



**UNIVERSIDAD NACIONAL
PEDRO RUIZ GALLO
FACULTAD DE CIENCIAS
BIOLÓGICAS**



DEPARTAMENTO ACADÉMICO DE BIOLOGÍA

TESIS

**Frecuencia de genotipos del Virus del Papiloma Humano y su asociación
con características clínicas en pacientes atendidas en “Genética Lab
S.A.C.”, Chiclayo, enero 2022 – agosto 2024**

Para optar el Título Profesional de Licenciado en Ciencias Biológicas –
Biología

Autores:

Rodas Vargas Tomás Antonio.

Dávila Cueva Keizo Jean Piero.

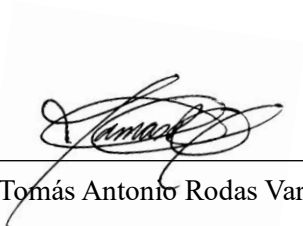
Asesor:

MSc. Suclupe Farro Erick Giancarlo.

Lambayeque, Perú

22 de julio de 2026

Frecuencia de genotipos del Virus del Papiloma Humano y su asociación con características clínicas en pacientes atendidas en “Genética Lab S.A.C.”, Chiclayo, enero 2022 – agosto 2024



Bach. Tomás Antonio Rodas Vargas
Autor



Bach. Keizo Jean Piero Dávila Cueva
Autor

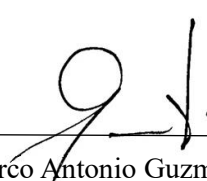
TESIS

Para optar el Título Profesional de Licenciado en Ciencias Biológicas – Biología

Aprobado por:



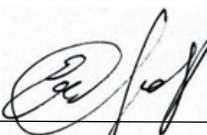
Dr. Pedro Jorge Chimoy Effio
Presidente



Dr. Marco Antonio Guzmán Tello
Secretario



MSc. Roberto Ventura flores
Vocal



MSc. Suclupe Farro Erick Giancarlo
Asesor



UNIVERSIDAD NACIONAL PEDRO RUIZ GALLO
FACULTAD DE CIENCIAS BIOLÓGICAS
UNIDAD DE INVESTIGACIÓN



ACTA DE SUSTENTACIÓN DE TESIS N° 44-2026 / FCCBB-UI

Siendo las 09:30 horas del día 22 de julio de 2026, en la Sala de Sesiones - Sustentaciones de la Facultad de Ciencias Biológicas se reunieron los miembros del Jurado designado mediante **Resolución N° 426-2025-FCCBB/D de fecha 04 de setiembre de 2025 y aprobado mediante Resolución N° 124-2026-FCCBB/D de fecha 25 de marzo de 2026**, conformado por:

Dr. Pedro Jorge Chimoy Effio-Presidente
Dr. Marco Antonio Guzmán Tello- Secretario
Mg. Roberto Ventura Flores- Vocal
Mg. Erick Giancarlo Suclupe Farro- Asesor

con la finalidad de evaluar la sustentación de tesis titulada: **Frecuencia de Genotipos del Virus del Papiloma Humano y su asociación con características clínicas en pacientes atendidas en "Genética Lab S.A.C.", Chiclayo, enero 2022 – agosto 2024**, a cargo de los Bachilleres **KEIZO JEAN PIERO DÁVILA CUEVA y TOMÁS ANTONIO RODAS VARGAS**.

Sustentación autorizada mediante **RESOLUCIÓN N° 233-2026-FCCBB-D Lambayeque, 10 de julio de 2026** la misma que tuvo una duración de 30 minutos y luego de absueltas las preguntas y observaciones de los miembros del jurado; se procedió a la calificación respectiva, obteniendo 16 puntos que equivale al calificativo de BUENO.

Por lo que los sustentantes quedan **APTOS** para obtener el Título Profesional de **Licenciado en Ciencias Biológicas - Biología** de acuerdo con la Ley Universitaria 30220 y la normatividad vigente de la Facultad de Ciencias Biológicas y la Universidad Nacional Pedro Ruiz Gallo.

Siendo las 10:30 horas se dio por concluido el presente acto académico, dándose conformidad al presente acto, con la firma de los miembros del jurado.

Dr. Pedro Jorge Chimoy Effio
Presidente

Dr. Marco Antonio Guzmán Tello
Secretario

Mg. Roberto Ventura Flores
Vocal

Mg. Erick Giancarlo Suclupe Farro
Asesor

CONSTANCIA DE VERIFICACIÓN DE ORIGINALIDAD

Yo, MSc. Erick Giancarlo Suclupe Farro; usuario revisor del informe de tesis titulado: “Frecuencia de genotipos del Virus del Papiloma Humano y su asociación con características clínicas en pacientes atendidas en “Genética Lab S.A.C.”, Chiclayo, enero 2022 – agosto 2024”. Cuyos autores son, Bach. Tomás Antonio Rodas Vargas con DNI: 72212898 y Bach. Keizo Jean Piero Dávila Cueva con DNI: 76021325; declaro que la evaluación realizada por el Programa informático, ha arrojado un porcentaje de similitud de 14%, verificable en el Resumen de Reporte automatizado de similitudes que se acompaña.

Los suscritos analizaron dicho reporte y concluyeron que cada una de las coincidencias detectadas dentro del porcentaje de similitud permitido no constituyen plagio y que el documento cumple con la integridad científica y con las normas para el uso de citas y referencias establecida en los protocolos respectivos.

Se cumple con adjuntar el Recibo Digital a efectos de la trazabilidad respectiva del proceso.

Lambayeque, 5 de agosto de 2026.



MSc. Erick Giancarlo Suclupe Farro

DNI: 44137703

ASESOR

Frecuencia de genotipos del Virus del Papiloma Humano y su asociación con características clínicas en pacientes atendidas en “Genética Lab S.A.C.”, Chiclayo, enero 2022 – agosto 2024

INFORME DE ORIGINALIDAD

14%	14%	6%	5%
INDICE DE SIMILITUD	FUENTES DE INTERNET	PUBLICACIONES	TRABAJOS DEL ESTUDIANTE

FUENTES PRIMARIAS

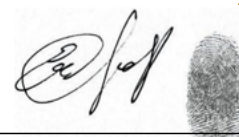
1	repositorio.unprg.edu.pe	2%
	Fuente de Internet	
2	hdl.handle.net	1%
	Fuente de Internet	
3	uees.edu.ec	<1%
	Fuente de Internet	
4	repositorio.unj.edu.pe	<1%
	Fuente de Internet	
5	www.grafiati.com	<1%
	Fuente de Internet	
6	cdigital.uv.mx	<1%
	Fuente de Internet	
7	repositorio.unapiquitos.edu.pe	<1%
	Fuente de Internet	
8	www.conacyt.gov.py	<1%
	Fuente de Internet	
9	digibug.ugr.es	<1%
	Fuente de Internet	
10	docplayer.es	<1%
	Fuente de Internet	
11	Submitted to Ilerna Online	<1%
	Trabajo del estudiante	
12	repositorioacademico.upc.edu.pe	<1%
	Fuente de Internet	
13	Submitted to Ilerna Online Blackboard	<1%
	Trabajo del estudiante	
14	worldwidescience.org	<1%
	Fuente de Internet	

www.seton.net

Ms.C. Suclupe Farro Erick Giancarlo
DNI: 44137703
Asesor

15	Fuente de Internet	<1 %
16	repositorioinstitucional.uabc.mx Fuente de Internet	<1 %
17	repositorioinstitucional.buap.mx Fuente de Internet	<1 %
18	repositorio.uta.edu.ec Fuente de Internet	<1 %
19	Submitted to Universidad de Guayaquil Trabajo del estudiante	<1 %
20	pt.scribd.com Fuente de Internet	<1 %
21	repositorio.unan.edu.ni Fuente de Internet	<1 %
22	repositorio.uas.edu.mx Fuente de Internet	<1 %
23	scielo.sld.cu Fuente de Internet	<1 %
24	www.ginecologia.cat Fuente de Internet	<1 %
25	www.scielosp.org Fuente de Internet	<1 %
26	ojs.unemi.edu.ec Fuente de Internet	<1 %
27	repositorio.uade.edu.ar Fuente de Internet	<1 %
28	revistaevascular.es Fuente de Internet	<1 %
29	Submitted to Universidad Autónoma de Nuevo León Trabajo del estudiante	<1 %
30	Ernesto Moro Rodríguez, Benjamín García Espinosa, Dolores Carneros, Emilio Álvarez Fernández. "Distribución de genotipos del virus del papiloma humano en una población de mujeres españolas no vacunadas con enfermedad de vulva y vagina", Revista Española de Patología, 2015 Publicación	<1 %

Submitted to Universidad Privada del Norte



Ms.C. Suclupe Farro Erick Giancarlo
DNI: 44137703
Asesor

31	Trabajo del estudiante	<1 %
32	www.slideshare.net Fuente de Internet	<1 %
33	encolombia.com Fuente de Internet	<1 %
34	libros.cidepro.org Fuente de Internet	<1 %
35	Submitted to Universidad Continental Trabajo del estudiante	<1 %
36	Submitted to Universidad Andina del Cusco Trabajo del estudiante	<1 %
37	periodicorease.pro.br Fuente de Internet	<1 %
38	www.cigna.com Fuente de Internet	<1 %
39	revista.sangregorio.edu.ec Fuente de Internet	<1 %
40	José Ortiz Segarra, Bernardo Vega Crespo, Alfredo Campoverde Cisneros, Katherine Salazar Torres et al. "Human Papillomavirus Prevalence and Associated Factors in Indigenous Women in Ecuador: A Cross-Sectional Analytical Study", Infectious Disease Reports, 2023 Publicación	<1 %
41	Submitted to Pontificia Universidad Catolica del Ecuador - PUCE Trabajo del estudiante	<1 %
42	dspace-uh-tmp.igniteonline.la Fuente de Internet	<1 %
43	Submitted to UNIBA Trabajo del estudiante	<1 %
44	antetrata.fun Fuente de Internet	<1 %
45	ri-ng.uaq.mx Fuente de Internet	<1 %
46	Submitted to Universidad Católica de Santa María Trabajo del estudiante	<1 %

cainfo.iaes.edu.ve

Ms.C. Suclupe Farro Erick Giancarlo
DNI: 44137703
Asesor

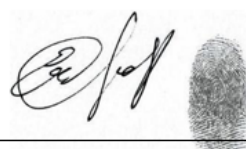
47	Fuente de Internet	<1 %
48	cihata.ucr.ac.cr Fuente de Internet	<1 %
49	1library.co Fuente de Internet	<1 %
50	dspace.uvaq.edu.mx:8080 Fuente de Internet	<1 %
51	es.scribd.com Fuente de Internet	<1 %
52	fr.slideshare.net Fuente de Internet	<1 %
53	www.arsmedica.cl Fuente de Internet	<1 %
54	www.inmp.gob.pe Fuente de Internet	<1 %
55	Erika Valtierra-Gutiérrez, Alejandro Mohar, Juan Alejandro Torres-Dominguez, Juan Enrique Bargalló-Rocha et al. "Psychosocial understanding of unmet needs in newly diagnosed breast cancer patients", Salud Pública de México, 2025 Publicación	<1 %
56	issuu.com Fuente de Internet	<1 %

Excluir citas
Excluir bibliografía

Activo
Activo

Excluir coincidencias

< 15 words



Ms.C. Suclupe Farro Erick Giancarlo
DNI: 44137703
Asesor



Recibo digital

Este recibo confirma que su trabajo ha sido recibido por **Turnitin**. A continuación podrá ver la información del recibo con respecto a su entrega.

La primera página de tus entregas se muestra abajo.

Autor de la entrega: Rodas Vargas Tomás Antonio Y Dávila Cueva Keizo Jean Piero
Título del ejercicio: Quick Submit
Título de la entrega: Frecuencia de genotipos del Virus del Papiloma Humano y su ...
Nombre del archivo: INFORME_FINAL_TESIS_D_VILA_CUEVA_Y_RODAS_VARGAS.pdf
Tamaño del archivo: 1.6M
Total páginas: 75
Total de palabras: 18,599
Total de caracteres: 97,567
Fecha de entrega: 05-ago-2026 11:33a. m. (UTC-0500)
Identificador de la entrega: 3008532809



UNIVERSIDAD NACIONAL
PEDRO RUIZ GALLO

FACULTAD DE CIENCIAS
BIOLÓGICAS

DEPARTAMENTO ACADÉMICO DE BIOLOGÍA

TESIS

Frecuencia de genotipos del Virus del Papiloma Humano y su asociación
con características clínicas en pacientes atendidas en "Genética Lab
S.A.C.", Chiclayo, enero 2022 – agosto 2024

Para optar el Título Profesional de Licenciado en Ciencias Biológicas –
Biología

Autores:

Rodas Vargas Tomás Antonio.
Dávila Cueva Keizo Jean Piero.

Asesor:

MSc. Suclupe Farro Erick Giancarlo.

Lambayeque, Perú

2026

Ms.C. Suclupe Farro Erick Giancarlo
DNI: 44137703
Asesor

DEDICATORIA

A Dios, por ser mi guía constante en la vida y por darme la sabiduría y serenidad necesarias para seguir adelante en este camino.

A mis amados padres, Magdalena y Eliseo, pilares fundamentales de mi vida y ejemplo de sacrificio y entrega. Gracias por enseñarme que los sueños se logran con perseverancia, humildad y coraje.

A mis queridos hermanos, Yerson, Yanet y Néstor, por su apoyo incondicional, sus palabras de aliento y por ser siempre mi refugio y mayor impulso en este camino.

Les dedico este trabajo con todo mi corazón y gratitud, pues en cada página se refleja un pedacito de todo lo que me han brindado. Le pido a Dios que me conceda vida para retribuirles con amor, respeto y agradecimiento todo lo que han hecho por mí.

Keizo J. P. Dávila Cueva

A mis padres, por creer en mí y ser el apoyo incondicional que me ha acompañado en cada etapa de mi vida, dándome la fuerza y motivación para seguir adelante.

A mis amigos, por su compañía sincera, su alegría y por haber convertido esta etapa en una experiencia profundamente significativa e inolvidable.

A todas aquellas personas que, de una u otra forma, contribuyeron con la realización de este trabajo, ya sea con consejos, sugerencias, una palabra de aliento o simplemente con su presencia en el momento oportuno.

Tomás A. Rodas Vargas.

AGRADECIMIENTOS

A Dios, por iluminar nuestro camino, fortalecernos en los momentos de dificultad y bendecirnos con la oportunidad de culminar esta meta tan significativa en nuestras vidas.

A nuestros padres, por su amor incondicional y apoyo constante a lo largo de todo este proceso. Gracias por cada sacrificio silencioso, por creer en nosotros incluso en los momentos de incertidumbre y por ser el motor que nos impulsa a superarnos cada día. Todo lo que somos y todo lo que aspiramos a ser lleva su huella. Este logro también les pertenece, con el profundo deseo de hacerlos sentir orgullosos.

Al Dr. Pedro Chimoy Effio, nuestro maestro, por su valiosa orientación y por ser un verdadero mentor en nuestra formación científica y profesional. Su ejemplo de dedicación, disciplina y amor por la ciencia nos ha enseñado no solo a formarnos como investigadores, sino también a crecer como personas íntegras y comprometidas con el bien.

A nuestro gran amigo José Carlos, por estar siempre presente cuando más lo necesitamos, por brindarnos la confianza y la determinación para iniciar este trabajo desde cero y seguir avanzando. Gracias por hacer más llevadero este proceso con tu alegría, tus ocurrencias y tu amistad sincera, fraterna y enriquecedora, la cual ha contribuido a nuestro crecimiento personal y profesional.

Al Lic. Javier Salazar, por abrirnos gentilmente las puertas de “Genética Lab S.A.C.” y permitirnos dar nuestros primeros pasos en el mundo de la investigación. Su apoyo y disposición fueron fundamentales para el desarrollo de este trabajo, al brindarnos la oportunidad de formar parte de un espacio que ha sido clave en nuestra formación académica y profesional.

A nuestro asesor, MSc. Erick Suclupe Farro, por su acompañamiento en cada etapa de este proceso, aun en la distancia, y por su disposición para guiarnos en la realización de esta nueva investigación. Su apoyo, paciencia y compromiso fueron fundamentales para que este proyecto pudiera concretarse con éxito.

A los miembros del jurado, por el tiempo dedicado a la revisión de este trabajo, así como por sus valiosas observaciones y sugerencias, las cuales han contribuido significativamente a mejorar su calidad en cada etapa de su desarrollo.

ÍNDICE GENERAL

CONSTANCIA DE VERIFICACIÓN DE ORIGINALIDAD	i
DEDICATORIA.....	iv
AGRADECIMIENTOS	v
ÍNDICE GENERAL.....	vi
ÍNDICE DE TABLAS.....	vii
ABSTRACT.....	ix
INTRODUCCIÓN	1
CAPÍTULO I. DISEÑO TEÓRICO	3
1.1. Antecedentes.....	3
1.2. Bases teóricas	11
1.3. Operacionalización o categorización de variables	21
CAPÍTULO II. DISEÑO METODOLÓGICO	22
2.1. Tipo y diseño de investigación	22
2.2. Población, muestra, muestreo y criterios de selección	22
2.3. Técnicas e instrumentos de recolección de datos	23
2.4. Aspectos éticos.....	26
CAPÍTULO III. RESULTADOS.....	27
CAPÍTULO IV. DISCUSIÓN.....	34
CONCLUSIONES.....	42
RECOMENDACIONES	43
REFERENCIAS.....	44
ANEXOS	55

ÍNDICE DE TABLAS

Tabla 1. Frecuencia de infección por VPH en las pacientes atendidas en el laboratorio “Genética Lab S.A.C.”, Chiclayo, enero 2022 – agosto 2024.....	27
Tabla 2. Frecuencia de genotipos de VPH en las pacientes atendidas en el laboratorio “Genética Lab S.A.C.”, Chiclayo, enero 2022 – agosto 2024	28
Tabla 3. Frecuencia de tipos de infección por VPH en las pacientes atendidas en el laboratorio “Genética Lab S.A.C.”, Chiclayo, enero 2022 – agosto 2024	28
Tabla 4. Frecuencia de grupos etarios en las pacientes atendidas en el laboratorio “Genética Lab S.A.C.”, Chiclayo, enero 2022 – agosto 2024.....	29
Tabla 5. Frecuencia de resultados de la prueba de Papanicolaou según la clasificación de Bethesda y de Papanicolaou en las pacientes atendidas en el laboratorio “Genética Lab S.A.C.”, Chiclayo, enero 2022 – agosto 2024.....	30
Tabla 6. Frecuencia de tipos de colpocervicitis en pacientes con resultado de Papanicolaou grado II, atendidas en el laboratorio “Genética Lab S.A.C.”, Chiclayo, enero 2022 – agosto 2024.....	32
Tabla 7. Asociación entre las variables de estudio mediante el Test Exacto de Fisher	33

RESUMEN

Introducción: La infección por el Virus del Papiloma Humano (VPH) es una de las enfermedades de transmisión sexual más frecuentes y constituye un factor de riesgo importante para el cáncer de cuello uterino. Estudios previos han demostrado que la infección por genotipos específicos del VPH se relaciona con características clínicas específicas, como la edad y el estado citológico cervical. **Objetivo:** Determinar la frecuencia de infección por genotipos del Virus de Papiloma Humano y su asociación con características clínicas en pacientes atendidas en el laboratorio “Genética Lab S.A.C.”, Chiclayo, enero de 2022 - agosto de 2024. **Materiales y métodos:** Estudio observacional, analítico, retrospectivo y de corte transversal. Se analizaron 148 registros de pacientes sometidas a genotipificación de VPH con resultados de Papanicolaou disponibles en la base de datos institucional. Se aplicó estadística descriptiva y el Test Exacto de Fisher mediante el software R versión 4.1.1. **Resultados:** La frecuencia de infección por VPH fue 42.6%. Los genotipos más frecuentes fueron VPH-33 (16.4%), VPH-53 (15.6%) y VPH-16 (13.9%). Las infecciones múltiples representaron el 61.9% de los casos positivos. El 99.3% presentó citología normal, predominando el PAP grado II (98.6%), y solo 0.7% mostró LSIL. No se evidenciaron asociaciones estadísticamente significativas entre infección por VPH, genotipos virales o tipo de infección con edad y resultados del Papanicolaou ($p>0.05$). **Conclusión:** En la población estudiada se observó una frecuencia elevada de infección por VPH, con predominio de infecciones múltiples y de los genotipos VPH-33, VPH-53 y VPH-16. No se encontró asociación significativa entre las variables analizadas.

Palabras clave: Virus del Papiloma Humano, Genotipo, Prueba de Papanicolaou, Cervicitis, Neoplasias del Cuello Uterino.

ABSTRACT

Introduction: Human Papillomavirus (HPV) infection is one of the most common sexually transmitted diseases and represents an important risk factor for cervical cancer. Previous studies have shown that infection with specific HPV genotypes is associated with particular clinical characteristics, such as age and cervical cytological status. **Objective:** To determine the frequency of infection by Human Papillomavirus genotypes and their association with clinical characteristics in patients attended at the “Genética Lab S.A.C.” laboratory, Chiclayo, from January 2022 to August 2024. **Materials and methods:** An observational, retrospective, analytical, and cross-sectional study was conducted. A total of 148 patient records who underwent HPV genotyping and had available Pap smear results in the institutional database were analyzed. Descriptive statistics and Fisher’s Exact Test were applied using R software version 4.1.1. **Results:** The frequency of HPV infection was 42.6%. The most frequent genotypes were HPV-33 (16.4%), HPV-53 (15.6%), and HPV-16 (13.9%). Multiple infections accounted for 61.9% of positive cases. Overall, 99.3% showed normal cytology, with Pap grade II (inflammatory) predominating (98.6%), and only 0.7% showed LSIL. No statistically significant associations were found between HPV infection, viral genotypes, or type of infection with age or Pap smear results ($p>0.05$). **Conclusion:** A high frequency of HPV infection was observed in the studied population, with predominance of multiple infections and HPV-33, HPV-53, and HPV-16 genotypes. No significant association was found between the analyzed variables.

Keywords: Human Papillomavirus, Genotype, Papanicolaou Test, Cervicitis, Uterine Cervical Neoplasms.

INTRODUCCIÓN

La infección por el Virus del Papiloma Humano (VPH) es una de las enfermedades de transmisión sexual más frecuentes en todo el mundo, y tanto hombres como mujeres tienen una alta probabilidad de infectarse al menos una vez en su vida (Kombe et al., 2020; Bruni et al., 2023). Aunque la mayoría de infecciones son transitorias y asintomáticas, algunos tipos de VPH poseen un alto potencial oncogénico en diferentes áreas del tracto genital, especialmente en el cuello uterino, donde casi la totalidad de casos anuales de este tipo de cáncer están vinculados a este virus (Wu et al., 2021). En términos de incidencia, las tasas de infección son más altas en las regiones en desarrollo (42,2%) que en las desarrolladas (22,6%), incluyendo América Latina (Kombe et al., 2020). En el Perú, el cáncer de cuello uterino continúa representando un importante problema de salud pública, asociado a la falta de acceso a programas de vacunación y a la escasa cobertura en pruebas de detección temprana y tratamiento, especialmente en zonas rurales (Stratton, 2019).

Se han reconocido alrededor de doscientos genotipos de VPH capaces de infectar al ser humano, de los cuales doce han mostrado una fuerte asociación con el desarrollo de neoplasias malignas y han sido clasificados como de alto riesgo oncogénico por la Agencia Internacional para la Investigación del Cáncer (IARC). Entre ellos se incluyen los genotipos VPH-16, 18, 31, 33, 35, 39, 45, 51, 52, 56, 58 y 59 (Araldi et al., 2018; De San José et al., 2018). Por otro lado, los genotipos considerados de bajo riesgo oncogénico, como el VPH-6 y 11, están principalmente asociados a la aparición de verrugas genitales, que corresponden a lesiones benignas frecuentes (Sendagorta et al., 2019). Entre los genotipos de alto riesgo, se han descrito patrones distintos de frecuencia según el estadio de la enfermedad, siendo los VPH-16, 18 y 45 más frecuentes en el cáncer de cuello uterino invasivo, mientras que los genotipos VPH-51, 52 y 31 predominan en lesiones precancerosas que en la etapa invasiva (Araldi et al., 2018; Sendagorta et al., 2019).

Del mismo modo, diversos estudios han evidenciado que la infección por genotipos específicos del VPH se asocia con características clínicas y demográficas específicas (Ding et al., 2023). En este sentido, se han descrito patrones de infección según la edad, con predominio de los genotipos de bajo riesgo, como VPH-6 y VPH-11, en mujeres menores de 25 años, mientras que en mayores de 35 años son más frecuentes los de alto riesgo, entre ellos VPH-16, 58, 52, 53 y 56 (Lin et al., 2022). Asimismo, ciertos genotipos se han relacionado con cambios citológicos atípicos específicos del cáncer de cuello uterino. En particular, se ha identificado una relación entre la presencia del VPH-18 y una mayor invasión estromal y compromiso de los ganglios linfáticos (Mkrtchian et al., 2024). De igual forma, la infección persistente por genotipos de alto riesgo suele estar asociada a cambios inflamatorios más severos en el tejido cervical (Alshammari et al., 2022; Han et al., 2021), mientras que, las infecciones múltiples, se han vinculado a una mayor gravedad del cuadro clínico, como lesiones más grandes y una mayor tasa de recurrencia posterior al tratamiento (Zhou et al., 2024; Luo et al., 2023).

A la luz de esta información, y considerando la relevancia del VPH como problema de salud pública, es imperativo advertir que en Lambayeque persiste una brecha informativa sobre la frecuencia de infección, los genotipos circulantes y la posible asociación de la infección con hallazgos clínicos y variables demográficas. Atendiendo esta problemática, el presente estudio tuvo como objetivo general determinar la frecuencia de infección por genotipos del Virus del Papiloma Humano (VPH) y su asociación con características clínicas en pacientes atendidas en el laboratorio “Genética Lab S.A.C.” de la ciudad de Chiclayo, durante enero de 2022 y agosto de 2024. Como objetivos específicos se plantearon: 1) Determinar la frecuencia de infección, genotipos y tipo de infección por VPH en las pacientes atendidas en el periodo señalado; 2) Describir las características clínicas de las pacientes atendidas en dicho laboratorio; y 3) Evaluar la asociación entre la infección por VPH, los genotipos, el tipo de infección y las características clínicas de las pacientes incluidas en el estudio.

CAPÍTULO I. DISEÑO TEÓRICO

1.1. Antecedentes

Hernández et al. (2020) determinaron la prevalencia de 24 genotipos de VPH en 1000 mujeres de Sonora mediante PCR-multiplex, correlacionando los resultados con hallazgos citológicos mediante la prueba de Papanicolaou y variables epidemiológicas. Los resultados mostraron una prevalencia global de VPH de 27.2%, con 68.01% de infecciones únicas y 31.99% de infecciones múltiples. La mayor frecuencia se observó entre 36 y 50 años ($n = 58$; 5.8%), seguida de los grupos de 41 a 45 años y 46 a 50 años, ambos con $n = 56$ (5.6%). Los genotipos más frecuentes fueron VPH-6 (8.5%), 31 (8.1%), 53 (4.4%), 16 (3.7%) y 33 (3.7%). Las anomalías citológicas se presentaron en 2.4% de las muestras, y en mujeres positivas para VPH de alto riesgo, las frecuencias de ASCUS, LSIL y HSIL fueron del 0.2%, 0.2% y 0.3%, respectivamente. Además, se observaron cambios celulares reactivos asociados con inflamación (RCCI) se observaron en 8.7% de infecciones simples y 4.8% de múltiples.

Tsedenbal et al. (2018) evaluaron los genotipos prevalentes del VPH y su asociación con la citología, así como con características demográficas y conductuales, en 100 mujeres con antecedentes de anomalía cervical en Mongolia. Se analizaron muestras de células exfoliadas mediante citología y genotipado con Roche Linear Array. En sus resultados detectaron 25 genotipos de VPH en el 47% de las participantes, siendo los más frecuentes VPH-16 (21%), 52 (14%), 58 (6%), 33 (6%) y 31 (5%). La citología mostró 59% de resultados normales, 12% ASC-US, 8% LSIL, 7% HSIL y 14% carcinoma de células escamosas (SCC). En cuanto a los genotipos del VPH asociados a los hallazgos citológicos, VPH-16 fue el genotipo más frecuente tanto en mujeres con citología normal como en aquellas con cáncer cervical, mientras que en LSIL y HSIL predominó el VPH-52. Además, las infecciones múltiples representaron 100% en LSIL y 66.7% en HSIL, superando a las infecciones únicas (33.3%).

Liu et al. (2021) investigaron la distribución de genotipos del VPH y su relación con la citología cervical en 4517 pacientes ambulatorias del oeste de China evaluadas entre enero de 2014 y diciembre de 2016. La prevalencia global de infección fue 24.1% (1089/4517), de las cuales 83.70% correspondieron a genotipos de alto riesgo. La mayor tasa se registró entre 35 y 44 años (38.4%; 438/1140), con predominio de VPH-52 (21.62%), 16 (20.43%) y 58 (17.58%). Le siguieron el grupo de 25 a 34 años (30.9%; 352/1140), con predominio de VPH-52 (24.78%), y el de 45 a 59 años (222/1140), donde predominó VPH-16 (24.76%). Asimismo, la citología detectó células anormales en 39.49% de las pacientes: ASC-US (54.88%), LSIL (35.12%), HSIL (14.65%) y AGC (4.88%). Las lesiones de bajo grado fueron más frecuentes entre 15 y 34 años y disminuyeron con la edad, mientras que HSIL aumentó progresivamente desde los 35 años. Además, se encontraron asociaciones significativas entre los genotipos VPH-52 y VPH-56 con LSIL, así como entre VPH-16, VPH-33 y VPH-58 con HSIL.

Al-Shammari et al. (2022) evaluaron los genotipos del VPH asociados con lesiones intraepiteliales cervicales en 300 mujeres sauditas sometidas a prueba de Papanicolaou entre mayo de 2020 y mayo de 2021. La infección por VPH se detectó en 4.7% de las pacientes, con mayor prevalencia entre 14 y 50 años (50%) y 51 a 60 años (35.7%). El mayor riesgo de infección se observó entre 40 y 50 años (OR = 3.0137; IC 95%; p = 0.0454). Los genotipos más frecuentes fueron VPH-16 (42.9%), 52 (21.4%), 58 (14.3%) y 33 (14.3%). En el grupo de 41 a 50 años, 71.4% de los casos positivos correspondieron a VPH-16; en el de 51 a 60 años, 40% a VPH-52 y 40% a VPH-33. observó atipia leve en casos positivos para VPH-18, 16 y 58; 66.7% de los casos con atipia moderada se asociaron a VPH-33. Un caso de atipia severa se relacionó con VPH-16 y otro con VPH-52. Además, hubo infiltración de células inflamatorias en 43% de los casos positivos, sin asociación significativa con VPH (p = 0.0817).

Luo et al. (2023) investigaron la prevalencia del VPH de alto riesgo (VPH-AR) y su relación con infecciones múltiples y lesiones cervicales en una población de 20052 mujeres chinas sometidas a tamizaje mediante la prueba citológica ThinPrep (TCT) y la detección de 15 genotipos de VPH-AR. La frecuencia de infección por VPH fue del 13.8% (2760/20052), siendo más prevalente en mujeres mayores de 60 años (23%), seguidas de los grupos de 56-60 (17.69%) y 51-55 años (15.03%). Los genotipos de alto riesgo más frecuentes fueron el VPH-52 (34.5%), VPH-58 (15.5%), VPH-16 (14.4%), VPH-51 (8.9%) y VPH-39 (8.5%). Además, el 19.5% de los casos positivos presentaron infecciones múltiples, mientras que el 80.5% correspondieron a infecciones únicas. En cuanto a los hallazgos citológicos, el VPH-16 predominó en pacientes con HSIL, mientras que el VPH-52 fue el más común en casos de LSIL y ASCUS.

Njue (2022) investigó la prevalencia del VPH, los genotipos presentes y los factores asociados con la neoplasia cervical en 317 mujeres de entre 18 y 46 años en Kenia. Las participantes fueron evaluadas mediante pruebas de ADN-VPH por PCR, citología de Papanicolaou, inspección visual con ácido acético (IVAA) y prueba de yodo de Lugol (VILLI), con confirmación diagnóstica por colposcopia y biopsia. Los hallazgos revelaron una prevalencia general de VPH del 26.5% (84/317), detectándose citología anormal en el 30.3% de los casos (96/317) mediante la prueba de Papanicolaou. Los genotipos de alto riesgo más frecuentes fueron el VPH16 (11.3%), el VPH66 (9.4%) y el VPH-53 (2.8%). Además, se identificó que la presencia de determinados genotipos de VPH varía según el grado de displasia cervical, identificándose el VPH-81 y el VPH-11 con mayor frecuencia en lesiones de bajo grado (CIN1), mientras que el VPH-16, VPH-66 y VPH-81 fueron más comunes en lesiones de alto grado (CIN2) y en casos de carcinoma invasivo.

Wang et al. (2012) realizaron un estudio poblacional en el noreste de China con 24,041 participantes entre 2007 y 2010, para determinar la prevalencia y persistencia de los genotipos del virus del papiloma humano (VPH). Los resultados revelaron que el 45.6% de las mujeres estaban infectadas con VPH, de las cuales el 17.35% presentó una infección persistente y el 28.25% una infección transitoria. Los genotipos de alto riesgo más comunes en infecciones persistentes fueron VPH-16 (18.21%), VPH-58 (13.2%), VPH-18 (8.66%), VPH-52 (7.06%) y VPH-33 (6.78%), encontrándose una asociación significativa entre la persistencia de estos genotipos y el desarrollo de lesiones cervicales. Entre las mujeres con positividad persistente al VPH (17,35 % del total), el 81,61% tenía un único genotipo de VPH, el 15,97% mostraba dos genotipos y el 1,96% tenía tres genotipos de VPH. Además, se observó que la persistencia de los genotipos VPH-58, VPH-33 y las infecciones múltiples estaban significativamente asociadas con una mayor edad, con todos los valores de $p < 0,05$.

Bedoya et al. (2022) analizaron la distribución de genotipos de VPH de alto riesgo (VPH-AR) e infecciones múltiples en 300 mujeres ecuatorianas con lesiones intraepiteliales y cáncer cervicouterino, mediante PCR anidada y el sistema ANYPLEX II VPH28. La infección por VPH se detectó en 92% de las participantes (276/300). Los genotipos de VPH-AR más frecuentes fueron VPH-58 (18.17%), 70 (8.64%), 53 (8.34%), 35 (7.45%), 16 (7.37%), 33 (6.55%), 31 (5.58%) y 18 (4.24%). Adicionalmente, se observó una elevada frecuencia de infecciones múltiples, identificadas en el 91.66 % de las muestras positivas (253/276), con hasta 13 genotipos en una misma paciente; la combinación de tres genotipos fue la más común (21.01%). En relación con las lesiones citológicas, VPH-61 se asoció con LSIL, mientras que VPH-16 se relacionó con HSIL y cáncer cervicouterino. Asimismo, las combinaciones VPH-16/58, 16/70, 58/70 y 16/58/70 se asociaron con HSIL. Para cáncer cervicouterino, VPH-16/31 mostró un riesgo hasta cinco veces mayor y VPH-16/58/70 hasta tres veces mayor.

Téllez et al. (2015) analizaron la asociación entre la infección por Virus del Papiloma Humano de Alto Riesgo Oncogénico (VPH-AR) y las lesiones cervicales en mujeres venezolanas mayores de 15 años, evaluando la persistencia de la infección, así como los cambios citológicos, colposcópicos e histopatológicos a lo largo del tiempo. Los resultados evidenciaron una prevalencia de infección por VPH del 37.4 % (153/409), de las cuales el 86 % correspondió a VPH-AR. Los genotipos predominantes fueron VPH-18 (46.64 %) y VPH-16 (34.28 %). Además, el 53.93 % de las infecciones fueron múltiples, siendo la combinación más frecuente VPH-16/18 (31.25 %), por lo que, el estudio destaca la elevada prevalencia de infecciones por VPH-AR, con predominio de los genotipos VPH-18 y VPH-16, y una alta frecuencia de infecciones múltiples.

Shen et al. (2023) evaluaron la prevalencia de infección por VPH y la distribución de genotipos en 47926 mujeres de 16 a 92 años atendidas entre noviembre de 2019 y junio de 2020 en el Hospital de Mujeres y Niños de la Universidad de Xiamen. Las muestras cervicales fueron analizadas mediante PCR convencional e hibridación específica. El estudio reveló una prevalencia general de VPH del 15.13 %. Las infecciones simples representaron 76.83%, las dobles 16.70% y las múltiples 6.47%. Los genotipos de alto riesgo más frecuentes fueron VPH-52 (2.69%), 58 (1.63%), 16 (1.23%), 51 (1.05%) y 39 (0.98%). Entre las infecciones dobles, la combinación más común fue VPH-52/58, mientras que la infección múltiple más compleja incluyó hasta 10 genotipos en una paciente. Estos hallazgos evidenciaron el predominio de infecciones simples y de los genotipos VPH-52 y 58 en esta población.

Blanco (2014) evaluó la frecuencia de genotipos de VPH en 34 biopsias cervicales del Hospital Dr. Max Peralta de Cartago, Costa Rica, durante 2013. En sus resultados observó que el genotipo más frecuente fue VPH-39 (53%), seguido de VPH-16 (35.3%) y VPH-18 (23.5%). El menos común fue VPH-35, presente en una muestra. En las lesiones de bajo grado

predominó VPH-18 (53%), mientras que en las de alto grado predominó VPH-39 (70%). El estudio también mostró que el 66.7% de las biopsias presentaron coinfecciones y 33.3% infecciones únicas. Las infecciones dobles representaron 12.1%, las triples 30.3%, y las de cuatro y cinco genotipos 12.1% cada una. La asociación más frecuente fue VPH-31/39/52/58 (14.7%), mientras que VPH-16 y 18 se observaron formando coinfecciones en el 26,5% y 20,5% de los casos, respectivamente.

Gallegos et al. (2017) evaluaron la prevalencia de infecciones simples y múltiples por genotipos de VPH, así como sus interacciones predominantes, en muestras de citología cervical de 1163 mujeres y 166 raspados uretrales de hombres de la Ciudad de México entre 2010 y 2012. Los hallazgos revelaron que el 36% de las mujeres analizadas eran positivas para VPH, siendo los genotipos más frecuentes VPH-51 (42%), 52 (38%), 16 (37%) y 33 (34%). Además, se observó una mayor prevalencia de infecciones múltiples (75.37%) en comparación con las infecciones únicas. Dentro de las infecciones múltiples, se observó una alta prevalencia de coinfecciones entre VPH-51/52 y otros genotipos, predominando con el genotipo VPH-16. Estos resultados resaltan que las infecciones múltiples son muy frecuentes en la población analizada, identificando la coinfección VPH 51/52 como la más común.

Zhou et al. (2024) analizaron la asociación entre edad, genotipos virales e infecciones múltiples por VPH en Shandong durante 2019 a 2021. El análisis de regresión logística mostró una relación significativa entre la edad y las infecciones múltiples (OR = 1.026; IC 95%: 1.02–1.04). Específicamente, el grupo de 21 a 25 años presentó las mayores tasas de infecciones duales (8.4%) y triples (9.2%), mientras que el de 26 a 30 años registró las menores frecuencias de infección dual (2.9%) y triple (2.9%). En contraste, el grupo de 56 a 60 años mostró incremento de infecciones duales (5.2%) y triples (3.0%). Además, la prueba de chi-cuadrado evidenció diferencias significativas frente a infecciones únicas entre los grupos de 21 a 25 años

y 31 a 35 años ($\chi^2 = 12.1$; $p = 0.001$), así como entre 56 a 60 años y 31 a 35 años ($\chi^2 = 4.8$; $p = 0.029$). La coinfección dual más frecuente fue VPH-52/58 (6.4%), seguida de VPH-52/16 (5.8%) y VPH-58/16 (4.9%).

Lin et al. (2022) analizaron la prevalencia y distribución de genotipos del VPH según la edad en 145918 mujeres no vacunadas del noroeste de China entre 2015 y 2020. Los resultados mostraron que la tasa de infección global fue del 22.97%, presentando las tasas más bajas en mujeres de 26 a 30 años (19.30%) y las más altas en el grupo de 61 a 65 años (35.66%). Los genotipos de alto riesgo más prevalentes fueron VPH-16 (5.18%), 58 (3.10%) y 52 (2.75%), predominando en todos los grupos etarios. Además, se observó asociación entre la edad y las infecciones múltiples, con mayor frecuencia en mujeres menores de 20 años y entre 56 y 70 años. La proporción de infecciones únicas fue superior al 70% en la mayoría de los grupos, excepto en mujeres menores de 20 años y en aquellas de 56 a 70 años, donde se registraron mayores tasas de infecciones dobles y triples.

Beyazit et al. (2018) evaluaron la prevalencia y distribución de genotipos del VPH en 201 mujeres atendidas en un hospital universitario de tercer nivel del oeste de Turquía entre 2012 y 2016. La clasificación citológica se realizó según el sistema Bethesda, mientras que la detección del ADN viral se efectuó mediante la reacción en cadena de la polimerasa (PCR). Los hallazgos revelaron la presencia de ADN del VPH en el 45,2% de las participantes (91/201). Los genotipos más frecuentes fueron VPH-16 (16.5%), 58 (14.3%), 33 (5.5%) y 31 (5.5%). La mayoría presentó citología normal (72.1%), mientras que 27.9% mostró resultados anormales: ASCUS (16.4%), LSIL (9.0%) y HSIL (2.5%). Entre las pacientes positivas para VPH, 38.5% (35/91) tuvieron citología normal, 36.3% (33/91) ASCUS, 19.8% (18/91) LSIL y 5.5% (5/91) HSIL. Además, aunque se detectaron genotipos de VPH de alto riesgo en pacientes con citología cervical normal, estos predominaron en pacientes con citología anormal.

Ponce y Rejas (2018) evaluaron la prevalencia de genotipos del VPH en 397 mujeres atendidas en consulta externa del Hospital Regional Docente de Cajamarca entre marzo y septiembre de 2017. Para ello, se obtuvieron muestras del endocérnix y ectocérnix, las cuales fueron analizadas mediante PCR para identificar genotipos de alto y bajo riesgo. Se detectó VPH en 121 muestras cervicales (30.48%). De estas, 63.6% (77/121) correspondieron a genotipos de alto riesgo, 23.1% (28/121) a tipos posiblemente oncogénicos y 7.4% a variantes de bajo riesgo. Entre los genotipos de alto riesgo predominó VPH-31, presente en 20% (21/77), seguido de VPH-16 con 11.4% (12/77). Asimismo, se evidenció coinfección con dos o más genotipos en 12 pacientes (9.9%). Las combinaciones más frecuentes fueron VPH-39/45/68, 40/43/91 y 31/91, cada una observada en dos casos.

Geng y Liu (2019) investigaron la distribución de genotipos del VPH en 5738 mujeres positivas de Changzhou, identificando 23 genotipos: 17 de alto riesgo y 6 de bajo riesgo. Las participantes se agruparon en examen físico voluntario, cervicitis y cáncer de cuello uterino. Los resultados mostraron que la proporción de infecciones por VPH de alto riesgo fue más alta en el grupo de cáncer de cuello uterino (80,1%) seguida de cervicitis (79.9%) y examen físico (76.7%). Los genotipos más frecuentes fueron VPH-52 (13.4%), 16 (9.6%), 58 (8.8%), 81 (8.6%) y 53 (7.7%). Con respecto a los tipos de infección, infecciones únicas representaron 65.2% en examen físico, 61.6% en cervicitis y 70.9% en cáncer cervical; las múltiples, 34.8%, 38.4% y 29.1%, respectivamente. La mayor prevalencia por edad se observó entre 31 y 45 años (46.9%), con pico entre 41 y 45 años (16.6%). Además, se halló correlación positiva entre mayor edad y prevalencia de cervicitis y cáncer cervical ($p < 0.05$).

Liu et al. (2013) determinaron la prevalencia y distribución genotípica del VPH en 191 pacientes chinas: 66 con cáncer cervical, 84 con cervicitis mucopurulenta y 41 mujeres sanas como control. El estudio reveló una prevalencia general de infección por VPH del 60,6%, 8%

en el grupo control, 53.3% en mujeres con cervicitis mucopurulenta y 93,8% en pacientes con cáncer cervical. El genotipo más frecuente fue VPH-16 (39.73%), seguido de VPH-58 (4.94%), 18 (2.10%), 31 (1.56%), 33 (1.05%) y 52 (1.05%). En cervicitis mucopurulenta, VPH-16 estuvo presente en 18.7% y VPH-58 en 9.3%, y se encontró una asociación significativa ($p < 0.05$) entre la infección por VPH y la presencia de cervicitis mucopurulenta. Por su parte, en el grupo de mujeres con cáncer cervical, predominó VPH-16 (87.7%), seguido de VPH-18 (6.2%), 31 (4.6%), 33 (3.1%), 52 (3.1%), 58 (1.5%) y 59 (1.5%). Las infecciones únicas representaron 82.0% (50/61), las duales 16.4% (10/61), principalmente VPH-16/18 (6.6%) y 16/31 (4.9%), y se registró un caso triple VPH-16/52/59 (1.6%).

Caixeta et al. (2015) investigaron la prevalencia de VPH, vaginosis bacteriana (VB) y cervicitis en adolescentes y mujeres jóvenes de Goiás, así como su relación con anomalías citológicas en frotis cervicales. En total, se examinaron 251 muestras, identificándose alteraciones citológicas en el 9.5 % (24/251) de los casos. Las anomalías más comunes fueron ASC-US (50.0 %) y LSIL (29.1 %). El VPH, la VB y la cervicitis fueron detectados en el 44.2 % (111/251), 41.0 % (103/251) y 83.2 % (209/251) de las muestras, respectivamente. El análisis reveló que la VB y las anomalías citológicas mostraban una asociación independiente con la infección por VPH. Asimismo, se evidenció una relación significativa entre la presencia de anomalías citológicas y la coexistencia de VPH y VB, así como con la combinación de VPH, VB y cervicitis. Sin embargo, esta última no se mantuvo significativa en el análisis multivariado.

1.2. Bases teóricas

1.2.1. Virus del papiloma humano (VPH)

El VPH es un virus de 55 nm de diámetro que carece de envoltura. Su cápside presenta una estructura icosaédrica compuesta por 72 capsómeros. El genoma del VPH, constituido por

ADN de doble hebra en forma circular, tiene una longitud aproximada de 8 kb y se divide en tres regiones principales. En primer lugar, la región temprana (E) codifica genes esenciales para la replicación viral y la transformación celular, entre los que se incluyen E1, E2, E4, E5, E6 y E7. En segundo lugar, la región tardía (L) codifica las proteínas de la cápside, L1 y L2. Finalmente, la región larga de control no codificante (LCR) contiene la secuencia de replicación y los sitios de unión para factores de transcripción, desempeñando un papel crucial en la regulación de la replicación del ADN al controlar la transcripción de los genes virales (Sendagorta et al., 2019).

El VPH pertenece a la familia Papillomaviridae, integrada por los géneros Alfa, Beta, Gamma, Nu y Mupapillomavirus (Sendagorta et al., 2019). Dentro de ellos se han identificado más de 200 genotipos, clasificados de acuerdo con la estructura del genoma viral y su tropismo por los tejidos epiteliales humanos (Sendagorta et al., 2019; San José et al., 2018). Los genotipos VPH-1, 2 y 4 se asocian con verrugas cutáneas, mientras que los tipos VPH-1, 2, 27 y 57 causan verrugas palmoplantares, las cuales pueden ser dolorosas y causar molestias significativas al caminar o realizar actividades manuales. Por su parte, los genotipos VPH-6 y 11 se relacionan con verrugas mucosas, como condiloma acuminado y el condiloma plano, y se presentan en las mucosas genitales y anales, pudiendo transmitirse por vía sexual. Por último, los genotipos de alto riesgo, entre ellos VPH-16, 18, 31, 33, 35, 39, 45, 51, 52, 56, 58, 59, 66 y 69, se asocian con lesiones precancerosas y cánceres en áreas genitales, anales y orofaríngeas (Quinlan, 2021).

1.2.2. VPH y cáncer de cuello uterino

Desde principios de los años 80, se ha establecido claramente la relación entre el VPH y el carcinoma de células escamosas del cuello uterino. La conexión entre el VPH y este tipo de cáncer es incluso más significativa que la relación entre el tabaquismo y el cáncer de

pulmón. Alrededor de 30 tipos de VPH, que se transmiten a través del contacto sexual, han sido identificados, y uno o más de estos tipos están involucrados en el 99.7% de los casos de carcinoma de células escamosas del cuello uterino (Okunade, 2020). El VPH cervical se adquiere principalmente a través del contacto genital directo, usualmente durante relaciones sexuales con una pareja infectada, aunque no exclusivamente (Berman et al., 2017).

Tras la transmisión sexual, el VPH infecta el epitelio dañado, donde la membrana basal queda expuesta. Las células basales infectadas se diferencian para reparar el área afectada, iniciando una infección activa durante el proceso de reparación tisular (Berman et al., 2017). Durante su replicación, el virus altera el control del ciclo celular, lo que fomenta una división celular desregulada y resulta en la acumulación de daño genético (Okunade, 2020). Sin embargo, la mayoría de las alteraciones cervicales inducidas por el VPH son temporales, con un 90% de estas regresando de forma espontánea en un plazo de 12 a 36 meses. No obstante, la eliminación viral puede verse afectada por predisposiciones genéticas, variaciones en el gen p53, diversidad genética entre tipos de VPH, coinfección por múltiples genotipos, reinfección, niveles hormonales y respuesta inmunitaria (Okunade, 2020).

La posibilidad de desarrollar cáncer cervical depende de diversos factores que, en conjunto con genotipos oncogénicos del VPH, favorecen la progresión de la enfermedad (Okunade, 2020). Entre ellos destacan el inicio precoz de la actividad sexual, múltiples parejas sexuales, parejas con antecedentes de promiscuidad sexual, tabaquismo, multiparidad, uso prolongado de anticonceptivos orales, coinfecciones de transmisión sexual, inmunosupresión y deficiente acceso al tamizaje ginecológico. Además, la infección persistente puede evolucionar hacia cáncer a lo largo de varias décadas si no recibe tratamiento. Esta persistencia se relaciona principalmente con la infección por genotipos VPH de alto riesgo, coinfección por

múltiples tipos virales y edad avanzada, factores que dificultan la eliminación natural del virus (Berman et al., 2017).

1.2.3. Epidemiología de los genotipos del VPH a nivel mundial y en el Perú

A nivel mundial, la epidemiología de los genotipos del VPH muestra amplia variabilidad. Mientras algunos países cuentan con adecuada caracterización de genotipos circulantes, en regiones como África Central y Oriental, América Central y del Sur, el Caribe, y zonas de Asia y Europa del Este, persisten importantes vacíos de información, pese a la elevada carga de enfermedad que registran (Wagnet et al., 2015). Entre los países mejor estudiados destaca China, donde los genotipos de alto riesgo más prevalentes son VPH-52, 58 y 16, seguidos de VPH-39 y 51, configurando un patrón epidemiológico característico de Asia Oriental (Wang et al., 2024).

En América Latina y el Caribe, la epidemiología del VPH también refleja una amplia diversidad genotípica. Se ha identificado que el VPH-16 es el genotipo de alto riesgo más frecuentemente detectado en estudios realizados en 17 países de la región, seguido por otros como el VPH-56 (Aguilar et al., 2024). De manera complementaria, se ha reportado que los genotipos más asociados a lesiones intraepiteliales de alto grado y cáncer de cuello uterino son el VPH-16 y 18, seguidos por los genotipos VPH-31, 58, 33, 45 y 52, sin evidenciarse variaciones sustanciales en este patrón entre los países analizados (Ciapponi et al., 2011).

En el caso del Perú, los estudios disponibles evidencian una variabilidad regional importante. En este sentido, en el norte del país, específicamente en el departamento de Cajamarca, se ha reportado que los genotipos más frecuentes en mujeres asintomáticas incluyen el VPH-52, 31 y 16, destacando el predominio del VPH-52 (Del Valle-Mendoza et al., 2021). Asimismo, investigaciones en la misma región han identificado al VPH-31 como el genotipo más común, seguido del VPH-16, además de evidenciar la presencia de coinfecciones entre

múltiples genotipos, lo que sugiere una dinámica compleja de transmisión viral (Ponce-Benavente et al., 2018).

Por otro lado, en la Amazonía peruana se ha observado que el VPH-16 es el genotipo predominante, seguido por el VPH-52, tanto en infecciones únicas como múltiples, manteniéndose esta tendencia en lesiones cervicales de alto grado, donde ambos genotipos concentran la mayor proporción de casos (Solis-Ponce et al., 2025). Finalmente, en el sur del país, específicamente en Arequipa, predominó el grupo de genotipos distintos de VPH-16 y 18 (“otros VPH”), especialmente en cáncer de cuello uterino (51.9%), seguido de VPH-16 (30.8%) y VPH-18 (3.8%); sin embargo, no fue posible identificar los genotipos específicos incluidos en dicha categoría (Medina et al., 2025).

1.2.4. Detección y genotipificación del VPH por PCR en tiempo real

Dado que el VPH no puede cultivarse in vitro mediante métodos convencionales, su diagnóstico se basa principalmente en pruebas moleculares orientadas a la detección del ADN viral. En los últimos años se han desarrollado diversos métodos de genotipificación, algunos de los cuales han sido incorporados en laboratorios clínicos y de investigación (Torres et al., 2012). Entre estas técnicas, la PCR en tiempo real se ha consolidado como un método altamente sensible para la detección cualitativa y genotipificación del VPH en muestras clínicas. Esta metodología combina la amplificación simultánea por PCR con un análisis computacional avanzado de los datos cinéticos, los cuales se obtienen utilizando colorantes fluorescentes unidos a sondas de oligonucleótidos que se fijan específicamente al ADN amplificado durante el termociclado, lo que permite una identificación precisa del virus (Al-Hadeithi et al., 2022).

Entre los kits comerciales para la genotipificación del VPH mediante PCR en tiempo real se encuentra el sistema de Sansure Biotech, que cuenta con la aprobación de la European Union Certificate (CE) y es capaz de detectar 15 genotipos de VPH de alto riesgo (Zhao et al.,

2019), incluyendo doce tipos catalogados como cancerígenos (VPH-16, 18, 31, 33, 35, 39, 45, 51, 52, 56, 58, 59) más el tipo probablemente cancerígeno VPH-68 y los tipos posiblemente cancerígenos VPH-53 y VPH-66. Además, se amplifica una región del gen de la β -globina que se utiliza como control endógeno para evaluar si la muestra recolectada es adecuada para la reacción de amplificación, monitorear la presencia de inhibidores de PCR en la muestra a analizar y evaluar la eficiencia de extracción de ácidos nucleicos para evitar falsos negativos (Pretet et al., 2024; Zhao et al., 2019).

Adicionalmente, el sistema no requiere extraer el ADN de la muestra para su procesamiento, ya que utiliza un mecanismo a prueba de contaminación con enzima uracil- N - glicosilasa (UNG) junto con dUTP para degradar completamente posibles productos inespecíficos y así evitar falsos positivos (Pretet et al., 2024). El procesamiento manual de las muestras tiene una duración aproximada de 45 minutos y puede ser llevado a cabo por personal con un nivel básico de capacitación. Luego, la detección automatizada finaliza en un tiempo de 1 hora y 20 minutos, considerando que la positividad para VPH se basa en el valor de Ct, siendo un Ct de 39 o menor considerado como positivo, mientras que un Ct superior a 39 se interpreta como negativo (Zhao et al., 2019).

Es importante destacar que, estos sistemas de genotipificación basados en sondas se dirigen a un fragmento de alrededor de 150 pb del gen E7 de los 15 tipos de VPH (Hesselink et al., 2014), siendo este un oncogén que, en el VPH-16 cuenta con 297 pb y codifica una proteína de 98 aminoácidos, la oncoproteína E7, conocida por ser junto con E6, componentes fundamentales de la conducción de las células hacia la oncogénesis (Totaro et al., 2021; Pal y Kundu, 2020).

1.2.5. Pruebas para la evaluación del estado del cuello uterino

Entre las pruebas para la evaluación del estado del cuello uterino se encuentran la prueba de Papanicolaou, la inspección visual con ácido acético (IVAA) y la colposcopia, todas esenciales para identificar lesiones precancerosas en mujeres asintomáticas (Banerjee et al., 2022). No obstante, entre todas ellas, la prueba de Papanicolaou es la más utilizada y se considera la herramienta estándar para el diagnóstico de esta enfermedad, ya que permite detectar cambios celulares con el potencial de convertirse en cáncer y reducir la morbilidad y mortalidad en un 50-70% (Beltrán et al., 2022; Mayer y Mahdy, 2023; Halim et al., 2021). Además, tiene un bajo costo, relativa facilidad de realización y la capacidad de detectar los distintos niveles de diferenciación de cada célula (Bedell et al., 2020; Beltrán et al., 2022). No obstante, tiene la desventaja de ser altamente subjetiva, con resultados que pueden variar entre laboratorios y citólogos (Banerjee et al., 2022). Además, su sensibilidad oscila entre el 30% y el 87% y puede verse comprometida por la calidad del muestreo (Beltrán et al., 2022).

1.2.6. Sistemas de clasificación de las lesiones cervicales

La primera nomenclatura utilizada en la denominación de lesiones cervicales (LC) fue introducida por Papanicolaou en 1928. Esta clasificación se estructuró en cinco categorías: Clase I (extendidos normales o sin presencia de células atípicas), Clase II (células con alteraciones inflamatorias), Clase III (células atípicas sugestivas, pero no concluyentes de malignidad), Clase IV (citologías altamente sugestivas de malignidad) y Clase V (citologías concluyentes de malignidad). Sin embargo, para facilitar su aplicación en estudios de tamizaje masivo, la clasificación se simplificó en: Clase I y II como “Extendido Negativo”, Clase III como “Extendido Sospechoso” y Clases IV y V como “Extendido Positivo” (Cordero, 2006).

Años después, en 1961, en el Primer Congreso de Citología se estableció una terminología más estructurada basada en tres categorías: Carcinoma Invasor, Carcinoma in situ

(CIS) y Displasias, estas últimas subdivididas en tres grados: leve, moderada y severa, siendo esta clasificación adoptada por la OMS (Cordero, 2006). En 1963, Koss sugirió que la displasia severa y el CIS debían considerarse parte del mismo espectro patológico. Posteriormente, en 1968, se introdujo el término Neoplasia Intraepitelial Cervical (NIC) como un proceso mórbido continuo, en el que el epitelio normal evolucionaba progresivamente a lesiones precursoras y, eventualmente, a cáncer invasor (Cordero, 2006).

En 1966, Richart propuso la clasificación de Neoplasia Intraepitelial Cervical (NIC), reconociendo tres grados. Su principal ventaja radicaba en la consideración de la displasia y el CIS como fases de un mismo proceso, diferenciándose cuantitativamente y no cualitativamente (Cordero, 2006). A finales de la década de 1970, Meissels y Elbe observaron que la mayoría de las infecciones ginecológicas por el virus del papiloma humano (VPH) eran subclínicas y se caracterizaban por la presencia de coilocitosis y otras alteraciones citológicas. En 1988, el Instituto Nacional del Cáncer de los EE.UU. organizó un seminario para proponer un nuevo esquema de clasificación, conocido como el Sistema Bethesda (Cordero, 2006).

Actualmente, el sistema de Bethesda se enfoca en dos tipos de células en la unión escamocilíndrica o zona de transición: epiteliales y glandulares. Por un lado, las anomalías epiteliales se clasifican en varios niveles: las lesiones intraepiteliales escamosas de bajo grado (LSIL) son indicativas de una posible progresión a carcinoma, con una alta tasa de regresión espontánea. Las lesiones intraepiteliales escamosas de alto grado (HSIL), que incluyen términos históricos como CIN2, CIN3 y carcinoma in situ, representan un riesgo serio de progresión a cáncer cervical. El carcinoma de células escamosas se diagnostica raramente y generalmente indica un cáncer avanzado (Mayer y Mahdy, 2023).

En cuanto a las células glandulares, las atípicas se pueden encontrar en el endocérnix y otras partes del tracto reproductivo, clasificándose como de significado indeterminado o

asociadas a anomalías escamosas. El adenocarcinoma endocervical in situ (AIS) se ha vuelto más frecuente y se correlaciona con lesiones escamosas y serotipos de alto riesgo del VPH. El adenocarcinoma invasivo, más común en el canal cervical, se deriva de células glandulares y ha aumentado a pesar de la disminución de casos de carcinoma escamocelular. Finalmente, el adenocarcinoma maligno es una enfermedad rara que suele aparecer en el endocérnix y puede ser diagnosticada incorrectamente como una lesión benigna (Mayer y Mahdy, 2023).

1.2.7. Cervicitis y su asociación con el VPH

La cervicitis es un cuadro clínico caracterizado por la presencia de una secreción purulenta o mucopurulenta observable en el canal endocervical o identificable mediante un frotis endocervical. Además, otros signos inflamatorios, como el sangrado endocervical persistente (sangrado vaginal intermenstrual o poscoital), pueden ser indicativos de esta afección, especialmente si se desencadenan al pasar suavemente un hisopo de algodón por el endocérnix (Young y Argáez, 2017).

La cervicitis puede presentarse de forma aguda o crónica. La forma aguda suele ser infecciosa y se asocia a agentes como *Neisseria gonorrhoeae*, *Chlamydia trachomatis*, *Trichomonas vaginalis*, *Mycoplasma genitalium*, el virus del herpes simple y el virus del papiloma humano. En cambio, la forma crónica se relaciona principalmente con causas no infecciosas, especialmente la exposición a irritantes mecánicos, como pesarios, condones o tampones, y a irritantes químicos, como jabones, detergentes, espermicidas, látex, duchas vaginales y cremas anticonceptivas (Iqbal y Wills, 2023).

Asimismo, la deficiencia de estrógenos observada en la menopausia natural o quirúrgica puede producir cambios atróficos en el revestimiento vaginal y uterino, generando un cuadro similar a la cervicitis. No obstante, en más del 50 % de los casos, la causa exacta de la enfermedad no puede determinarse. Además, desde un punto de vista clínico, no es posible

distinguir entre la inflamación provocada por agentes mecánicos o químicos y aquella de origen infeccioso (Iqbal y Wills, 2023).

La cervicitis crónica puede contribuir a diversas complicaciones, como infertilidad, infección intrauterina del feto durante la gestación, complicaciones inflamatorias posparto, pérdida gestacional y partos prematuros. Además, se ha asociado con el desarrollo de displasia intraepitelial y cáncer de cuello uterino (CCU). Según datos epidemiológicos, prácticamente la totalidad de los casos de CCU están vinculados a la infección por el virus del papiloma humano (VPH) (Andreeva y Zakharova, 2022).

La importancia de la prevención y el tratamiento de las enfermedades cervicales relacionadas con el VPH radica en la capacidad de este virus para inducir transformaciones malignas. Además, la infección por VPH es considerada la enfermedad de transmisión sexual más prevalente, ya que más del 54% de la población sexualmente activa la adquirirá en algún momento de su vida. Por esta razón, en los últimos años, múltiples estudios han centrado su atención en la incidencia de la cervicitis asociada con el VPH en distintas regiones del mundo (Andreeva y Zakharova, 2022).

1.3. Operacionalización o categorización de variables

Variables	Definición conceptual	Definición operacional	Dimensiones	Índices	Indicadores	Instrumentos
Variable dependiente Características clínicas	Datos clínicos de las pacientes, incluyendo la edad y los resultados de la prueba de Papanicolaou.	Variables registradas a partir de los datos clínicos de las pacientes atendidas en “Genética Lab S.A.C”, entre enero 2022 – agosto 2024.	- Edad. - Resultados de la prueba de Papanicolaou (PAP).	- Grupos etarios - Categorías según Bethesda y el sistema de Grados de Papanicolaou.	- 15 a 24, 25 a 34, 35 a 44, 45 a 59, 60 a 74 y 75 a 89 (Liu et al., 2021). - PAP normal (Grado I y II) y anormal (Grado III, IV y V).	Base de datos anonimizada con información clínica de las pacientes atendidas en el laboratorio en el periodo de estudio
Variable independiente Infección por genotipos del VPH	Presencia del Virus del Papiloma Humano y sus variantes genéticas en las pacientes, incluyendo la forma de infección (única o múltiple).	Detección de infección por genotipos del VPH en pacientes atendidas en “Genética Lab S.A.C.” (enero 2022 – agosto 2024).	- Infección por VPH. - Genotipos del VPH. - Tipo de infección.	- Positivo/Negativo. - Genotipos: 16, 18, 31, 33, 35, 39, 45, 51, 52, 53, 56, 58, 59, 66 y 68. - Infección única/múltiple	- Presencia/ausencia de infección por VPH. - Presencia/ausencia de cada genotipo. - Número de genotipos detectados por paciente.	Base de datos anonimizada con información clínica de las pacientes atendidas en el laboratorio en el periodo de estudio

CAPÍTULO II. DISEÑO METODOLÓGICO

2.1. Tipo y diseño de investigación

El presente trabajo se enmarcó en un estudio observacional, analítico, retrospectivo y de corte transversal (Manterola et al., 2019), basado en el análisis de datos clínicos previamente registrados, sin intervención ni seguimiento de las pacientes. Asimismo, se consideró analítico porque evaluó la posible asociación entre la infección por genotipos del Virus del Papiloma Humano y las características clínicas registradas en las pacientes atendidas en el laboratorio “Genética Lab S.A.C.” entre enero de 2022 y agosto de 2024.

2.2. Población, muestra, muestreo y criterios de selección

Población: La población del estudio estuvo representada por los registros de pacientes atendidas en el laboratorio “Genética Lab S.A.C.” de la ciudad de Chiclayo durante el periodo comprendido entre enero de 2022 y agosto de 2024, cuya información clínica se encontró almacenada en la base de datos institucional. Asimismo, es importante precisar que las pacientes incluidas habían sido evaluadas previamente por un profesional de salud y que, por criterio clínico, presentaban sospecha o evidencia de alteraciones cervicales, lo que motivó la solicitud de las pruebas de Papanicolaou y genotipificación del VPH.

Muestra: Estuvo constituida por 148 registros, correspondientes al total de pacientes que se sometieron a la prueba de genotipificación del Virus del Papiloma Humano (VPH) durante el periodo de estudio y que contaron con información completa sobre edad y resultados de la prueba de Papanicolaou registrada en la base de datos institucional.

Muestreo: La muestra se seleccionó de forma no probabilística por conveniencia, considerando que se trabajó únicamente con los registros disponibles y completos en la base de datos proporcionada por el laboratorio.

Criterios de selección: Fueron incluidos en el estudio los registros clínicos de pacientes atendidas en el laboratorio “Genética Lab S.A.C.” durante el periodo comprendido entre enero de 2022 y agosto de 2024, que se habían sometido a la prueba de genotipificación del Virus del Papiloma Humano y que contaron con información completa sobre edad y resultados de la prueba de Papanicolaou. Fueron excluidos aquellos registros que presentaron información incompleta o inconsistente, así como los casos en los que existió duplicación de datos o en los que solo se había realizado una de las pruebas (genotipificación de VPH o prueba de Papanicolaou).

2.3. Técnicas e instrumentos de recolección de datos

2.3.1. Solicitud de acceso a la información y elaboración del instrumento de recolección de datos.

Previo a la recolección de datos, se solicitó formalmente a “Genética Lab S.A.C.” la autorización para el acceso a la base de datos institucional correspondiente a las pacientes que se realizaron las pruebas de genotipificación de VPH y de Papanicolaou durante el periodo comprendido entre enero de 2022 y agosto de 2024 (Anexo 1). Cabe precisar que este establecimiento se encuentra categorizado como Servicio Médico de Apoyo – UPSS Patología Clínica e inscrito en el Registro Nacional de Instituciones Prestadoras de Servicios de Salud (RENIPRESS), con Código Único N.º 00034647 (Anexo 2). Una vez otorgada dicha autorización (Anexo 3) y obtenido el acceso a la información, se procedió a organizar los datos en un instrumento de recolección elaborado específicamente para el estudio (Anexo 4). Dicho instrumento fue diseñado en función de los objetivos de la investigación y las variables disponibles en la base de datos, priorizando la sistematización de la información para su posterior análisis. En este sentido, se incluyeron los resultados de la genotipificación del Virus del Papiloma Humano, la edad y los resultados de la prueba de Papanicolaou.

2.3.2. Recopilación de datos de genotipificación de VPH

La información correspondiente a los genotipos del Virus del Papiloma Humano (VPH) se obtuvo de una base de datos secundaria completamente anonimizada proporcionada por el laboratorio “Genética Lab S.A.C.”, correspondiente al periodo comprendido entre enero de 2022 y agosto de 2024. Cabe resaltar que estos resultados fueron generados mediante la técnica de qPCR multiplex, utilizando el kit "High-Risk Human Papillomavirus DNA (Genotype) Diagnostic Kit (PCR-Fluorescence Probing)" de la marca Sansure, mediante el cual se detectaron los genotipos 16, 18, 31, 33, 35, 39, 45, 51, 52, 53, 56, 58, 59, 66 y 68 del VPH, y los resultados de cada paciente se reportaron como negativos o positivos para cada uno de estos genotipos.

La información obtenida fue organizada en el instrumento de recolección de datos elaborado para el estudio (Anexo 4), lo que permitió determinar la frecuencia de infección por VPH, la distribución de los genotipos detectados, el tipo de infección y el número de genotipos identificados por paciente, para su posterior análisis estadístico.

2.3.3. Recopilación de datos clínicos

La información correspondiente a las características clínicas de las pacientes se obtuvo a partir de los reportes de resultados incluidos en la base de datos institucional anonimizada del laboratorio “Genética Lab S.A.C.”. Para el presente estudio se consideraron las variables clínicas edad y resultados de la prueba de Papanicolaou, debido a que fueron las únicas disponibles de manera completa y sistematizada en la base de datos proporcionada, además de presentar relevancia clínica y epidemiológica para el estudio, al permitir caracterizar la infección por VPH en función de factores demográficos y hallazgos citológicos. La variable "edad" fue categorizada en grupos etarios según el esquema planteado por Liu et al. (2021), con el objetivo de facilitar el análisis comparativo entre diferentes rangos de edad. En cuanto

a los resultados del Papanicolaou, estos fueron analizados empleando dos sistemas de clasificación. Por un lado, se utilizó el sistema de grados de Papanicolaou, detallado en el trabajo de Cordero (2006), dado que correspondía al formato original en el que los datos se encontraban registrados en la base de datos proporcionada. Por otro lado, se empleó la clasificación del sistema Bethesda, con el propósito de facilitar la comparación de los hallazgos con otros estudios. Esto permitió, por un lado, respetar la estructura original de los datos y, por otro, asegurar su comparabilidad con la literatura científica. Asimismo, los registros de Papanicolaou clasificados como grado II (inflamatorio) se encontraron subcategorizados en diferentes tipos de colpocervicitis, establecidos según el criterio del médico patólogo. Estas categorías incluyeron: colpocervicitis leve, leve hipoestrogénica, leve a moderada, moderada, moderada hipoestrogénica y severa.

2.3.4. Procesamiento y análisis de datos

Los datos de la prueba de genotipificación del Virus del Papiloma Humano (VPH) y de las características clínicas de las pacientes atendidas en “Genética Lab S.A.C.” entre enero de 2022 y agosto de 2024 fueron organizados en hojas de cálculo de Microsoft Excel 2019. Inicialmente, se realizó una depuración de la base de datos para identificar y excluir aquellos registros que no contaron con todos los campos requeridos para el análisis o que presentaron duplicidad de información.

Posteriormente, se efectuó una revisión de coherencia de los datos, verificando la consistencia de variables como fechas, códigos de identificación y resultados, garantizando así la calidad y confiabilidad de la base de datos. Seguidamente, se llevó a cabo un análisis estadístico descriptivo, mediante el cálculo de frecuencias absolutas (n) y relativas (%), para la infección por VPH (positivo o negativo), los genotipos detectados, tipo de infección, número de genotipos por paciente, grupos etarios y resultados de la prueba de Papanicolaou.

Finalmente, se realizó un análisis estadístico inferencial de tipo bivariado, construyendo tablas de contingencia para evaluar la asociación entre la infección por VPH, los genotipos, el tipo de infección y las características clínicas de las pacientes. Dichas tablas fueron analizadas mediante el test exacto de Fisher utilizando el software estadístico R versión 4.1.1, considerando un nivel de significancia de $p < 0.05$. Este test fue seleccionado debido a la presencia de frecuencias esperadas menores a 5, lo que invalidó el uso de chi-cuadrado.

2.4. Aspectos éticos

El presente estudio fue una investigación observacional, retrospectiva y sin intervención, basada en el análisis de datos secundarios provenientes de registros clínicos históricos del laboratorio “Genética Lab S.A.C.” correspondientes al periodo 2022–2024, los cuales fueron proporcionados de forma anonimizada, suprimiéndose toda información que permitiera identificar a las pacientes. Debido a la naturaleza retrospectiva del estudio y al uso de registros obtenidos previamente con fines diagnósticos y asistenciales, no fue factible recabar el consentimiento informado individual, por lo que, conforme a las Pautas Éticas Internacionales del CIOMS (2016), se aplicó la dispensa del consentimiento informado, al tratarse de una investigación de riesgo mínimo, sin intervención directa y sin exposición a riesgos adicionales para las participantes. Para su ejecución, se obtuvo la autorización institucional para el acceso y uso de la información (Anexos 1 y 3), garantizando que los datos fueron tratados con el compromiso de confidencialidad y bajo las normas éticas que corresponden para el manejo responsable de la información.

CAPÍTULO III. RESULTADOS

En el presente estudio, se analizaron los datos de 148 pacientes atendidas en el laboratorio “Genética Lab S.A.C.” entre enero de 2022 y agosto de 2024, quienes cumplieron con los criterios de inclusión establecidos. La edad promedio fue de 39.97 años, con una mediana de 39 años y una desviación estándar de 11.44 años. Asimismo, la edad mínima fue de 18 años, mientras que la máxima alcanzó los 77 años.

En cuanto a la frecuencia de infección por VPH (Tabla 1), el 42.6% (63/148) de las pacientes presentó un diagnóstico positivo, mientras que el 57.4% (85/148) resultó negativo.

Tabla 1

Frecuencia de infección por VPH en las pacientes atendidas en el laboratorio “Genética Lab S.A.C.”, Chiclayo, enero 2022 – agosto 2024.

Infección por VPH		
	n	%
Positivo	63	42.6
Negativo	85	57.4
Total	148	100

Los genotipos más frecuentes fueron el VPH-33 (16.4%, 20/122), VPH-53 (15.6%, 19/122) y VPH-16 (13.9%, 17/122), mientras que los genotipos VPH-58 y VPH-45 fueron los menos representados, con 2.5% (3/122) y 0.8% (1/122), respectivamente (Tabla 2). Es importante precisar que el total de genotipos analizados ($n = 122$) difiere del número total de pacientes, debido a la presencia de infecciones múltiples, en las cuales una misma paciente presentó positividad para más de un genotipo.

Tabla 2

Frecuencia de genotipos de VPH en las pacientes atendidas en el laboratorio “Genética Lab S.A.C.”, Chiclayo, enero 2022 – agosto 2024.

Genotipo de VPH	n	%
VPH-16	17	13.9
VPH-18	5	4.1
VPH-31	4	3.3
VPH-33	20	16.4
VPH-35	5	4.1
VPH-39	4	3.3
VPH-45	1	0.8
VPH-51	11	9.0
VPH-52	11	9.0
VPH-53	19	15.6
VPH-56	7	5.7
VPH-58	3	2.5
VPH-59	4	3.3
VPH-66	7	5.7
VPH-68	4	3.3
Total	122	100

En cuanto al tipo de infección (Tabla 3), el 38.1% (24/63) presentó una infección por un único genotipo, mientras que el 61.9 % (39/63) correspondió a infecciones múltiples. Dentro de este grupo, el 31.7 % (20/63) presentó dos genotipos, el 28.6% (18/63) tres, y el 1.6% (1/63) cuatro genotipos.

Tabla 3

Frecuencia de tipos de infección por VPH en las pacientes atendidas en el laboratorio “Genética Lab S.A.C.”, Chiclayo, enero 2022 – agosto 2024.

Tipo de infección		n	%
Infección única		24	38.1
Infección múltiple	2 genotipos	20	31.7
	3 genotipos	18	28.6

	4 genotipos	1	1.6
Total		63	100

En los casos de infecciones por múltiples genotipos (Anexo 5), la combinación más frecuente de dos genotipos fue VPH-16/53, detectada en el 20 % de los casos (4/20). Para las infecciones con tres genotipos, la combinación más prevalente fue VPH-51/52/53, identificada en el 16.7 % de los casos (3/18). Por otro lado, en las infecciones con cuatro genotipos, se reportó un único caso de VPH-16/51/53/66 en una paciente de 31 años con Papanicolaou grado II y colpocervicitis moderada.

En relación con las características clínicas registradas de las pacientes, se consideró en primer lugar la edad (Tabla 4), categorizada según los grupos etarios propuestos por Liu et al. (2021). Se observó un predominio del grupo de 25 a 34 años (31.8%; 47/148), seguido por los rangos de 35 a 44 años (28.4%; 42/148) y de 45 a 59 años (27.7%; 41/148), mientras que los grupos ubicados en los extremos etarios presentaron menor frecuencia.

Tabla 4

*Frecuencia de grupos etarios en las pacientes atendidas en el laboratorio
“Genética Lab S.A.C.”, Chiclayo, enero 2022 – agosto 2024.*

Grupo etario	n	%
15 a 24	10	6.8
25 a 34	47	31.8
35 a 44	42	28.4
45 a 59	41	27.7
60 a 74	7	4.7
75 a 89	1	0.7
Total	148	100

En relación con los resultados de la prueba de Papanicolaou (**Tabla 5**), según la clasificación del sistema Bethesda y de Papanicolaou, predominó la categoría normal, observada en el 99.3% (147/148) de las pacientes. Dentro de este grupo, la mayoría correspondió al Grado II (inflamatorio) con 98.6% (146/148), mientras que solo un caso fue clasificado como Grado I (0.7%; 1/148). Por otro lado, se registró un único caso anormal correspondiente a LSIL según el sistema Bethesda, equivalente al Grado III de Papanicolaou, sin detectarse casos de HSIL ni carcinoma invasor.

Tabla 5

Frecuencia de resultados de la prueba de Papanicolaou según la clasificación de Bethesda y de Papanicolaou en las pacientes atendidas en el laboratorio “Genética Lab S.A.C.”, Chiclayo, enero 2022 – agosto 2024.

Clasificación Bethesda		Clasificación Papanicolaou	n	%
Normal		Grado I	1	0.7
		Grado II (inflamatorio)	146	98.6
Anormal	LSIL, ASC-US, ASC-H	Grado III	1	0.7
	HSIL	Grado IV	0	0
	Carcinoma invasor	Grado V	0	0
Total			148	100

En el caso de las 146 pacientes categorizadas con Papanicolaou grado II (inflamatorio), cada una estuvo clasificada en un tipo de colpocervicitis (Tabla 6), de acuerdo con la subcategorización establecida por el médico patólogo. En este caso, se observó un predominio de la forma moderada (36.3%; 53/146), seguida de la forma leve (34.9%; 51/146) y la leve hipoestrogénica (19.9%; 29/146), mientras que las variantes moderada hipoestrogénica, leve a moderada y severa presentaron menor frecuencia.

Tabla 6

Frecuencia de tipos de colpocervicitis en pacientes con resultado de Papanicolaou grado II, atendidas en el laboratorio “Genética Lab S.A.C.”, Chiclayo, enero 2022 – agosto 2024.

Tipo de colpocervicitis	n	%
Colpocervicitis leve	51	34.9
Colpocervicitis leve hipoestrogénica	29	19.9
Colpocervicitis leve a moderada	2	1.4
Colpocervicitis moderada	53	36.3
Colpocervicitis moderada hipoestrogénica	10	6.8
Colpocervicitis severa	1	0.7
Total	146	100

En cuanto al análisis de asociación entre las variables, la infección por VPH según grupo etario (Anexo 6) mostró mayor frecuencia de casos positivos en el grupo de 35 a 44 años (13.5%; 20/148), mientras que los casos negativos predominaron entre los 25 y 34 años (20.3%; 30/148). Asimismo, al evaluar la infección por VPH según resultados de la prueba de Papanicolaou (Anexo 7), predominó la citología normal en ambos grupos, registrándose solo un caso de LSIL en una paciente con infección positiva (0.7%; 1/148). Finalmente, en las pacientes con Papanicolaou grado II, la relación entre la infección por VPH y el tipo de colpocervicitis (Anexo 8) evidenció predominio de la forma moderada en pacientes positivas (16.4%; 24/146) y de la forma leve en las negativas (21.2%; 31/146).

Por otro lado, la distribución de genotipos de VPH según grupo etario (Anexo 9) mostró mayor frecuencia en el grupo de 35 a 44 años (n = 37), con predominio de VPH-53 (n = 6) y VPH-16 (n = 5). Asimismo, al analizar los genotipos de VPH según resultados de la prueba de Papanicolaou (Anexo 10), se observó que VPH-16, VPH-33 y VPH-53 fueron los más frecuentes en pacientes con citología normal, mientras que en el único caso anormal se

identificaron VPH-51, VPH-52 y VPH-53. Finalmente, al evaluar los genotipos de VPH según tipo de colpocervicitis en pacientes con Papanicolaou grado II (Anexo 11), se evidenció predominio del VPH-33 en la forma leve ($n = 7$), del VPH-53 en la leve hipoestrogénica ($n = 6$) y de VPH-53 junto con VPH-16 en la forma moderada ($n = 8$ cada uno).

Respecto al tipo de infección por VPH según edad (Anexo 12), se observó que tanto las infecciones únicas como múltiples fueron más frecuentes en el grupo de 35 a 44 años, con proporciones de 12.7% y 19.0%, respectivamente. A su vez, al evaluar el tipo de infección según resultados de la prueba de Papanicolaou (Anexo 13), predominó la citología normal tanto en infecciones únicas como múltiples, registrándose solo un caso anormal en pacientes con infección múltiple (1.6%; 1/63). Finalmente, al analizar el tipo de infección según tipo de colpocervicitis (Anexo 14), se evidenció que las infecciones únicas fueron más frecuentes en la forma leve (16.1%), mientras que las múltiples predominaron en la forma moderada (25.8%).

Por último, al evaluar los valores de significancia estadística obtenidos mediante el Test Exacto de Fisher (Tabla 7), se evidenció que no existe asociación estadísticamente significativa entre ninguna de las variables analizadas, es decir, entre la infección por VPH, los genotipos virales o el tipo de infección con la edad, los resultados del Papanicolaou y los tipos de colpocervicitis ($p > 0.05$ en todos los casos).

Tabla 7

Asociación entre las variables de estudio mediante el Test Exacto de Fisher.

Variables de estudio		Infección por VPH	Genotipo de VPH	Tipo de infección
Edad		$p = 0.3466$	$p = 0.2538$	$p = 1.0000$
Resultados del PAP	General (Normal/Anormal)	$p = 0.4257$	$p = 0.7917$	$p = 1.0000$

PAP Grado II (Tipos de colpocervicitis)	$p = 0.6738$	$p = 0.7026$	$p = 0.4542$
--	--------------	--------------	--------------

CAPÍTULO IV. DISCUSIÓN

En el presente estudio se identificó una frecuencia de infección por VPH de 42.6%. Este valor es similar a lo reportado en diversos estudios realizados en América Latina, como Caixeta et al. en Brasil (44.2%), Téllez et al. en Venezuela (37.4%) y Ponce y Rejas en Cajamarca (30.48%), así como en otras regiones, como Beyazit et al. en Turquía (45.2%), Tsedenbal et al. en Mongolia (47%) y Wang et al. en China (45.6%). Estas similitudes podrían explicarse por factores demográficos y socioeconómicos compartidos, así como por condiciones similares en la prevención y el acceso a la vacunación entre los estudios comparados. No obstante, esta frecuencia relativamente elevada también podría atribuirse a un posible sesgo de selección, dado que la población analizada corresponde a pacientes con sospecha clínica previa. Por tanto, si bien los resultados se encuentran dentro de los rangos reportados internacionalmente, deben interpretarse con cautela debido a las características de la población estudiada. Aun así, estos hallazgos evidencian que la infección por VPH continúa siendo un importante problema de salud pública, reflejando brechas persistentes en vacunación y acceso oportuno al tamizaje.

En cuanto a la distribución de genotipos, los más frecuentes fueron VPH-33 (16.4%), VPH-53 (15.6%) y VPH-16 (13.9%), mientras que VPH-58 (2.5%) y VPH-45 (0.8%) registraron las menores proporciones. Aunque la mayoría de estudios no reporta al VPH-33 como predominante, sí lo reconoce entre los más prevalentes. Hernández et al. en México describieron mayor frecuencia de VPH-31 (8.1%), seguido de VPH-53 (4.4%), VPH-16 (3.7%) y VPH-33 (3.7%), mientras que, Tsedenbal et al. en Mongolia hallaron predominio de VPH-16 (21%) y ubicaron al VPH-33 en cuarto lugar (6%). Por su parte, Bedoya et al. en Ecuador reportaron predominio de VPH-58 (18.17%), en contraste con la baja prevalencia observada en este estudio (2.5%). Estas diferencias podrían atribuirse a variaciones metodológicas y a una

distinta exposición a genotipos específicos entre las poblaciones estudiadas, potencialmente influenciada por el tipo de vacuna utilizada, lo que podría también explicar el predominio del VPH-33, dado que no estaría incluido en las vacunas tetravalentes proporcionadas gratuitamente por el estado.

Por otro lado, la mayoría de estudios revisados coincide en señalar al VPH-16 como el genotipo más frecuente, como Al-Shammari et al. en Arabia Saudita (42.9%), Njue en Kenia (11.3%), Beyazit et al. en Turquía (16.5%) y Lin et al. (2022), Liu et al. (2013) y Wang et al. (2012) en China, que reportaron prevalencias del 5.18%, 39.73% y 18.21%, respectivamente. Otros estudios lo señalan como el segundo más frecuente, como Geng y Liu (2019) y Liu et al. (2021) en China, Blanco (2014) en Costa Rica y Ponce y Rejas (2018) en Perú, con tasas del 9,6%, 16.59%, 35.3 % y 11,4%, respectivamente. No obstante, en el presente estudio, el VPH-16 ocupó el tercer lugar (13.9%), lo cual coincide con lo observado por Luo et al. (2023) y Shen et al. (2023) en China. Esta variabilidad podría explicarse por diferencias poblacionales y metodológicas, sin embargo, su alta frecuencia en diversas regiones confirma su papel como uno de los principales agentes etiológicos del cáncer de cuello uterino, tal como lo señalan Sendagorta et al. (2019). En este sentido, estos hallazgos refuerzan la necesidad de priorizar su detección en el tamizaje y fortalecer las estrategias preventivas frente a este genotipo.

Respecto al tipo de infección, predominó la infección múltiple sobre la causada por un solo genotipo, con 61.9% y 38.1%, respectivamente. Este hallazgo coincide con lo reportado por Bedoya et al. en Ecuador (91.66%), Téllez et al. en Venezuela (53.93%) y Blanco en Costa Rica (64.7%). Sin embargo, difiere de Ponce y Rejas en Perú (9.9%) y de Hernández et al., quienes observaron predominio de infecciones únicas (68.01%) sobre múltiples (31.99%). De igual forma, en China, Luo et al. (2023), Wang et al. (2012), Liu et al. (2013) y Shen et al. (2023) reportaron menores tasas de coinfección: 19.5%, 17.93%, 18% y 23.17%,

respectivamente. Estas variaciones podrían atribuirse a factores epidemiológicos y conductuales, así como a la cobertura frente a genotipos específicos por parte de las vacunas y a aspectos metodológicos, en particular el espectro de detección de las técnicas empleadas, los cuales podrían influir en la identificación de infecciones múltiples.

Adicionalmente, se observó que las coinfecciones por dos genotipos fueron más comunes (31.7 %), seguidas por las de tres (28.6%) y cuatro genotipos (1.6%). Este hallazgo coincide con Wang et al. (2012), Liu et al. (2013) y Shen et al. (2023), quienes también reportaron predominio de infecciones duales con 15.97%, 16.4% y 16.70%, respectivamente. No obstante, difiere de Blanco (2014) y Bedoya et al. (2022), quienes encontraron mayor frecuencia de infecciones triples, con 30.3% y 21.01%. Las infecciones por cuatro o más genotipos fueron poco comunes, sin embargo, es importante destacar que Bedoya et al. (2022) y Shen et al. (2023) informaron casos de coinfecciones de hasta 13 y 10 genotipos, respectivamente. Estas diferencias podrían explicarse por el comportamiento sexual de la población estudiada, así como por factores biológicos, como la capacidad de persistencia de ciertos genotipos y el estado inmunológico del hospedero, los cuales podrían favorecer tanto la adquisición como la permanencia de múltiples genotipos.

En cuanto a las combinaciones de genotipos, el VPH-16 fue el más frecuente tanto en combinaciones de dos (25 %), tres (38.9 %) y cuatro genotipos (100 %), coincidiendo con Blanco (2014), quien también lo identificó como predominante en infecciones múltiples (26.5%). Entre las infecciones duales destacó la combinación VPH-16/53 (20%), similar a Liu et al. (2013) y Téllez et al. (2015), que reportaron combinaciones con VPH-16 entre las más comunes, como VPH-16/18 y VPH-16/31. En las infecciones triples predominó VPH-51/52/53 (16.7%), diferenciándose de Ponce y Rojas (2018) que reportan las combinaciones VPH-39/45/68 y VPH-40/43/91 como más comunes. Sin embargo, es consistente con Gallegos et al.

(2017), quienes reportaron una alta frecuencia de coinfecciones entre VPH-51/52 y otros genotipos. Finalmente, en las infecciones cuádruples, solo se registró un caso de VPH-16/51/53/66 (1.6%), a diferencia de Blanco (2014), que reportó a VPH-31/39/52/58 como la combinación cuádruple más frecuente (14.7%). Estas variaciones podrían explicarse por diferencias en la circulación de genotipos propias de cada región, así como por la capacidad de persistencia de cada genotipo específico.

En relación con las características clínicas, los resultados de la prueba de Papanicolaou mostraron que el 99.3% de las pacientes presentó citología normal, con predominio del Grado II (98.6%), mientras que el 0.7% correspondió a Grado I. Solo el 0.7% evidenció citología anormal, compatible con LSIL. Esto es comparable con Hernández et al. (2020), quienes reportaron 97.6% de citologías normales y bajas frecuencias de ASC-US (0.2%), LSIL (0.2%) y HSIL (0.3%). Sin embargo, difiere de otros estudios que reportan una mayor proporción de alteraciones citológicas, como Beyazit et al. (2018), quienes observaron un 72.1% de citologías normales, con predominio de ASC-US (16.4%) y LSIL (9.0%). De manera más marcada, Tsedenbal et al. (2018) documentaron solo un 59% de citologías normales, junto con una frecuencia considerable de ASC-US (12%), LSIL (8%), HSIL (7%) y carcinoma escamoso (14%), mientras que Caixeta et al. (2015) reportaron altas proporciones de ASC-US (50.0%) y LSIL (29.1%). Esta diferencia podría estar influenciada por el tamaño muestral limitado o por el momento evolutivo de la infección en la población estudiada, lo que limita la detección de lesiones más avanzadas y debe considerarse al interpretar los resultados.

En cuanto a la colpocervicitis, correspondiente a las pacientes con resultado de Papanicolaou grado II (inflamatorio), se observó una prevalencia de 98.6%, superior a la reportada por Caixeta et al. (2015), quienes informaron 83.2%. Esta elevada frecuencia podría explicarse por un sesgo de selección, ya que las pacientes fueron derivadas al laboratorio por

sospecha de alteraciones cervicales tras una evaluación ginecológica previa, lo que aumenta la probabilidad de detectar procesos inflamatorios. Por tanto, estos resultados deben interpretarse con cautela. Respecto a las categorías de colpocervicitis, se observó que el tipo moderado fue el más prevalente (36.3%), seguido del leve (34.9%) y el leve hipoestrogénico (19.9%). Entre las categorías observadas predominó la colpocervicitis moderada (36.3%), seguida de la leve (34.9%) y la leve hipoestrogénica (19.9%), mientras que la forma severa fue poco frecuente (0.7%). Sin embargo, la clasificación empleada responde a criterios clínicos locales no descritos de forma similar en la literatura revisada, lo que limita la comparación con otros estudios y evidencia la necesidad de una estandarización en la clasificación de esta condición.

En cuanto a las asociaciones entre las variables analizadas, la frecuencia de infección por VPH según grupo etario mostró mayor proporción de casos positivos en el grupo de 35 a 44 años (13.5%). Este hallazgo es consistente con lo reportado por Liu et al. (2021), quienes identificaron en este mismo grupo la mayor tasa de infección (38.4%), así como con Hernández et al. (2020) y Geng y Liu (2019), que encontraron una mayor prevalencia de infección en grupos de 36-50 años (5.8%) y 31-45 años (46,9%), respectivamente. Sin embargo, difiere con Lin et al. (2022), quienes documentaron tasas más altas de infección en grupos de edad avanzada, como los de 61 a 65 años (35.66%). Al respecto, Okunade (2020) argumenta que la edad juega un papel crucial en el riesgo de infección por VPH, siendo más frecuente en mujeres jóvenes sexualmente activas, entre los 18 y 30 años, y disminuyendo significativamente después de los 30 años. Sin embargo, el cáncer de cuello uterino se presenta con mayor frecuencia en mujeres mayores de 35 años, lo que indica que la infección por VPH puede adquirirse a edades tempranas y progresar hacia un cáncer en etapas posteriores de la vida.

Al evaluar la infección por VPH según el resultado del Papanicolaou, el 41.9% correspondió a pacientes VPH positivas con citología normal, mientras que solo el 0.7%

presentó LSIL. Estos hallazgos se alinean con los de Hernández et al. (2020), quienes reportaron baja frecuencia de alteraciones citológicas en pacientes VPH positivas, con LSIL en 0.2% de los casos. Estas observaciones sugieren que la infección por VPH no siempre genera alteraciones citológicas detectables mediante el PAP, ya que, como señalan Sendagorta et al. (2019), en la mayoría de los casos la infección por VPH suele ser transitoria y asintomática, y el desarrollo de lesiones está asociado a la persistencia viral, favorecida por el estado inmunológico, la edad, las múltiples parejas sexuales y el genotipo específico del virus, por lo que la ausencia de estas condiciones podría disminuir el riesgo de desarrollar alteraciones citológicas. En relación con la colpocervicitis, el 98.4% de las pacientes VPH positivas presentó esta condición, en concordancia con Geng y Liu (2019), quienes reportaron cervicitis en 79.9% de casos con infección por VPH. En cuanto a las categorías, la forma moderada predominó en pacientes VPH positivas (16.4%), mientras que en las VPH negativas predominó la forma leve (21.2%). Estos hallazgos podrían explicarse por la respuesta inflamatoria inducida por el VPH en el epitelio cervical, aunque deben interpretarse con cautela debido a la etiología multifactorial de la colpocervicitis.

En cuanto a la distribución de genotipos de VPH según grupo etario, el grupo de 35 a 44 años presentó la mayor cantidad de genotipos detectados (37/122), con predominio de VPH-53 (6/37) y VPH-16 (5/37), seguido de 45 a 59 años (35/122), donde destacó VPH-53 (7/35), y de 25 a 34 años (32/122), con predominio de VPH-51 (6/32). Esto coincide parcialmente con los hallazgos de Liu et al. (2021), quienes también identificaron al grupo de 35 a 44 años con la mayor carga de genotipos (438/1140), pero con predominancia de VPH-52 (21.62%) y VPH-16 (20.43%). Asimismo, Al-Shammari et al. (2022) reportaron alta frecuencia de VPH-16 en el grupo de 41 a 50 años y de VPH-33 en el de 51 a 60 años, similar a la presencia relevante de VPH-33 en 45 a 59 años (6/35). En contraste, Wang et al. (2012) asociaron VPH-58 y VPH-33 a edades mayores, relación que no se evidenció en el presente estudio. Estas variaciones

podrían explicarse por la combinación entre la exposición acumulada al virus a lo largo del tiempo, junto con los cambios en la respuesta inmunológica que varía con la edad, lo que influiría en la capacidad del organismo para eliminar la infección.

Al analizar la frecuencia de genotipos según resultados del Papanicolaou, se observó que el VPH-16, VPH-33 y VPH-53 fueron los más frecuentes en pacientes con resultado normal, mientras que el único caso de LSIL presentó VPH-51, VPH-52 y VPH-53. Estos hallazgos coinciden con Tsedenbal et al. (2018), quienes reportaron VPH-16 como predominante en citología normal y cáncer cervical, además de VPH-52 en LSIL, y con Liu et al. (2021) y Luo et al. (2023), quienes asociaron VPH-52 con LSIL. En este sentido, la presencia de genotipos del VPH en casos de PAP normal podría atribuirse a la necesidad de persistencia viral para generar alteraciones citológicas, no obstante, esto debe interpretarse con cautela debido a la ausencia de significancia estadística en esta asociación. En relación con la colpocervicitis, el VPH-33 fue el más frecuente en pacientes con esta condición (20/119), predominando en casos leves (7/20), mientras que en la forma moderada destacaron VPH-53 (8/18) y VPH-16 (8/17), similar a Geng y Liu (2019), quienes también identificaron VPH-16 y VPH-53 como genotipos frecuentes en cervicitis, sin diferenciarla por severidad. Estos resultados sugieren posibles diferencias en la respuesta inflamatoria según genotipo, aunque deben interpretarse con cautela por la naturaleza multifactorial de la colpocervicitis.

Respecto a la distribución del tipo de infección por VPH según la edad, se observó que tanto infecciones únicas como múltiples fueron más frecuentes en pacientes de mediana edad (35 a 44 años), con tasas del 12.7% y 19.0%, respectivamente. Estos hallazgos guardan cierta concordancia con lo reportado por Lin et al. (2022), quienes identificaron una mayor frecuencia de infecciones tanto únicas como múltiples en mujeres jóvenes y en grupos de mayor edad (56 a 70 años). Asimismo, Wang et al. (2012) encontraron una asociación significativa entre las

infecciones múltiples y la edad avanzada ($p < 0,05$). Este patrón podría estar relacionado a una mayor exposición acumulada a factores de riesgo a lo largo de la vida sexual, que favorecería la persistencia del virus en este grupo etario. No obstante, esta interpretación debe considerarse con cautela, ya que el presente estudio no evaluó variables como el comportamiento sexual u otros factores de riesgo asociados.

En cuanto al tipo de infección según los resultados del Papanicolaou, todas las infecciones únicas presentaron citología normal (38.1%), mientras que en las múltiples predominó la citología normal (60.3%) y solo el 1.6% mostró LSIL. La mayoría de los hallazgos normales correspondió al grado II, los cuales se asociaron a diferentes tipos de colpocervicitis. Estos resultados coinciden con Hernández et al. (2020), quienes reportaron mayor citología normal con cambios inflamatorios en infecciones únicas (8.7%) frente a las múltiples (4.8%), y con Tsedenbal et al. (2018), quienes hallaron LSIL exclusivamente en infecciones múltiples (100%). En relación con la colpocervicitis, las infecciones únicas se asociaron principalmente a la forma leve (16.1%), mientras que las múltiples fueron más frecuentes en la forma moderada (25.8%). Sin embargo, no se evidenció asociación estadísticamente significativa entre el tipo de infección y la severidad inflamatoria. Estos hallazgos sugieren que las infecciones múltiples podrían generar mayor respuesta inflamatoria, al involucrar una interacción entre diferentes genotipos de VPH y una mayor carga viral, aunque la falta de significancia estadística sugiere la necesidad de aumentar el tamaño muestral.

CONCLUSIONES

- La frecuencia de infección por VPH en las pacientes atendidas en el laboratorio “Genética Lab S.A.C.” durante el periodo enero 2022 – agosto 2024 fue del 42.6%, predominando los genotipos VPH-33 (16.4%), VPH-53 (15.6%) y VPH-16 (13.9%). Las infecciones múltiples fueron las más comunes (61.9%), con mayor prevalencia de coinfecciones de dos genotipos (31.7%), siendo la combinación VPH-16/53 la más frecuente (20%).
- En relación a las características clínicas, predominó el grupo etario de 25 a 34 años (31.8%), seguido de 35 a 44 años (28.4%) y 45 a 59 años (27.7%). Asimismo, el 99.3% de las pacientes presentó citología normal, predominando el Grado II (inflamatorio) en el 98.6%, mientras que el 0.7% restante presentó citología anormal, correspondiente a LSIL. Dentro del subgrupo de pacientes con colpocervicitis (PAP grado II), el tipo moderado fue el más frecuente, registrándose en el 36.3% de los casos.
- El análisis de asociación entre las variables no evidenció asociaciones estadísticamente significativas entre la infección por VPH, los genotipos virales y el tipo de infección con la edad, los resultados del Papanicolaou ni los tipos de colpocervicitis, según el Test Exacto de Fisher ($p > 0.05$ en todos los casos).

RECOMENDACIONES

- Ampliar el tamaño muestral mediante la extensión del periodo de estudio o su implementación en otras regiones del Perú. Esto facilitará la identificación de patrones de infección y asociaciones clínicas que puedan variar según las diferencias geográficas y sociodemográficas, tal como lo sugiere la literatura.
- Incluir otras características clínicas y/o epidemiológicas relevantes, como resultados de inspección visual con ácido acético (IVAA), antecedentes de infecciones de transmisión sexual, número de parejas sexuales, uso de métodos anticonceptivos, entre otros factores asociados al VPH y al riesgo de cáncer cervical.
- Para muestras más grandes, sería apropiado emplear métodos estadísticos multivariados, como la regresión logística, para evaluar de manera más precisa la asociación entre las variables estudiadas.

REFERENCIAS

- Aguilar, J. T., Ortiz Tejedor, J. G., & Vizhñay Guzmán, M. G. (2024). Genotipos de alto riesgo del virus del papiloma humano en mujeres de América Latina y el Caribe. *Revista Vive*, 7(21), 788–802. <https://doi.org/10.33996/revistavive.v7i21.339>
- Al-Hadeithi, Z. S. M., Jasim, S. A., & Salahldina, O. D. (2022). Detection and genotyping of papillomavirus by real-time PCR in Iraqi patients. *Archives of Clinical Infectious Diseases*, 17(3). <https://doi.org/10.5812/archcid-121143>
- Al-Shammari, F. D., Alharbi, S. A., Humaida, M. I., Abdalhabib, E. K., Babikir Bealy, M. A., Elkhalfa, A. E. O., & Agabeldour, A. A. (2022). Human papillomavirus genotypes associated with cervical intraepithelial lesions among Saudi women. *European Review for Medical and Pharmacological Sciences*, 26(17), 6367–6373. https://doi.org/10.26355/eurrev_202209_29663
- Andreeva, M., & Zakharova, K. (2022). HPV-associated cervicitis. *Gynecology*, 24(6), 539–542. <https://gynecology.orscience.ru/2079-5831/article/view/106984/pdf>
- Araldi, R. P., Sant’Ana, T. A., Módolo, D. G., de Melo, T. C., Spadacci-Morena, D. D., de Cássia Stocco, R., Cerutti, J. M., & de Souza, E. B. (2018). The human papillomavirus (HPV)-related cancer biology: An overview. *Biomedicine & Pharmacotherapy*, 106, 1537–1556. <https://doi.org/10.1016/j.biopha.2018.06.149>
- Banerjee, D., Mittal, S., Mandal, R., & Basu, P. (2022). Screening technologies for cervical cancer: Overview. *CytoJournal*, 19, 23. https://doi.org/10.25259/cmas_03_04_2021

- Bedell, S. L., Goldstein, L. S., Goldstein, A. R., & Goldstein, A. T. (2020). Cervical cancer screening: Past, present, and future. *Sexual Medicine Reviews*, 8(1), 28–37.
<https://doi.org/10.1016/j.sxmr.2019.09.005>
- Bedoya, C. H., Soto, Y., Espinosa, M., Chedraui, P., Escobar, G. S., Loja, R., Sánchez, S., & Kourí, V. (2022). Infecciones múltiples por Alphapapillomavirus, especie 9, en mujeres ecuatorianas con lesiones intraepiteliales y cáncer cervicouterino. *Revista Cubana de Medicina Tropical*, 74(1).
http://scielo.sld.cu/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0375-07602022000100004
- Beltrán, L. J., García, R., Andrade, V., Vázquez, L., Félix, C. A., & Álvarez, A. S. (2022). Comparación del Papanicolaou con técnica convencional frente a técnica modificada. *Revista Médica del Instituto Mexicano del Seguro Social*, 60(2), 164–170.
<https://docs.bvsalud.org/biblioref/2022/04/1367405/4343-30023-1-pb.pdf>
- Berman, T. A., & Schiller, J. T. (2017). Human papillomavirus in cervical cancer and oropharyngeal cancer: One cause, two diseases. *Cancer*, 123(12), 2219–2229.
<https://doi.org/10.1002/cncr.30588>
- Beyazit, F., Silan, F., Gencer, M., Aydin, B., Paksoy, B., Unsal, M. A., & Ozdemir, O. (2018). The prevalence of human papillomavirus genotypes detected by PCR in women with normal and abnormal cervicovaginal cytology. *Ginekologia Polska*, 89(2), 62–67. <https://doi.org/10.5603/GP.a2018.0011>
- Blanco, A. L. (2014). *Determinación de genotipos del Virus de Papiloma Humano y análisis con el marcador inmunohistoquímico Ki67 en biopsias con displasia cervical de pacientes del Hospital Dr. Max Peralta de Cartago durante el año 2013*. [Tesis de licenciatura, Universidad de Costa Rica].

https://cihata.ucr.ac.cr/sites/default/files/2022-06/2014%20LBC.Determinaci%C3%B3n%20de%20genotipos%20del%20Virus%20de%20Papiloma%20Humano..._0_0.pdf

Bruni, L., Albero, G., Rowley, J., Alemany, L., Arbyn, M., Giuliano, A. R., Markowitz, L. E., Broutet, N., & Taylor, M. (2023). Global and regional estimates of genital human papillomavirus prevalence among men. *The Lancet Global Health*, 11(9), e1345–e1362. [https://doi.org/10.1016/s2214-109x\(23\)00305-4](https://doi.org/10.1016/s2214-109x(23)00305-4)

Caixeta, R. C. A., Ribeiro, A. A., Segatti, K. D., Saddi, V. A., Figueiredo Alves, R. R., dos Santos Carneiro, M. A., & Rabelo-Santos, S. H. (2015). Association between the human papillomavirus, bacterial vaginosis and cervicitis and the detection of abnormalities in cervical smears from teenage girls and young women: HPV, BV, Cervicits and Cervical Smear Abnormalities. *Diagnostic Cytopathology*, 43(10), 780–785. <https://doi.org/10.1002/dc.23301>

Ciapponi, A., Bardach, A., Glujovsky, D., Gibbons, L., & Picconi, M. A. (2011). Type-specific HPV prevalence in cervical cancer and high-grade lesions in Latin America and the Caribbean: Systematic review and meta-analysis. *PLOS ONE*, 6(10), e25493. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0025493>

Cordero, J. (2006). Nomenclatura y diagnóstico de las lesiones intraepiteliales cervicales. *Revista de Ciencias Médicas La Habana*, 12(1). <https://revcmhabana.sld.cu/index.php/rcmh/article/view/220/html>

De San José, S., Brotons, M., & Pavón, M. A. (2018). The natural history of human papillomavirus infection. *Best Practice & Research Clinical Obstetrics & Gynaecology*, 47, 2–13. <https://doi.org/10.1016/j.bpobgyn.2017.08.015>

- Del Valle-Mendoza, J., Becerra-Goicochea, L., Aguilar-Luis, M. A., Pinillos-Vilca, L., Carrillo-Ng, H., Silva-Caso, W., Palomares-Reyes, C., Taco-Masias, A.-A., Aquino-Ortega, R., Tinco-Valdez, C., Tarazona-Castro, Y., Sarmiento-Ramírez, C.-W., & Del Valle, L. J. (2021). Genotype-specific prevalence of human papillomavirus infection in asymptomatic Peruvian women: A community-based study. *BMC Research Notes*, 14, 172. <https://doi.org/10.1186/s13104-021-05588-7>
- Ding, Y.-Q., Yu, J., Wang, R.-Q., & Sang, L. (2023). Clinical and epidemiological features of high-risk human papillomavirus infection in patients with cervical intraepithelial lesions. *BMC Women's Health*, 23, 468. <https://doi.org/10.1186/s12905-023-02583-x>
- Geng, Y., & Liu, L. (2019). Human papillomavirus genotypes and infection among women in Changzhou, China. *Human Vaccines & Immunotherapeutics*, 15(7–8), 1884–1888. <https://doi.org/10.1080/21645515.2019.1611159>
- Halim, A., Azani Mustafa, W., Khairunizam Wan Ahmad, W., A. Rahim, H., & Sakeran, H. (2021). Nucleus detection on Pap smear images for cervical cancer diagnosis: A review analysis. *Oncologie (Paris, France)*, 23(1), 73–88. <https://doi.org/10.32604/oncologie.2021.015154>
- Han, X., Song, G., Li, Y., Dong, Z., Yan, X., Wang, S., Tian, H., Wu, X., Li, C., & Huo, Y. (2021). Prevalence and genotype distribution of human papillomavirus infection among women aged 30–65 years in Xi'an, China: A population-based study of 14,655 women. *Human Vaccines & Immunotherapeutics*, 17(12), 5439–5446. <https://doi.org/10.1080/21645515.2021.2007709>
- Hernández, F., Orozco-Hernández, E., Maza-Sánchez, L., Salgado-García, P. C., Navarro-Vidal, E., & León-Bautista, M. P. de. (2021). Prevalence and correlation of human

papillomavirus genotypes with clinical factors in cervical samples from Mexican women. *Experimental Biology and Medicine* (Maywood, N.J.), 246(1), 48–56.

<https://doi.org/10.1177/1535370220959747>

Hesselink, A. T., Berkhof, J., van der Salm, M. L., van Splunter, A. P., Geelen, T. H., van Kemenade, F. J., Bleeker, M. G. B., & Heideman, D. A. M. (2014). Clinical validation of the HPV-risk assay, a novel real-time PCR assay for detection of high-risk human papillomavirus DNA by targeting the E7 region. *Journal of Clinical Microbiology*, 52(3), 890–896. <https://doi.org/10.1128/JCM.03195-13>

Iqbal, U., & Wills, C. (2023). Cervicitis. In *StatPearls*. StatPearls Publishing.

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK562193/>

Jassim, T., & Al-Faisal, A. H. M. (2018). Qualitative detection of high risk HPV and genotyping associated cervical abnormalities. *Pakistan Journal of Biotechnology*, 15(2), 561–566. <https://pjbt.org/index.php/pjbt/article/view/431>

Kombe, A. J., Li, B., Zahid, A., Mengist, H. M., Bounda, G.-A., Zhou, Y., & Jin, T. (2021). Epidemiology and burden of human papillomavirus and related diseases, molecular pathogenesis, and vaccine evaluation. *Frontiers in Public Health*, 8. <https://doi.org/10.3389/fpubh.2020.552028>

Lin, X., Chen, L., Zheng, Y., Yan, F., Li, J., Zhang, J., & Yang, H. (2022). Age-specific prevalence and genotype distribution of human papillomavirus in women from Northwest China. *Cancer Medicine*, 11(22), 4366–4373. <https://doi.org/10.1002/cam4.4732>

- Liu, F., Chang, L., Bai, T., Liu, X., & Hu, J. (2021). Association of human papillomavirus genotype distribution and cervical cytology: A cross-sectional study. *Epidemiology and Infection*, 149, e95. <https://doi.org/10.1017/s0950268821000741>
- Liu, W., Wu, E.-Q., Yu, X.-H., Feng, L.-H., Jiang, C.-L., Zha, X., & Kong, W. (2013). Detection of human papillomavirus genotypes associated with mucopurulent cervicitis and cervical cancer in Changchun, China. *International Journal of Gynaecology and Obstetrics*, 120(2), 124–126. <https://doi.org/10.1016/j.ijgo.2012.07.032>
- Luo, Q., Zeng, X., Luo, H., Pan, L., Huang, Y., Zhang, H., & Han, N. (2023). Epidemiologic characteristics of high-risk HPV and the correlation between multiple infections and cervical lesions. *BMC Infectious Diseases*, 23, 667. <https://doi.org/10.1186/s12879-023-08634-w>
- Manterola, C., Quiroz, G., Salazar, P., & García, N. (2019). Metodología de los tipos y diseños de estudio más frecuentemente utilizados en investigación clínica. *Revista Médica Clínica Las Condes*, 30(1), 36–49. <https://doi.org/10.1016/j.rmclc.2018.11.005>
- Mayer, C., & Mahdy, H. (2023). Abnormal Papanicolaou smear. In *StatPearls*. StatPearls Publishing. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK560850/>
- Medina, G. A., Ticona Ramos, D. M., Mares Cuadros, C. A., & Quequezana Guevara, R. M. (2025). The prevalence of human papillomavirus genotypes in women with precancerous lesions and cervical cancer in Arequipa, Peru. *Life*, 15(2), 267. <https://doi.org/10.3390/life15020267>

- Mkrtchian, L. S., Kiseleva, V. I., Krikunova, L. I., Boyko, B. V., Gusarova, V. R., Bezyaeva, G. P., Panarina, L. V., Ivanov, S. A., Kaprin, A. D., & Zamulaeva, I. A. (2024). Status and molecular genetic parameters of papillomavirus infection: Individual characteristics and associative links with clinical and morphological factors of cervical cancer. *South Russian Journal of Cancer*, 5(2), 53–65.
<https://doi.org/10.37748/2686-9039-2024-5-2-6>
- Njue, J. K. (2022). *Human papillomavirus prevalence, genotypes, and factors associated with cervical abnormalities among HIV-positive and negative women in Eastern and Central regions, Kenya* (Doctoral dissertation, Kenyatta University). Kenyatta University. <https://ir-library.ku.ac.ke/server/api/core/bitstreams/d9dfd8c6-b191-420f-b566-f31fcb791de/content>
- Okunade, K. S. (2020). Human papillomavirus and cervical cancer. *Journal of Obstetrics and Gynaecology*, 40(5), 602–608. <https://doi.org/10.1080/01443615.2019.1634030>
- Pal, A., & Kundu, R. (2019). Human papillomavirus E6 and E7: The cervical cancer hallmarks and targets for therapy. *Frontiers in Microbiology*, 10, 3116.
<https://doi.org/10.3389/fmicb.2019.03116>
- Ponce, L. A., & Rejas, P. A. (2018). *Frecuencia y coinfección entre genotipos del virus del papiloma humano en una población de mujeres asintomáticas en el norte del Perú* (Tesis de pregrado, Universidad Peruana de Ciencias Aplicadas). Universidad Peruana de Ciencias Aplicadas.
https://repositorioacademico.upc.edu.pe/bitstream/handle/10757/624829/PonceB_L.pdf?sequence=1&isAllowed=y

- Ponce-Benavente, L., Rejas-Pinelo, P., Aguilar-Luis, M. A., Palomares-Reyes, C., Becerra-Goicochea, L., Pinillos-Vilca, L., Silva-Caso, W., Costa, L. E., Weilg, P., Alvitrez-Arana, J., Bazán-Mayra, J., & Del Valle-Mendoza, J. (2018). Frequency and coinfection between genotypes of human papillomavirus in a population of asymptomatic women in northern Peru. *BMC Research Notes*, 11(1), 530. <https://doi.org/10.1186/s13104-018-3644-7>
- Prétet, J.-L., Baraquin, A., Chung, P. Y. J., Puget, L., Dhillon, S. K., Tkachenka, Y., Jacquot, K., Lepiller, Q., Broeck, D. V., & Arbyn, M. (2024). The Sansure® human papillomavirus DNA diagnostic kit offers excellent reproducibility performance for the detection of high-risk HPV. *Journal of Medical Virology*, 96(10), e29961. <https://doi.org/10.1002/jmv.29961>
- Quinlan, J. D. (2021). Human papillomavirus: Screening, testing, and prevention. *American Family Physician*, 104(2), 152–159. <https://www.aafp.org/pubs/afp/issues/2021/0800/p152.html>
- San José, S., Brotons, M., & Pavón, M. A. (2018). The natural history of human papillomavirus infection. *Best Practice & Research. Clinical Obstetrics & Gynaecology*, 47, 2–13. <https://doi.org/10.1016/j.bpobgyn.2017.08.015>
- Sendagorta, E., Burgos-Cibrián, J., & Rodríguez-Iglesias, M. (2019). Genital infections due to the human papillomavirus. *Enfermedades Infecciosas y Microbiología Clínica*, 37(5), 324–334. <https://doi.org/10.1016/j.eimce.2019.01.003>
- Shen, Y., Huang, Y., Wang, W., Zhang, J., Chen, X., Zhang, L., Huang, X., & Ge, Y. (2023). Prevalence and genotype distribution of HPV infection among women in Xiamen,

China. *Frontiers in Microbiology*, 14, 1130226.

<https://doi.org/10.3389/fmicb.2023.1130226>

Solis-Ponce, L., Stosic, M., Curicó, G., Espetia, S., Sanchez-Grandez, H., Hassan, S. S., Basiletti, J., Sørensen, K., Acuña-Barrios, M., Huarca-Balbin, L., Yaya-Ríos, M., Vilcarino-Zevallos, G., Lopez, R., Matos, A., Ramal-Asayag, C., Obregon, G., & Arroyo Mühr, L. S. (2025). Genotype distribution and molecular characterization of HPV in the Peruvian Amazon: Insights into prevalence, lineage diversity, and viral integration. *Scientific Reports*, 15, 32535. <https://doi.org/10.1038/s41598-025-18455-3>

Stratton, J. (2019). El VPH y el cáncer cervical en el Perú: Las diferencias de accesibilidad entre las mujeres de las zonas rurales y urbanas / HPV and cervical cancer in Peru: The differences in accessibility for rural and urban women. *James Madison Undergraduate Research Journal*, 6(1), 67–79. <http://commons.lib.jmu.edu/jmurj/vol6/iss1/7>

Téllez, L., Michelli, E., Mendoza, J. A., Vielma, S., Noguera, M.-E., Callejas, D., Cavazza, M., & Correnti, M. (2015). Persistent infection with high-risk human papillomavirus: Cohort study, Mérida, Venezuela. *Ecancermedicalscience*, 9, 579. <https://doi.org/10.3332/ecancer.2015.579>

Torres, M., Fraile, L., Echevarría, J., Hernández Novoa, B., & Ortiz, M. (2012). Human papillomavirus genotyping: Automation and application in routine laboratory testing. *The Open Virology Journal*, 6(1), 144–150. <https://doi.org/10.2174/1874357901206010144>

- Totaro, M. E., Gili, J. A., Liotta, D. J., Schurr, T. G., Picconi, M. A., & Badano, I. (2022). Genetic variation in the E6 and E7 genes of human papillomavirus type 16 in northeastern Argentina. *Journal of Medical Virology*, 94(2), 745–751. <https://doi.org/10.1002/jmv.27359>
- Tsedenbal, B., Yoshida, T., Enkhbat, B., Gotov, U., Sharkhuu, E., Saio, M., & Fukuda, T. (2018). Human papillomavirus genotyping among women with cervical abnormalities in Ulaanbaatar, Mongolia. *International Journal of Infectious Diseases*, 77, 8–13. <https://doi.org/10.1016/j.ijid.2018.09.018>
- Wagner, M., Bennetts, L., Patel, H., Welner, S., de Sanjose, S., & Weiss, T. W. (2015). Global availability of data on HPV genotype distribution in cervical, vulvar and vaginal disease and genotype-specific prevalence and incidence of HPV infection in females. *Infectious Agents and Cancer*, 10, 13. <https://doi.org/10.1186/s13027-015-0008-y>
- Wang, J., Li, H., Zhang, J., Wang, H., Li, Y., Liu, Z., & Liu, H. (2024). Epidemiology and genotype analysis of human papillomavirus infection in Beijing, China. *Virology Journal*, 21, 19. <https://doi.org/10.1186/s12985-024-02292-3>
- Wang, S., Wei, H., Wang, N., Zhang, S., Zhang, Y., Ruan, Q., Jiang, W., Xiao, Q., Luan, X., Qian, X., Zhang, L., Gao, X., & Sun, X. (2012). The prevalence and role of human papillomavirus genotypes in primary cervical screening in the northeast of China. *BMC Cancer*, 12, 160. <https://doi.org/10.1186/1471-2407-12-160>
- Wu, J., Ding, C., Liu, X., Zhou, Y., Tian, G., Lan, L., Chen, C., Yan, D., Huang, C., Fu, X., Li, L., & Yang, S. (2021). Worldwide burden of genital human papillomavirus

- infection in female sex workers: A systematic review and meta-analysis. *International Journal of Epidemiology*, 50(2), 527–537. <https://doi.org/10.1093/ije/dyaa289>
- Young, C., & Argáez, C. (2017). Management and treatment of cervicitis: A review of clinical effectiveness and guidelines. *Canadian Agency for Drugs and Technologies in Health*. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK525875/>
- Zhao, S., Zhao, X., Hu, S., Lu, J., Duan, X., Zhang, X., Chen, F., & Zhao, F. (2019). Distribution of high-risk human papillomavirus genotype prevalence and attribution to cervical precancerous lesions in rural North China. *Chinese Journal of Cancer Research*, 31(4), 663–672. <https://doi.org/10.21147/j.issn.1000-9604.2019.04.10>
- Zhou, Y.-X., Ma, X.-H., Wang, T.-T., Qu, X.-L., & Zhang, X.-Q. (2024). Analysis of age-specific and genotype distribution of HPV multiple infections in the Chinese population. *Scientific Reports*, 14, 2678. <https://doi.org/10.1038/s41598-024-53271-1>

ANEXOS

Anexo 1

Solicitud de autorización de acceso a la información remitida al gerente de “Genética Lab S.A.C.”.

"Año del Bicentenario, de la consolidación de nuestra Independencia, y de la conmemoración de las heroicas batallas de Junín y Ayacucho"

Solicito: Autorización para acceso a información

Lic. Javier Salazar Vásquez
Gerente de Genética Lab S.A.C.

Nosotros, TOMÁS ANTONIO RODAS VARGAS y KEIZO JEAN PIERO DÁVILA CUEVA, identificados con DNI N° 72212898 y 76021325, respectivamente, egresados de la Facultad de Ciencias Biológicas de la Universidad Nacional Pedro Ruiz Gallo de Lambayeque, ante usted respetuosamente nos presentamos y exponemos:

Es de nuestro interés realizar un estudio titulado **"Frecuencia de genotipos del Virus del Papiloma Humano (VPH) y su asociación con características clínicas en pacientes atendidas en el laboratorio “Genética Lab S.A.C., enero de 2022 - agosto de 2024”**, como requisito para la obtención del grado académico de Licenciados en Biología. Para ello, solicitamos acceder a la información clínica de las pacientes atendidas en el servicio de tamizaje de cáncer de cuello uterino de Genética Lab en el periodo comprendido entre enero de 2022 y agosto de 2024.

Los datos solicitados para esta investigación deberán corresponder a:

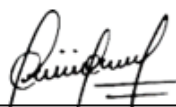
1. Resultados del diagnóstico de VPH (positivo o negativo).
2. Genotipos de VPH detectados.
3. Resultados de la prueba de Papanicolaou.
4. Edad de las pacientes.

Agradeciendo anticipadamente la atención que nos brinde a la presente, nos despedimos reiterándole nuestras muestras de respeto hacia su persona. Asimismo, enfatizamos nuestro compromiso con la confidencialidad y ética en el manejo de los datos que nos proporcione, destacando que serán usados únicamente para fines académicos y no será compartida con terceros.

Cordialmente,



Tomás Antonio Rodas Vargas
DNI: 72212898



Keizo Jean Piero Dávila Cueva
DNI: 76021325

Chiclayo, 15 de agosto de 2024.

Anexo 2

Constancia de Categorización de Genética Lab S.A.C. como Servicio Médico de Apoyo – UPSS Patología clínica, que acredita a la empresa para ejercer actividades de diagnóstico molecular en el sector privado.

GOBIERNO REGIONAL LAMBAYEQUE SALUD LAMBAYEQUE DIRECCION EJECUTIVA DE SALUD INTEGRAL A LAS PERSONAS	
RESOLUCION DIRECTORAL EJECUTIVA N° 000094-2024-GR.LAMB/GERESA-DESIP [215240807 - 7]	
actividades de atención directa y de soporte, ha concluido satisfactoriamente el proceso de categorización y/o clasificación y por lo tanto se le debe asignar una clasificación;	
En uso de las facultades conferidas en el Decreto Regional N° 043-2013-GR. LAMB/PR que aprueba el Manual de Organización y Funciones del Gobierno Regional Lambayeque, así como con las facultades que confiere la Resolución Gerencial Regional N° 619-2016-GR. LAMB/GERESA que autoriza la delegación de facultades para Emisión de Resolución Directoral Ejecutiva de Salud Integral a las Personas a cargo de su Director Ejecutivo, con RESOLUCION GERENCIAL REGIONAL N° 000394-2024-GR.LAMB/GERESA-L [515288499 - 6] y con la opinión favorable de la Jefa de la Oficina de Servicios de Salud;	
SE RESUELVE:	
ARTÍCULO PRIMERO. – OTORGAR la CLASIFICACIÓN, como SERVICIO MÉDICO DE APOYO - UPSS PATOLOGÍA CLÍNICA a la IPRESS:	
Razón Social	: GENETICA LAB SOCIEDAD ANÓNIMA CERRADA
Nombre Comercial	: GENETICA LAB. CLINICO Y BIOMOLECULAR
RUC.	: 20608700855
Representante Legal	: JAVIER SALAZAR VÁSQUEZ, DNI N° 40724303
Clasificación	: PATOLOGÍA CLÍNICA
Código Único RENIPRESS	: 00034647
Horario de Atención	: 8 horas (8:00 -13:30 y 16:00 - 18:30)
Dirección	: CALLE LOS FAIQUES N° 140 - URB. SANTA VICTORIA – DISTRITO CHICLAYO – PROVINCIA CHICLAYO – DEPARTAMENTO LAMBAYEQUE.
Cuadro UPSS 01	
TIPO	CLASIFICACIÓN
SERVICIO MÉDICO DE APOYO	PATOLOGÍA CLÍNICA:
	Pruebas rápidas y toma de muestras biológicas. Procedimientos de Bioquímica, Hematología, Microbiología e Inmunología. Procedimiento de Biología Molecular. Actividad de referencias y contrarreferencias, actividad de desinfección y esterilización, actividad de salud ambiental, actividad de registro de atención de salud e información, Actividad de Vigilancia epidemiológica.
ARTICULO SEGUNDO. – La Clasificación otorgada tiene una VIGENCIA de 03 (TRES) años; en caso varíe su complejidad, el responsable técnico del establecimiento de salud debe comunicar dentro del plazo máximo de treinta (30) días calendario de ocurrido el hecho que motiva dicha comunicación y solicitar un nuevo proceso de categorización.	
ARTÍCULO TERCERO. – El Comité Técnico de Categorización de la Gerencia Regional de Salud de Lambayeque, comunicará a través del aplicativo web, al responsable de la IPRESS "GENETICA LAB SOCIEDAD ANÓNIMA CERRADA", el presente acto Resolutivo.	

Anexo 3

Autorización para uso de datos emitida por el Gerente general de “Genética Lab S.A.C.”.



Señores:
Tomás Antonio Rodas Vargas y Keizo Jean Piero Dávila Cueva
Tesisistas de la Facultad de Biológicas – UNPRG

ASUNTO: AUTORIZACIÓN PARA USO DE DATOS

Les saludo cordialmente y luego de recibir vuestra solicitud, comprendo la necesidad del uso de nuestros registros clínicos ÚNICAMENTE PARA FINES ACADÉMICOS, por ello les comunico:

1° Que **AUTORIZO** y pongo a disposición la información necesaria a los tesisistas en mención POR ÚNICA VEZ y con el fin de ejecutar su Proyecto de Tesis denominado:

"Frecuencia de genotipos del Virus del Papiloma Humano (VPH) y su asociación con características clínicas en pacientes atendidas en el laboratorio Genética Lab S.A.C., enero de 2022 – agosto de 2024".

2° Que los datos que serán puestos a disposición corresponden al periodo solicitado por los tesisistas, los cuales deben ser tratados con el compromiso de confidencialidad y bajo las normas de ética que corresponden para el manejo de la información.

30 de agosto de 2024

Atte.



Econ. Javier Salazar Vásquez
Gerente General de Genética Lab S.A.C.

074 652709 913 948 857

Calle Los Faiques 140 Urb.Santa Victoria- Chiclayo

informes@geneticallaboratorio.com

Anexo 4

Instrumento de recolección de datos elaborado para el estudio.

Código del Paciente	Edad	Resultado PAP	Tipo de colpocervicitis (PAP grado II)	Infección por VPH (positivo/negativo)	Genotipos detectados	Tipo de infección (única/múltiple)	Fecha
GL-001							
GL-002							
GL-003							
GL-004							
GL-005							
GL-006							
GL-007							
GL-008							
GL-009							
GL-010							
GL-011							
GL-012							
GL-013							
GL-014							
GL-015							
GL-016							
GL-017							
GL-018							
GL-019							
GL-020							
GL-021							
...							
GL-n							

Anexo 5

Combinaciones de genotipos de VPH detectados en las pacientes atendidas en el laboratorio “Genética Lab S.A.C.”, Chiclayo, enero 2022 – agosto 2024.

Infección doble			Infección triple			Infección cuádruple		
Genotipos	n	%	Genotipos	n	%	Genotipos	n	%
VPH-16/33	1	5	VPH-51/52/53	3	16.7	VPH-16/51/53/66	1	100
VPH-52/33	2	10	VPH-16/35/51	1	5.6			
VPH-52/56	1	5	VPH-16/52/53	1	5.6			
VPH-35/56	1	5	VPH-16/35/59	1	5.6			
VPH-18/33	1	5	VPH-16/51/53	1	5.6			
VPH-16/53	4	20	VPH-16/18/33	1	5.6			
VPH-51/53	1	5	VPH-16/33/59	1	5.6			
VPH-59/66	1	5	VPH-18/33/56	1	5.6			
VPH-31/52	1	5	VPH-18/53/66	1	5.6			
VPH-18/52	1	5	VPH-31/53/66	1	5.6			
VPH-53/68	2	10	VPH-35/66/56	1	5.6			
VPH-51/33	1	5	VPH-45/59/66	1	5.6			
VPH-35/66	1	5	VPH-52/56/58	1	5.6			
VPH-56/58	2	10	VPH-52/53/68	1	5.6			
			VPH-51/53/33	1	5.6			
			VPH-51/53/68	1	5.6			
Total	20	100		18	100		1	100

Anexo 6

Frecuencia de infección por VPH según grupo etario en las pacientes atendidas en el laboratorio “Genética Lab S.A.C.”, Chiclayo, enero 2022 – agosto 2024.

Grupos etarios	Infección por VPH				Total	
	Positivo		Negativo		n	%
	n	%	n	%		
15 a 24	3	2.0	7	4.7	10	6.8
25 a 34	17	11.5	30	20.3	47	31.8
35 a 44	20	13.5	22	14.9	42	28.4
45 a 59	17	11.5	24	16.2	41	27.7
60 a 74	5	3.4	2	1.4	7	4.7
75 a 89	1	0.7	0	0.0	1	0.7
Total	63	42.6	85	57.4	148	100

p-value = 0.3466 (Fisher’s Exact Test).

Anexo 7

Frecuencia de infección por VPH según resultados del Papanicolaou (PAP) en las pacientes atendidas en el laboratorio “Genética Lab S.A.C.”, Chiclayo, enero 2022 – agosto 2024.

PAP	Infección por VPH				Total	
	Positivo		Negativo		n	%
	n	%	n	%		
Normal	62	41.9	85	57.4	147	99.3
Anormal	1	0.7	0	0.0	1	0.7
Total	63	42.6	85	57.4	148	100

p-value = 0.4257 (Fisher’s Exact Test).

Anexo 8

Frecuencia de infección por VPH según tipo de colpocervicitis en las pacientes atendidas en el laboratorio “Genética Lab S.A.C.”, Chiclayo, enero 2022 – agosto 2024.

Tipo de colpocervicitis	Infección por VPH				Total	
	Positivo		Negativo			
	n	%	n	%	n	%
Colpocervicitis leve	20	13.7	31	21.2	51	34.9
Colpocervicitis leve hipoestrogénica	12	8.2	17	11.6	29	19.9
Colpocervicitis leve a moderada	0	0.0	2	1.4	2	1.4
Colpocervicitis moderada	24	16.4	29	19.9	53	36.3
Colpocervicitis moderada hipoestrogénica	6	4.1	4	2.7	10	6.8
Colpocervicitis severa	0	0.0	1	0.7	1	0.7
Total	62	42.5	84	57.5	146	100

p-value = 0.6738 (Fisher’s Exact Test).

Anexo 9

Frecuencia de genotipos de VPH según grupo etario en las pacientes atendidas en el laboratorio “Genética Lab S.A.C.”, Chiclayo, enero 2022 – agosto 2024.

Grupos etarios	Genotipos de VPH															Total
	16	18	31	33	35	39	45	51	52	53	56	58	59	66	68	
15 a 24	0	0	1	0	1	0	0	1	0	1	1	0	0	1	0	6
25 a 34	4	3	3	8	0	0	0	2	3	2	3	1	1	1	1	32
35 a 44	5	1	0	3	3	3	0	2	4	6	3	2	1	1	3	37
45 a 59	5	0	0	6	1	1	1	6	3	7	0	0	2	3	0	35
60 a 74	3	0	0	3	0	0	0	0	1	2	0	0	0	0	0	9
75 a 89	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	3
Total	17	5	4	20	5	4	1	11	11	19	7	3	4	7	4	122

p-value = 0.2538 (Fisher’s Exact Test)

Anexo 10

Frecuencia de genotipos de VPH según resultados de PAP en las pacientes atendidas en el laboratorio “Genética Lab S.A.C.”, Chiclayo, enero 2022 – agosto 2024.

PAP	Genotipos de VPH															Total
	16	18	31	33	35	39	45	51	52	53	56	58	59	66	68	
Normal	17	5	4	20	5	4	1	10	10	18	7	3	4	7	4	119
Anormal	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	3
Total	17	5	4	24	5	4	1	11	11	19	7	3	4	7	4	122

p-value = 0.7917 (Fisher's Exact Test).

Anexo 11

Frecuencia de genotipos de VPH según tipo de colpocervicitis en las pacientes atendidas en el laboratorio “Genética Lab S.A.C.”, Chiclayo, enero 2022 – agosto 2024.

Tipo de colpocervicitis	Genotipos de VPH															Total
	16	18	31	33	35	39	45	51	52	53	56	58	59	66	68	
Leve	4	1	0	7	1	2	0	1	2	3	4	3	1	2	1	32
Leve hipoestrogénica	4	1	0	5	1	0	0	3	3	6	0	0	0	1	2	26
Moderada	8	3	4	5	3	1	0	5	4	8	3	0	2	3	1	50
Moderada hipoestrogénica	1	0	0	3	0	1	1	1	1	1	0	0	1	1	0	11
Total	17	5	4	20	5	4	1	10	10	18	7	3	4	7	4	119

p-value = 0.7026 (Fisher's Exact Test). Este análisis incluyó un total de 119 genotipos, excluyéndose tres correspondientes a una paciente con PAP anormal, al no corresponder con ninguna categoría de colpocervicitis.

Anexo 12

Frecuencia de tipos de infección por VPH según grupo etario en las pacientes atendidas en el laboratorio “Genética Lab S.A.C.”, Chiclayo, enero 2022 – agosto 2024.

Grupo etario	Tipo de infección				Total	
	Única		Múltiple			
	n	%	n	%	n	%
15 a 24	1	1.6	2	3.2	3	4.8
25 a 34	7	11.1	10	15.9	17	27.0
35 a 44	8	12.7	12	19.0	20	31.7
45 a 59	6	9.5	11	17.5	17	27.0
60 a 74	2	3.2	3	4.8	5	7.9
75 a 89	0	0.0	1	1.6	1	1.6
Total	24	38.1	39	61.9	63	100

p-value = 1 (Fisher’s Exact Test).

Anexo 13

Frecuencia de tipos de infección por VPH según resultados de PAP en las pacientes atendidas en el laboratorio “Genética Lab S.A.C.”, Chiclayo, enero 2022 – agosto 2024.

PAP	Tipo de infección				Total	
	Única		Múltiple			
	n	%	n	%	n	%
Normal	24	38.1	38	60.3	62	98.4
Anormal	0	0.0	1	1.6	1	1.6
Total	24	38.1	39	61.9	63	100

p-value = 1 (Fisher’s Exact Test).

Anexo 14

Frecuencia de tipos de infección por VPH según tipo de colpocervicitis en las pacientes atendidas en el laboratorio “Genética Lab S.A.C.”, Chiclayo, enero 2022 – agosto 2024.

Tipo de colpocervicitis	Tipo de infección				Total	
	Única		Múltiple		n	%
	n	%	n	%		
Leve	10	16.1	10	16.1	20	32.3
Leve hipoestrogénica	3	4.8	9	14.5	12	19.4
Moderada	8	12.9	16	25.8	24	38.7
Moderada hipoestrogénica	3	4.8	3	4.8	6	9.7
Total	24	38.7	38	61.3	62	100

p-value = 0.4542 (Fisher’s Exact Test). El análisis se realizó sobre un total de 62 casos, tras excluir a una paciente con resultado de Papanicolaou grado III, al no corresponder a ninguna categoría de colpocervicitis.