

# DETECCIÓN DE GENOTIPOS DE ALTO RIESGO DE HPV. RESULTADOS PRELIMINARES

García-Mayorgas AD, Gutiérrez JB, Casal M [micrangel@yahoo.es](mailto:micrangel@yahoo.es)

Hospital Universitario Reina Sofía, Servicio de Microbiología

**Introducción:** El cribado del cáncer cervical se lleva a cabo actualmente mediante la búsqueda de células anormales en extensiones cervicales (citología cervical o Papanicolau). Sin embargo, la sensibilidad de la citología cervical para la detección de lesiones cancerosas y precancerosas es baja, siendo necesarias varias rondas de cribado para alcanzar una efectividad programada.

Es reconocido que virtualmente todos los episodios de cáncer cervical se relacionan causalmente con infecciones por Papilomavirus Humanos de genotipos oncogénicos.

Hay evidencias actualmente de que la búsqueda de HPV oncogénico es más sensible y tiene un valor predictivo negativo mayor para CIN2 o CIN2+ comparado con la citología cervical, a costa de una pequeña pérdida de especificidad y valor predictivo positivo.

**Objetivos, material y métodos:** A principios de agosto comenzamos en nuestro laboratorio la detección de genotipos de alto riesgo de HPV. En el presente trabajo ofrecemos los resultados preliminares obtenidos hasta el momento.

Se practicó el cribado mediante LINEAR ARRAY HPV Genotyping (Roche) y, en aquellas muestras con cribado positivo, se llevó a cabo la determinación de genotipos mediante AMPLICOR HPV Test (Roche).

**Resultados:** Tras estudiar 35 muestras de exudado endocervical, los resultados obtenidos fueron:

- En 18 muestras no se detectaron genotipos de alto riesgo.
- En una muestra el cribado fue positivo pero no se pudo determinar el genotipo (posiblemente por baja carga viral, ya que la sensibilidad de la técnica de cribado es mayor que la del genotipado).
- En 16 muestras se detectaron uno o más genotipos de alto riesgo

Los genotipos de alto riesgo detectados fueron:

Genotipo 16 (en 6 muestras), 73 (en 4 muestras), 31 (en 3 muestras), genotipos 18, 39, 56 y 68 (en 2 muestras cada uno) y genotipos 33 y 58 (en una muestra cada uno). De ellos, los genotipos 18, 33, 58 y 68 siempre se hallaron en coinfección con alguno de los otros, mientras que los restantes (16, 31, 39, 56 y 73) aparecieron tanto en combinaciones como en solitario.

## Conclusiones

- Vemos que en nuestro medio sigue siendo el genotipo 16 el más frecuente entre los de alto riesgo.
- Hemos obtenido un porcentaje alto de genotipos de alto riesgo (45.7%) entre las muestras estudiadas, con lo que vemos que es interesante realizar esta prueba a pacientes seleccionados.

**Palabras clave:** HPV, cáncer de cervix, genotipos