

Prevalencia poblacional del virus del papiloma humano en mujeres en edad de riesgo en Aguascalientes, México

Population prevalence of human papillomavirus in women of risk age in Aguascalientes, Mexico

Itzel Yinue Palacios Olivares

 <https://orcid.org/0009-0003-4495-9643>

Itzel.olis@gmail.com

Universidad Cuauhtémoc

Leonardo Agassini Arroyo Rodarte

 <https://orcid.org/0009-0006-2041-689X>

Universidad Autónoma de Aguascalientes

Anastacio Palacios Marmolejo

 <https://orcid.org/0009-0006-9353-0765>

Instituto de Salud del Estado de Aguascalientes

Resumen

Introducción: El virus del papiloma humano (VPH) es un virus de ADN de doble cadena, con más de 200 genotipos identificados. Esta infección se reconoce como la enfermedad de transmisión sexual más común y está relacionada con una variedad significativa de patologías, que incluyen tanto lesiones benignas como premalignas, así como diferentes tipos de cáncer. El diagnóstico se realiza mediante técnicas moleculares que permiten la detección del ADN viral, el ARNm asociado a proteínas oncocéntricas y las alteraciones celulares resultantes de la infección. **Objetivo:** Evaluar la prevalencia de los serotipos considerados como de alto riesgo del virus del papiloma humano en pacientes pertenecientes a las jurisdicciones del Instituto Estatal de Salud Aguascalientes (ISSEA), utilizando PCR para su identificación. **Métodos:** Este trabajo corresponde a un estudio observacional, transversal, retrospectivo y descriptivo de las muestras procesadas en el laboratorio de Biología molecular de detección de VPH del Laboratorio Estatal de Salud Pública en el periodo enero-agosto 2022. **Resultados:** Se efectuaron 3,842 citologías cervicales de las que 3,226 resultaron negativas (83.96%). La prevalencia global de VPH fue de 13.8% (n=616). El 1.6% (n=64) tuvo infección por VPH16; 0.6% (n=25) por VPH18 y 11.9% (n=460) por otros serotipos del *pool* viral de alto riesgo. La Jurisdicción con la mayor incidencia de casos fue la No. II, seguida por la No. III y, al final, la No. I. **Conclusiones:** Se encontró mayor prevalencia de infección por los serotipos del *pool* viral de alto riesgo que por VPH 16 y 18 en las pacientes, que fue significativamente mayor en aquellas pertenecientes a la Jurisdicción II.

Lux Médica

Universidad Autónoma de Aguascalientes, México

ISSN: 2007-1655

Periodicidad: Cuatrimestral

Vol. 20, núm. 60, 2025

Recepción: 19/04/2023

Aprobación: 15/10/2025

URL: <https://revistas.uaa.mx/index.php/luxmedica>

Palabras clave: Papilomavirus, ADN bícatenario, Proteínas oncocéntricas.



Abstract

The human papillomavirus (HPV) is a double stranded, DNA virus, with more than 200 genotypes identified. It is considered the most frequent sexually transmitted infection. Being the cause of both benign lesion and premalignant lesions and different cancers. The diagnosis of the infection is made by molecular techniques based on the detection of viral DNA, the mRNA of oncogenic proteins and the cellular alteration caused by the infection. **Objective:** To determine the prevalence of the high-risk stereotypes of human papilloma virus, detected by PCR in patients from the jurisdictions of Aguascalientes state health institute (ISSEA). **Methods:** This work corresponds to an observational, cross-sectional, retrospective and descriptive study of the samples processed in the Molecular Biology laboratory for HPV detection in the state public health laboratory during the period of January-August 2022. **Results:** A total of 3,842 cervical smears were performed, of which 3,226 were negative (83.96%). The global prevalence of HPV was 13.8% (n=616). 1.6% (n=64) had HPV 16 infection, 0.6% (n=25) were HPV 18 positive and 11.9% (n=460) were positive to other high-risk strains. The jurisdiction, with the highest prevalence of cases was No. 2, followed by No. 3 and finally No. **Conclusions:** There is a higher prevalence of infection caused by the serotypes of the high-risk viral pool than HPV 16 and 18 in tested patients, which was significantly higher in those belonging to jurisdiction 2.

Keywords: Papillomavirus, Double-stranded DNA, Oncogenic proteins.

Introducción

El virus del papiloma humano (VPH) es un virus de ADN de doble cadena que comprende más de 200 genotipos conocidos y se considera la infección de transmisión sexual más común en todo el mundo.¹ Las estimaciones muestran que aproximadamente 5% de todos los cánceres humanos son atribuibles a la infección por VPH, que ocurre en 99.7% de los casos de cáncer cervical, siendo este una de las principales causas de mortalidad por cáncer en mujeres a nivel mundial.^{1,2} La prevalencia de distintos tipos virales difiere según la región geográfica, las características de la población y los métodos de detección.³ En mujeres con citología normal de VPH en México la prevalencia varía de 9.1% a 40.9%, mientras que en lesiones escamosas intraepiteliales de bajo y alto grado varía de 30% a 100%.^{4,5}

El inicio temprano de la vida sexual y múltiples parejas sexuales, alta paridad, antecedentes de infecciones de transmisión sexual, tabaquismo y condiciones socioeconómicas desfavorables son los principales factores de riesgo asociados con esta enfermedad.⁵ Aunque existen datos nacionales e informes regionales, no hay información relevante y actualizada sobre la prevalencia y distribución poblacional de los serotipos de VPH de alto riesgo en mujeres de edad de riesgo que viven en el estado de Aguascalientes, específicamente en las jurisdicciones pertenecientes al Instituto de Servicios de Salud del Estado de Aguascalientes (ISSEA). Estos datos son cruciales para apoyar los programas locales de prevención y control del cáncer cervical, optimizar el cribado e informar las estrategias de vacunación para adaptarse al perfil epidemiológico regional.

En este contexto, el objetivo del presente estudio es investigar la prevalencia de la infección por VPH y los serotipos de alto riesgo (16, 18 y otros) en mujeres en edad de riesgo en Aguascalientes mediante detección molecular por PCR en tiempo real.

Material y métodos

El trabajo corresponde a un estudio observacional, transversal, retrospectivo y descriptivo de las muestras procesadas en el Laboratorio Estatal de Salud Pública, para conocer la prevalencia en la población estudiada del virus del papiloma humano.

Para este estudio se utilizó la información existente en los resultados de los análisis del laboratorio de Biología molecular de detección de VPH donde se recabó la siguiente información: procedencia y resultado de la muestra.

Las muestras que se consideraron para este estudio se recolectaron de citologías cer-



vicales realizadas en mujeres atendidas de forma ambulatoria y hospitalizadas en las distintas jurisdicciones de la Secretaría de Salud del Estado de Aguascalientes. Jurisdicción Sanitaria No. I, conformada por los municipios de Aguascalientes, Jesús María, San Francisco de los Romo, El Llano; Jurisdicción Sanitaria No. II, que comprende los municipios de San José de Gracia, Rincón de Romos, Cosío, Pabellón de Arteaga, Tepezalá, Asientos; y Jurisdicción Sanitaria No. III, que abarca el municipio de Calvillo. El tamaño de la muestra fue de 3,845 citologías procesadas en el laboratorio de Biología molecular de detección de VPH del Laboratorio Estatal de Salud Pública en el periodo comprendido de enero a agosto de 2022.

La identificación de las muestras se llevó a cabo mediante la técnica de PCR. El sistema cobas 4800 (Roche Diagnostics, Mannheim, Alemania) muestra los resultados en pantalla diferenciados en cuatro canales: genotipo 16, genotipo 18, otros AR-VPH (31, 33, 35, 39, 45, 51, 52, 56, 58, 59, 68, 66) y beta-globina que actúa como control interno para cada muestra.⁷

Para calcular una prevalencia específica, se llevó a cabo la recolección de datos provenientes de las Proyecciones de la Población en los Municipios de México para el periodo 2015-2030, elaboradas por la Secretaría General del Consejo Nacional de Población (SG CONAPO).⁸

Las variables de este estudio fueron:

- Resultado de la muestra (positivo, negativo).
- Serotipos virales (16, 18, otros serotipos de alto riesgo).
- Procedencia (Jurisdicción I, II, III).
- Variable independiente: Virus del papiloma humano.
- Variable dependiente: Muestras de citología cervical.

Como criterios de selección se tomaron en cuenta las muestras de citología cervical provenientes de las distintas jurisdicciones del estado de Aguascalientes, como criterios de inclusión, las que resultaron positivas al virus del papiloma humano, y como exclusión las muestras reportadas como inválidas.

La prevalencia global se calculó como el número de muestras positivas dividido entre el total de muestras procesadas. Asimismo, se estimó la prevalencia específica por jurisdicción, expresada por cada 100,000 mujeres de 25 a 65 años.

Dado que el estudio no implicó contacto directo con las pacientes ni la recolección de información sensible, se clasificó como *sin riesgo* conforme a las disposiciones éticas nacionales. La confidencialidad de los datos se mantuvo en todo momento.

Resultados

Durante el periodo de estudio se realizaron 3,845 pruebas PCR para detección del VPH. De ellas, 616 (16.0%) resultaron positivas y 3,226 (83.9%) negativas (Tabla 1).

Tabla 1. Muestras VPH de alto riesgo positivas

Detección de VPH	Total	Porcentaje
VPH +	616	16.02%
VPH -	3,226	83.91%
Muestras inválidas	3	0.07%
Total	3,845	100%

La prevalencia global de infección por VPH fue de 16.0% (n=616). En cuanto a los serotipos de alto riesgo, se detectó infección por VPH16 en 1.66% (n=64) de las muestras, VPH18 en 0.65% (n=25) y otros serotipos de alto riesgo en 11.96% (n=460). Se documentaron también 67 casos de infección entre dos o más serotipos virales, lo que equivale a 1.74% (Tabla 2).



Tabla 2. Prevalencia global de infección por VPH y serotipos de alto riesgo

Serotipo	n	Prevalencia
Prevalencia de serotipo 16	64	1.66%
Prevalencia de serotipo 18	25	0.65%
Prevalencia de otros serotipos de alto riesgo	460	11.96%
Coinfección de VPH 16 y 18	1	0.02%
Coinfección de VPH16 y otros serotipos	40	1.04%
Coinfección de VPH18 y otros serotipos	24	0.62%
Coinfección VPH 16 y 18 y otros serotipos	2	0.05%
Prevalencia global	616	16.02%

Al analizar la distribución geográfica, la prevalencia específica por jurisdicción mostró los valores más altos en la Jurisdicción II (280.9 casos por 100,000 mujeres), seguida de la Jurisdicción III (257.3 por 100,000) y la Jurisdicción I (142.4 por 100,000) (Tabla 3).

Tabla 3. Prevalencia específica de infección por VPH en mujeres de 25-65 años
según jurisdicción sanitaria, Aguascalientes, 2022

Jurisdicción sanitaria	Número de muestras VPH positivas	Mujeres entre 25-65 años	Prevalencia específica
No. 1	441	296,106	142.45
No. 2	137	47,056	280.88
No. 3	38	14,768	257.31
TOTAL	616	373,123	165.09

* La prevalencia se expresa por 100,000 mujeres en edad de riesgo.

Discusión

La prevalencia global de la infección por el virus del papiloma humano (VPH) encontrada en el presente estudio (16.0%) se encuentra dentro del rango reportado en informes tanto nacionales como internacionales; no obstante, los serotipos difieren considerablemente. Este resultado resalta aún más la heterogeneidad epidemiológica del VPH en México, probablemente debido a la población, el estatus socioeconómico y las técnicas de diagnóstico empleadas.^{9,10}

En comparación con otros reportes nacionales, se obtuvo una prevalencia significativamente menor de VPH16 (1.66%) y VPH18 (0.65%) que otros informes nacionales. Aguilar-Lemarroy et al. (2015)¹¹ encontraron una frecuencia de 41.5% entre mujeres que viven en tres importantes ciudades mexicanas, mientras que Ortega-Cervantes et al. (2016)¹² reportaron tasas cercanas a 82% entre mujeres que viven en Nayarit. Estas diferencias podrían deberse a la población estudiada (por ejemplo, mujeres con lesiones intraepiteliales de bajo o alto grado fueron incluidas en ambos casos), mientras que en el presente estudio las muestras de población provenían de programas de tamizaje, probablemente con una baja carga viral.

De manera similar, Salcedo et al. (2014)¹³ reportaron una prevalencia de 33.8% en general y un predominio de los serotipos 16, 18, 59 y 31. Por el contrario, en la población de Aguascalientes los serotipos clasificados como *pool* viral de alto riesgo fueron más frecuentes, indicando una posible variación regional en los serotipos circulantes. Esta diferencia puede deberse a la cobertura parcial de la vacuna, la edad promedio de la población



muestreada o factores locales de comportamiento sexual que deberían investigarse más a fondo en futuros estudios.

El hallazgo de una mayor prevalencia en las Jurisdicciones II y III también plantea hipótesis relevantes, debido a que el resultado de este patrón regional también puede reflejar diferencias en el acceso a la detección o en la cobertura de la vacunación contra el VPH para incluir municipios con menor densidad de población y menos servicios. Este patrón regional destaca la necesidad de mejorar la vigilancia molecular y los programas educativos en regiones rurales y semiurbanas dentro del estado.

Finalmente, los resultados muestran que los métodos de detección molecular también presentan beneficios para estudios de salud pública que investigan patrones locales de circulación del VPH. No obstante, es esencial abordar las limitaciones del estudio actual, en forma del enfoque retrospectivo y la falta de hallazgos clínicos o de comportamiento de las pacientes que restringen el análisis de variables asociadas. Sin embargo, el gran tamaño de la muestra y el uso de un método automático estandarizado (prueba cobas® VPH) proporcionan certeza sobre los hallazgos obtenidos, por lo que contribuyen a la caracterización epidemiológica del VPH en el estado, y pueden servir como base para optimizar estrategias de prevención, detección temprana y vacunación dirigidas a las mujeres en edad de riesgo.

Conclusión

Los serotipos de VPH 16 y 18 mostraron una baja prevalencia entre las pacientes de diversas jurisdicciones del ISSEA en el estado de Aguascalientes. No obstante, la prevalencia de infecciones por VPH pertenecientes al grupo viral de alto riesgo (31, 33, 35, 39, 45, 51, 52, 56, 58, 59, 66 y 68) resultó ser alta y significativamente superior en los grupos correspondientes a las Jurisdicciones II y III.

Dada la disparidad observada cuando se compara con estudios realizados en otras regiones del país o del mundo es aconsejable llevar a cabo investigaciones sobre epidemiología molecular segmentadas por áreas geográficas.

Referencias

1. De Sanjosé S, Brotons M, Pavón MA. The natural history of human papillomavirus infection. *Best Pract Res Clin Obstet Gynaecol*. 2018;47:2-13.
2. Okunade KS. Human papillomavirus and cervical cancer. *J Obstet Gynaecol*. 2020;40:602-608.
3. Clifford GM, Rana RK, Franceschi S, Smith JS, Gough G, Pimenta JM. Human papillomavirus genotype distribution in low-grade cervical lesions: comparison by geographic region and with cervical cancer. *Cancer Epidemiol Biomarkers Prev*. 2005;14(5):1157-64.
4. Ortega-Cervantes L, Aguilar-Lemarroy A, Rojas-García AE, Barrón-Vivanco BS, Vallejo-Ruiz V, León DC-D, et al. Human papilloma virus genotypes in women from Nayarit, Mexico, with squamous intraepithelial lesions and cervical cancer. *Int J Health Sci*. 2016;10(3):327-38.
5. Castellsagué X, Díaz M, de Sanjosé S, Muñoz N, Herrero R, Franceschi S, et al. Worldwide human papillomavirus etiology of cervical adenocarcinoma and its cofactors: implications for screening and prevention. *J Natl Cancer Inst*. 2006;98(5):303-15.
6. Juárez-González K, Paredes-Cervantes V, Martínez-Salazar M, Gordillo-Rodríguez S, Vera-Arzave C, Martínez-Meraz M, et al. Prevalencia del virus del papiloma humano oncogénico en pacientes con lesión cervical. *Rev Med Inst Mex Seguro Soc*. 2020;58(3):243-249.
7. Mateos MA, Chacón de Antonio J, Rodríguez-Domínguez M, Sanzb I, Rubio MD. Evaluación de un sistema de PCR a tiempo real (cobas 4800) para la detección separada de los genotipos 16 y 18 y otros genotipos de alto riesgo del virus del papiloma humano en la prevención del cáncer cervical. *Enferm Infect Microbiol Clin*. 2011;29(6):411-414.
8. Consejo Nacional de Población. Proyecciones de la Población de los Municipios de México, 2015-2030. Secretaría General del Consejo Nacional de Población (SG CONAPO). 22 de agosto de 2019.
9. Bruni L, Diaz M, Castellsagué X, Ferrer E, Bosch FX, de Sanjosé S. Cervical human



- papillomavirus prevalence in 5 continents: meta-analysis of 1 million women with normal cytological findings. *J Infect Dis.* 2010;202(12):1789-99.
10. Peralta-Rodríguez R, Romero-Morelos P, Villegas-Ruiz V, Mendoza-Rodríguez M, Taniguchi al-Ponciano K, González-Yebra B, et al. Prevalence of human papillomavirus in the cervical epithelium of Mexican women: meta-analysis. *Infect Agent Cancer.* 2012;7(1):34.
 11. Aguilar-Lemarroy A, Vallejo-Ruiz V, Cortés-Gutiérrez EI, Salgado-Bernabé ME, Ramos-González NP, Ortega-Cervantes L, et al. Human papillomavirus infections in Mexican women with normal cytology, precancerous lesions, and cervical cancer: type-specific prevalence and HPV coinfections. *J Med Virol.* 2015;87(5):871-84.
 12. Ortega-Cervantes L, Aguilar-Lemarroy A, Rojas-García AE, Barrón-Vivanco BS, Vallejo-Ruiz V, León DC-D, et al. Human papilloma virus genotypes in women from Nayarit, Mexico, with squamous intraepithelial lesions and cervical cancer. *Int J Health Sci.* 2016;10(3):327-38.
 13. Salcedo M, Pina-Sánchez, Vallejo Ruiz V, et al. Human papillomavirus genotypes among females in Mexico: a study from the Mexican Institute for Social Security. *Asian Pac J Cancer Prev.* 2014;15(23):10061-6.

