha diferenciado en esta población atañe a los tipos 42 y 51 con un 8%, de igual forma presentes en un 5% en LIEAG y en un 3% en LIBG.

Tabla 6. Análisis cruzado entre el número de parejas sexuales y clasificación del VPH

		PAREJAS SEXUALES										Total	%
		1	%	2	%	3	%	4	%	6	%		
	AUSENTE	8	8%	21	21%	14	14%	2	2%	0	0%	45	45%
CLASIFICACION DEL VPH	VPH-AR	7	7%	15	15%	13	13%	1	1%	1	1%	37	37%
	VPH-BR	4	4%	5	5%	5	5%	0	0%	0	0%	14	14%
	VPH-PAR	2	2%	1	1%	1	1%	0	0%	0	0%	4	4%
Total		21	21%	42	42%	33	33%	3	3%	1	1%	100	100%

Fuente: departamento de estadística del HBD, enero 2018 – octubre 2021.

Elaborado por: Equipo investigador.

Vemos en la tabla 6 que del 100% de la población afectada, las mujeres que tenían antecedentes de dos parejas sexuales son las que presentaron un mayor índice de infección (42%) de la muestra y de este total, el 15% de las pacientes se infectó por VPH-AR.

Tabla 7. Análisis cruzado entre el nivel educativo con diagnóstico de HPV por RT-PCR

		NIVEL EDUCATIVO						Total	
		P	%	S	%	TN	%		
DIAGNOSTICO POR RT-PCR	NEGATIVO	19	19%	6	6%	20	20%	45	45%
	POSITIVO	25	25%	13	13%	17	17%	55	55%
Total		44	44%	19	19%	37	37%	100	100%

Fuente: departamento de estadística del HBD, enero 2018 – octubre 2021.

Elaborado por: Equipo investigador.

Dentro de la correlación del nivel educativo con el índice de infección de VPH, el 44% corresponde a mujeres que tienen un nivel de instrucción básico o primario, de este valor el 25% tuvieron resultados positivos para VPH, como se expone en la tabla 7.

Tabla 8. Análisis cruzado entre la clasificación del HPV con la edad de inicio de la actividad sexual.

		CLASIFICACION DEL VPH								Total	
		AUSENTE	%	VPH-AR	%	VPH-BR	%	VPH-PAR	%		
GRUPO ETARIO	<20	43	43%	34	34%	11	11%	4	4%	92	92%
DE INICIO DE ACT.SEXUAL	20-35	2	2%	3	3%	3	3%	0	0%	8	8%
Total		45	45%	37	37%	14	14%	4	4%	100	100%

Fuente: departamento de estadística del HBD, enero 2018 – octubre 2021.

Elaborado por: Equipo investigador.

Como se observa en la tabla 8, respecto al grupo de estudio se encontró que el 92% de la población inició su actividad sexual antes de los 20 años, tienen mayor índice de contagios por VPH. El 34% presentaba infección por VPH-AR.

Discusión

El presente estudio estuvo enfocado en el análisis de los genotipos de VPH presentes en una delimitada población femenina del cantón Durán, de la provincia del Guayas, aportando con este estudio datos actualizados referentes a la infección por este agente viral.

Silva y Mejía, en el 2018, de acuerdo con publicaciones realizadas en el Ecuador, referían de forma simultánea la prevalencia de los genotipos 16, 52 y 58, presentes en las principales ciudades del país (9), que coincide parcialmente con los resultados obtenidos

en el presente estudio, donde se determinó la prevalencia del genotipo 16, seguido del genotipo 51 y 42.

Pablo Romero, en el 2017, en el estudio realizado en México, encontró que en mujeres con LIE de bajo y alto grado el genotipo más involucrado fue el VPH 16 en el 34% de la muestra de estudio (8). Dato que coincide con los hallazgos identificados en este trabajo investigativo donde el genotipo 16 también prevalece en lesiones intraepiteliales de alto y bajo riesgo.

En el artículo realizado por Yung Taek Ouh (5), en el 2018, en Corea del Sur, el resultado fue el mismo, donde el VPH 16 fue el más común en los casos de LIE de alto grado y el VPH 53 fue el más común en el grupo con citología normal . Información que coincide con respecto al genotipo 16, sin embargo, en la citología normal el genotipo prevalente fue el VPH 6.

Un Estudio realizado por Yang J, y col, en China, en el 2020, demostró que independientemente de la edad todas las mujeres estudiadas por infección de VPH tenían una alta tasa de infección (11). A diferencia de este estudio en que la mayor tasa de infección se presentó en mujeres mayores de 46 años. En cuanto al nivel de educación refería mayor riesgo de infección por VPH-AR en los niveles de educación primaria o básica (11). Dato que coincide con los resultados de este trabajo, donde se observa que la mayor tasa de infección la poseen mujeres con educación primaria, con un total del 25% de la población positiva.

De igual manera la edad de inicio de la actividad sexual también está relacionada con la infección por VPH. En China en el estudio antes mencionado, encontraron que las mujeres que comenzaron su actividad sexual antes de los 23 años tuvieron el mayor riesgo de infección por VPH-AR (11), concordante con los datos encontrados en el actual estudio, donde se comprobó que aquellas mujeres con una vida sexual iniciada antes de los 20 años conformaron la población más afectada con una mayor tasa de infección por un VPH-AR.

La Dra. Cuesta y col, en el año 2020, realizado en Venezuela, señala que los factores significativamente asociados a infección por VPH fueron: mujeres menores de 35 años que tenían más de una pareja sexual (12). El estudio actual concuerda con la relación entre el VPH y el número de parejas sexuales, pues se determinó mayor riesgo de infección por VPH para aquellas mujeres con más de dos parejas sexuales en comparación con la población monogámica y difiere en cuanto al rango de edad de presentación de este tipo de infección.

Conclusión

- Se establece una correlación entre el genotipo viral del VPH y las lesiones intraepiteliales en el cérvix de mujeres atendidas en la consulta externa de Ginecología del Hospital Básico Durán (IESS), en el período enero 2018 - octubre 2021. Se obtuvo una prevalencia del 55% de positividad para infección por VPH con un predominio del genotipo 16 en un 14% de las muestras positivas para VPH.
- Al realizar el análisis de las lesiones presentes en la población de estudio, el 53% presentó lesiones de bajo grado (LIE-BG) en el que los genotipos 16, 31, 42 y 51 estuvieron presentes en el 3% de la muestra. La genotipificación muestra la prevalencia del genotipo 16 en lesiones intraepiteliales de alto grado (LIE-AG), estando presente en un 10% de la población que presentó este tipo de lesiones. Las coinfecciones estuvieron presentes en el 38% de la muestra y se observó una correlación entre las coinfecciones y la aparición de lesiones de alto riesgo.
- La infección por el virus de papiloma humano, sujeto de estudio en el presente trabajo, se encontró estrechamente relacionado con la presencia de varios factores de riesgo que aumentan la probabilidad de su contagio, entre ellos la relación existente entre el número de parejas sexuales con la incidencia de infección por VPH de alto riesgo. De igual manera, el nivel educativo se presenta como un factor influyente para predisponer la infección, siendo el 25% de la población positiva para VPH aquellas mujeres con tan solo instrucción básica. La edad es otro elemento crucial de esta patología, la población más afectada fueron las mujeres mayores de 46 años, lo que también aumentan los riesgos y se suma a una mayor predisposición para padecer cáncer cervical.

Referencias bibliográficas

1. Moya-Salazar JJ, Rojas-Zumaran V. Tendencias en la investigación del virus de papiloma humano en Latinoamérica frente a los países de altos ingresos. Rev Colomb Obstet Ginecol [Internet]. 2017 Sep 29;68(3):202. Available from: <https://revista.fecolsog.org/index.php/rcog/article/view/2679>
2. Alfredo R, Zelada-valdés A, Alfredo R. La pandemia subvalorada del siglo XXI: el virus del papiloma humano. Su repercusión en la patología del cáncer cervicouterino. Rev CENIC Ciencias Biológicas [Internet]. 2013;44(2). Available from: <https://www.redalyc.org/pdf/1812/181227534004.pdf>
3. Solano Mora A, Solano Castillo A, Gamboa Ellis C. Actualización de prevención y detección de cáncer de cérvix. Rev Medica Sinerg [Internet]. 2020 Mar 1;5(3):e395. Available from: <https://revistamedicasinergia.com/index.php/rms/article/view/395>

4. Li J, Gao J-J, Li N, Wang Y-W. Distribution of human papillomavirus genotypes in western China and their association with cervical cancer and precancerous lesions. *Arch Virol* [Internet]. 2021 Mar 24;166(3):853–62. Available from: <http://link.springer.com/10.1007/s00705-021-04960-z>
5. Ouh Y-T, Min K-J, Cho HW, Ki M, Oh J-K, Shin SY, et al. Prevalence of human papillomavirus genotypes and precancerous cervical lesions in a screening population in the Republic of Korea, 2014–2016. *J Gynecol Oncol* [Internet]. 2018;29(1). Available from: <https://ejgo.org/DOIx.php?id=10.3802/jgo.2018.29.e14>
6. Garcia S, Dominguez-Gil M, Gayete J, Rojo S, Muñoz JL, Salas JS, et al. Prevalencia de virus del papiloma humano en mujeres Españolas de un programa de cribado poblacional. *Rev Esp Quimioter* [Internet]. 2017;30(3):177–82. Available from: <https://medes.com/publication/122549>
7. Nascimento M do DSB, Vidal FCB, Silva MACN da, Batista JE, Lacerda Barbosa M do C, Muniz Filho WE, et al. Prevalence of human papillomavirus infection among women from quilombo communities in northeastern Brazil. *BMC Womens Health* [Internet]. 2018 Dec 2;18(1):1. Available from: <https://bmcwomenshealth.biomedcentral.com/articles/10.1186/s12905-017-0499-3>
8. Romero Morelos P, Uribe Jiménez A, Bandala C, Poot Vélez A, Ornelas Corral N, Rodríguez Esquivel M, et al. Genotipificación del virus del papiloma humano en un grupo de mujeres mexicanas atendidas en un hospital de alta especialidad: las infecciones múltiples y su potencial trascendencia en el esquema actual de vacunación. *Med Clín* [Internet]. 2017;149(7):287–92. Available from: <https://pesquisa.bvsalud.org/portal/resource/pt/ibc-166744>
9. Rivera A, De la Plata J, Montiel M, Romero C, Pidedrahíta P, Sánchez E, et al. Estudios sobre el virus del papiloma humano (VPH) en el Ecuador, parte I. *Rev científica INSPILIP* [Internet]. 2018;2(1):1–22. Available from: <https://www.inspilip.gob.ec/wp-content/uploads/2019/04/Estudios-sobre-el-virus-del-papiloma-humano-VPH-en-el-Ecuador-parte-I.pdf>
10. Carrero Y, Proaño-Pérez E, Vásquez F, Armijos A, Viteri-Robayo C, Zavala-Calahorrano A. Infección por VPH y su correlación clínica en población indígena de la región altoandina del Ecuador. *Kamera* [Internet]. 2018;46(2):152–8. Available from: <https://www.redalyc.org/articulo.oa?id=373061528006>
11. Yang J, Wang W, Wang Z, Wang Z, Wang Y, Wang J, et al. Prevalence, genotype distribution and risk factors of cervical HPV infection in Yangqu,

China: a population-based survey of 10086 women. Hum Vaccin Immunother [Internet]. 2020 Jul 2;16(7):1645–52. Available from: <https://www.tandfonline.com/doi/full/10.1080/21645515.2019.1689743>

12. Cuesta Herrera L, Torres Mantilla HA, Quintero Vega M, Borges Peña R, Cruz Gómez JF. Asociación entre infección por VPH, presencia de lesiones intraepiteliales en cuello uterino y factores de riesgo. Rev Obstet Ginecol Venez [Internet]. 2020;80(4):322–31. Available from: http://saber.ucv.ve/ojs/index.php/rev_ogv/article/view/20468

Conflicto de intereses

Los autores declaran no ser poseer conflictos de intereses que comprometan total o parcialmente los resultados del presente trabajo ni su publicación.

Declaración de contribución de los autores

MSMP y EBM concibieron la idea de investigación, delimitaron el problema y realizaron la búsqueda no sistemática para construir base de datos de artículos.

ABAA y JLZ realizaron la toma de la muestra y desarrollaron el primer borrador con supervisión de RSV.

RSV realizó el análisis estadístico y correcciones al primer borrador.

MSMP, EBM y RSV aprobaron el borrador final y su envío.

El artículo que se publica es de exclusiva responsabilidad de los autores y no necesariamente reflejan el pensamiento de la **Revista Anatomía Digital**.



El artículo queda en propiedad de la revista y, por tanto, su publicación parcial y/o total en otro medio tiene que ser autorizado por el director de la **Revista Anatomía Digital**.



Indexaciones

