

XXV Reunión Sociedad Ginecológica Murciana Cartagena



Prevalencia de Coinfecciones de VPH de alto riesgo

Garvía Morcillo, J.1; Álvarez Fernández, L.1; Beltrán Sánchez, A.1; Talens Orts P.1; Maqueda Martínez, IM.1; Ferrández Martínez, M.1; Martínez Pérez, B.1, Lara-Peñaranda, R.1
1Servicio de Obstetricia y Ginecología de Hospital General Universitario Santa Lucía

INTRODUCCIÓN El cáncer de cérvix (CCU) causó, en el 2018, 311.000 muertes en todo el mundo. La infección del VPH es un proceso necesario para el desarrollo de estos tumores. Entre el 20,4%-56,3% de las mujeres infectadas por VPH están simultáneamente infectada por múltiples genotipos de VPH pero se desconoce su implicación clínica. La combinación más frecuente es la coinfección de VPH 16/18.

MATERIAL Y MÉTODOS Se han realizado determinaciones de genotipo de VPH a 2328 pacientes entre 2011 y 2016. Todas las muestras fueron obtenidas en población con alteración citológica que eran derivadas a una consulta especializada de ginecología. Solamente se han tenido en cuenta los resultados positivos para genotipos de VPH de alto riesgo para evaluar la prevalencia de infecciones simultáneas.

RESULTADOS De nuestras 2328 pacientes, 789 (33,9%) presentaron una coinfección a diferentes VPH_AR. La combinación más frecuentes fue la del VPH 16/18, estando presentes en el 65,52% (517 pacientes) de todas las coinfecciones. En la tabla 1 se muestra la prevalencia de coinfecciones en los genotipos de alto riesgo más frecuentes.

Prevalencia de Coinfecciones

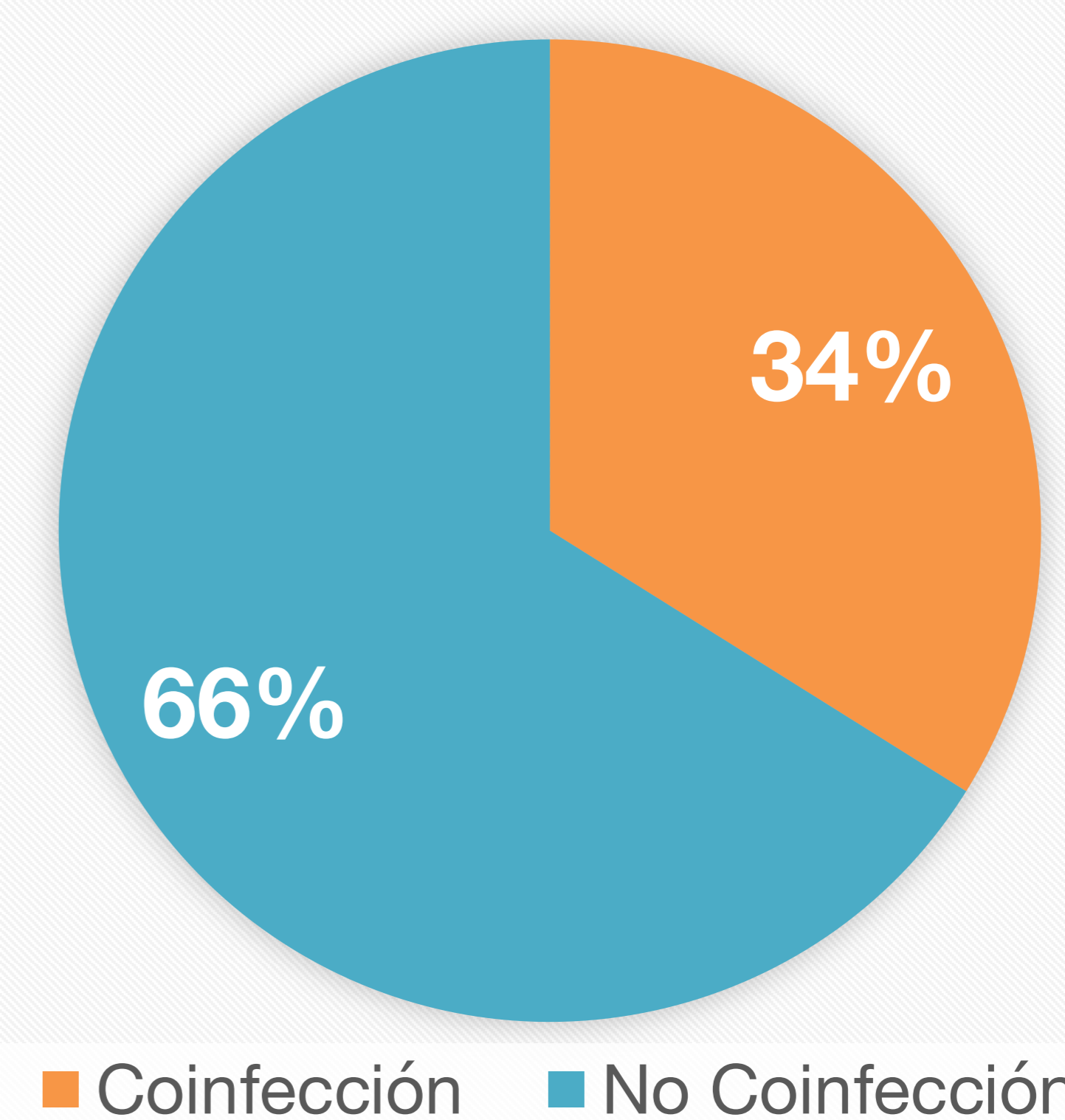


Gráfico 1. Prevalencia de coinfecciones de VPH de alto riesgo en el Área II de Murcia (Cartagena).

Prevalencia de los serotipos más frecuentes y su coinfección

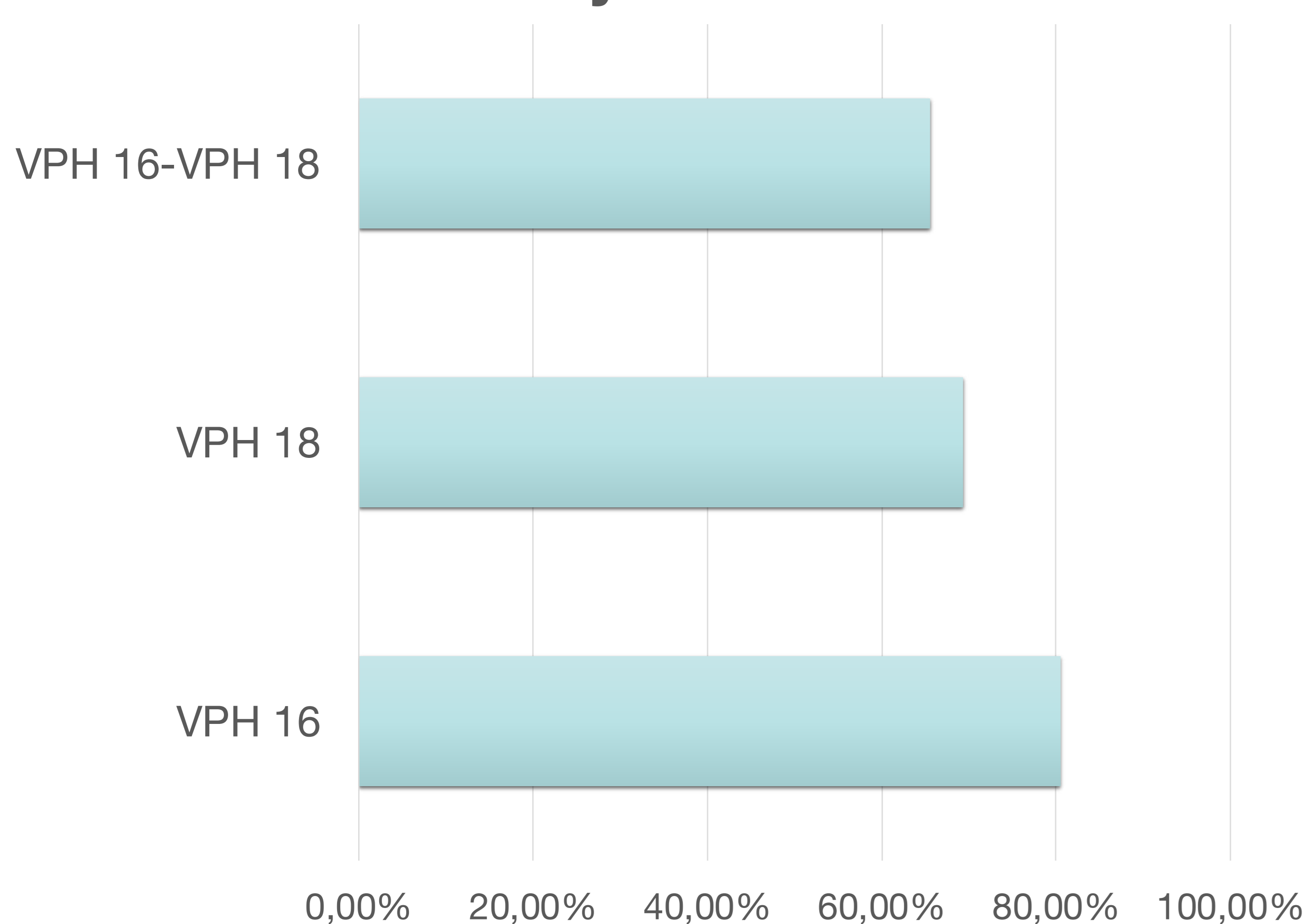


Gráfico 2. Prevalencia de la infección de VPH 16 y VPH18, de forma individual y simultánea.

Genotipo	Nº Casos	Infección Individual	Coinfección (%)	Especie
18	565	17	548 (97%)	A7
16	735	102	633 (86,1%)	A9
39	30	13	17 (56,7%)	A7
33	49	26	23 (47%)	A9
31	94	48	46 (48,4%)	A9
35	76	18	58 (76,31%)	A9
45	23	10	13 (56,52%)	A7
51	76	30	46 (60,52%)	A5
52	101	32	71 (70,29%)	A9
56	49	27	24 (48,97%)	A6
58	60	34	28 (46,66%)	A9
59	87	21	67 (77,01%)	A7
66	69	38	33 (47,82%)	A6
68	26	4	24 (92,30%)	A7

Tabla 1. Prevalencia de las coinfecciones en los diferentes genotipos de VPH de alto riesgo.

DISCUSIÓN Y CONCLUSIONES El efecto de las infecciones por múltiples serotipos de VPH es controvertido. Mientras que algunos autores sugieren que esta combinación podría provocar un aumento de la incidencia de lesiones intraepiteliales de alto grado o carcinoma invasivo, otros no han encontrado diferencias significativas. La combinación de VPH 16/18 es la más común asociada a cáncer cervical, pero se desconoce si la coinfección con otros serotipos de VPH podría aumentar o disminuir el riesgo oncogénico. Se necesitan más estudios que permitan esclarecer estos hallazgos y su significación clínica.

BIBLIOGRAFÍA 1. F. Bray, J. Ferlay, I. Soerjomataram, R.L. Siegel, L.A. Torre, A. Jemal, Global cancer statistics 2018: GLOBOCAN estimates of incidence and mortality worldwide for 36 cancers in 185 countries, CA Cancer J Clin 68 (2018) 394e424. 2. F. Carozzi, G. Ronco, A. Gillio-Tos, L. De Marco, A. Del Mistro, S. Girlando, et al., Concurrent infections with multiple human papillomavirus (HPV) types in the New Technologies for Cervical Cancer (NTCC) screening study, Eur J Cancer 48 (2012) 1633e1637. 3. A. Carrillo-García, S. Ponce-de-Leon-Rosales, D. Cantu-de-Leon, V. Fragos-Ontiveros, I. Martínez-Ramírez, A. Orozco-Colin, et al., Impact of human papillomavirus coinfections on the risk of high-grade squamous intraepithelial lesion and cervical cancer, Gynecol. Oncol. 134 (2014) 534e539. 4. S. de Sanjose, W.G. Quint, L. Alemany, D.T. Geraets, J.E. Klaustermeier, B. Lloveras, et al., Human papillomavirus genotype attribution in invasive cervical cancer: a retrospective cross-sectional worldwide study, Lancet Oncol. 11 (2010) 1048e1056.