

Detección de genotipos de alto riesgo 16 y 18 del VPH en Santa Cruz de la Sierra, Bolivia

Detection of High-Risk HPV Genotypes 16 and 18 in Santa Cruz de la Sierra, Bolivia

Esdenka Pérez Cascales ^{1 2} ✉ · Eliana Baldiviezo Soliz ¹ · Mauricio M. Prado Zapata ¹ · Alejandro Canaza Jorges ³

Recibido: 8 de enero 2026 / Revisado: 22 de abril 2026 / Aceptado: 9 de junio 2026 / Publicado: 5 de agosto 2026

Resumen

La infección por el Virus del Papiloma Humano (VPH) es considerada la infección de transmisión sexual más frecuente en el mundo. Existen más de 200 genotipos de VPH; aquellos que se transmiten por contacto sexual se dividen en dos grupos: genotipos de bajo y alto riesgo; los genotipos 16 y 18 son responsables de la mayoría de los cánceres asociados al VPH. Bolivia es el país sudamericano con mayor incidencia de cáncer por VPH y ocupa el segundo lugar respecto al índice de mortalidad atribuible al cáncer de cuello uterino por VPH. El objetivo del estudio fue identificar los genotipos de alto riesgo 16 y 18 en muestras genitales de pacientes atendidos en el Laboratorio de Diagnóstico e Investigación BioScience SRL entre mayo de 2021 y agosto de 2023. Se realizó un estudio descriptivo, retrospectivo y transversal, en el que se analizaron 121 muestras de hisopado genital correspondientes a 102 mujeres (84,30 %) y 19 hombres (15,70 %). Se detectaron 23 casos positivos para VPH (19,00 %) de los cuales, el 30,43 % (7/23) correspondió al genotipo 16 y el 8,70 % (2/23) al genotipo 18. No se detectaron los genotipos 16 y 18 en hombres, pero sí otros genotipos. Asimismo, no se observaron diferencias significativas entre ser hombre o mujer e infectarse con el VPH. En conclusión, los resultados demuestran que el genotipo de alto riesgo más prevalente es el 16, aunque el tamaño muestral es reducido coincide con los datos reportados sobre la incidencia de cáncer de cuello uterino en Bolivia.

✉ Esdenka Pérez Cascales / esden.biogen@gmail.com
<https://orcid.org/0000-0001-7354-5499>

Eliana Baldiviezo Soliz
<https://orcid.org/0009-0006-4538-7669>

Mauricio M. Prado Zapata
<https://orcid.org/0009-0009-1021-4305>

Alejandro Canaza Jorges
<https://orcid.org/0009-0002-7989-1311>

1 Laboratorio de Diagnóstico e Investigación BIOSCIENCE SRL, Santa Cruz, Bolivia.

2 Universidad Evangélica Boliviana (UEB), Santa Cruz, Bolivia

3 Universidad Autónoma del Beni "José Ballivián", Bolivia.

Palabras clave: Infección de transmisión sexual, prevalencia, cáncer cervical, hisopado genital

Abstract

Human Papillomavirus (HPV) infection is considered the most common sexually transmitted infection worldwide. There are more than 200 HPV; those transmitted through sexual contact are classified into two groups: low-risk and high-risk genotypes. Genotypes 16 and 18 are responsible for the majority of HPV-associated cancers. Bolivia has the highest incidence of HPV-related cancers in South America and ranks second in mortality rates attributable to HPV-

related cervical cancer.

The aim of this study was to identify high-risk genotypes 16 and 18 from genital samples collected from patients treated at the BioScience SRL Diagnostic and Research Laboratory between May 2021 and August 2023. A descriptive, retrospective, and cross-sectional study was conducted, analyzing 121 genital swab samples from 102 women (84.30 %) and 19 men (15.70 %). Twenty-three HPV-positive cases (19.00 %) were detected, of which 30.43 % (7/23) corresponded to genotype 16 and 8.70 % (2/23) to genotype 18. Genotypes 16 and 18 were not detected in men, although other genotypes were identified. Likewise, no significant differences were observed between males and females regarding HPV infection. In conclusion, the results show that the most prevalent high-risk genotype is 16; although the sample size is limited, these findings are consistent with reported data on cervical cancer incidence in Bolivia.

Keywords: Sexually transmitted infection, prevalence, cervical cancer, genital swab.

Introducción

La infección por el virus del papiloma humano (VPH) es la infección de transmisión sexual (ITS) más frecuente en el mundo (Sendagorta-Cudós, et al., 2019). El VPH es un virus de doble cadena de ADN con más de 200 genotipos relacionados y algunos de estos se transmiten por las relaciones sexuales vaginales, anales u orales (Instituto Nacional del Cáncer, 2023). Los principales factores que contribuyen a los cánceres relacionados con el VPH incluyen la infección persistente y el potencial oncogénico de determinados genotipos del VPH (Baba et al., 2025).

Se reconocen dos grupos de genotipos de VPH de importancia clínica, los genotipos de bajo riesgo y los de alto riesgo (Sendagorta-Cudós, et al., 2019). Los de bajo riesgo son los genotipos 6 y 11,

que causan verrugas en la zona genital, el ano, la boca o la garganta. Los genotipos de alto riesgo son aproximadamente 14 (16, 18, 31, 33, 35, 39, 45, 51, 52, 56, 58, 59, 66 y 68), de estos, los genotipos 16 y 18 causan la mayoría de los cánceres relacionados con el VPH (cáncer de cuello uterino, orofaringe, ano, pene, vagina y vulva) (Instituto Nacional del Cáncer, 2023).

A nivel molecular, la actividad oncogénica de estos virus está impulsada por la sobreexpresión de las oncoproteínas E6 y E7. Estas oncoproteínas alteran la regulación del ciclo celular, inhiben la apoptosis y promueven la acumulación de daño en el ADN, transformando finalmente las células normales en cancerosas (Baba et al., 2025).

En Bolivia, respecto al diagnóstico existe un consenso de realizar la prueba de Papanicolau (PAP) en paralelo a una prueba de detección molecular para genotipos de alto riesgo y una posterior colposcopia ante un resultado positivo. El laboratorio de referencia INLASA de Bolivia recomienda realizar estas pruebas a mujeres de 30 a 55 años de edad como tamizaje para prevenir el cáncer de cuello uterino (Instituto Nacional de Laboratorios de Salud, 2026).

El diagnóstico molecular puede ser dirigido a detectar genotipos de alto riesgo sin diferenciarlos como un tamizaje, genotipado parcial o un genotipado específico. La prueba de captura híbrida HC2 de Qiagen permite detectar hasta 13 genotipos de alto riesgo sin diferenciarlos (Bottari et al., 2022). El genotipado parcial dirigido al genotipo 16 y/o 18 es muy adecuado para programas de tamizaje clínico, sin embargo, el genotipado específico tiene menos utilidad clínica, pero es una herramienta valiosa para la monitorización y desarrollo de vacunas, así como para estudios epidemiológicos (Sendagorta-Cudós, et al., 2019). Bolivia es el país sudamericano con mayor incidencia de cáncer de cuello uterino causado por el VPH y ocupa el segundo lugar respecto al índice de mortalidad atribuible a este cáncer causado por el VPH, cada día mueren tres mujeres a causa del

cáncer de cuello uterino (Terán, 2014). De 44.320 pruebas de VPH realizadas en los departamentos de La Paz, Oruro, Cochabamba y Pando, los genotipos más frecuentes fueron el 16, 31, 51, 52. Asimismo, la prevalencia de casos positivos se situó en un 20,5 %, lo que indica que aproximadamente una de cada cinco mujeres en la población estudiada presentó la infección. Además, según el registro del Programa Nacional de Cáncer, entre 2016 y 2023 se confirmaron 13.415 casos de cáncer de cuello uterino, lo que representa el 26 % de los diagnósticos de cáncer en mujeres (Ministerio de Salud y Deportes de Bolivia, 2025).

Estas cifras evidencian que el cáncer de cuello uterino sigue siendo la principal causa de mortalidad oncológica femenina en el país, lo que refuerza la necesidad de implementar estrategias efectivas para su eliminación (Ministerio de Salud y Deportes de Bolivia, 2025).

Sin embargo, aún no hay datos oficiales de un tamizaje a gran escala que brinde información consistente sobre los genotipos circulantes más prevalentes y los factores de riesgo asociados. Instituciones como CIES, INLASA, universidades públicas e instituciones privadas, han aportado datos en estudios puntuales que en un futuro cercano podrían encaminar las políticas públicas en salud destinadas a la prevención y el control del cáncer de cuello uterino.

El objetivo del estudio fue identificar los genotipos de alto riesgo 16 (VPH 16) y 18 (VPH 18) a partir de muestras genitales de pacientes que asistieron al Laboratorio de Diagnóstico e Investigación BioScience SRL durante el periodo comprendido entre mayo de 2021 y agosto de 2023.

Materiales y Métodos

Se realizó un estudio descriptivo, transversal y retrospectivo en el Laboratorio de Diagnóstico e Investigación BioScience SRL de la ciudad de Santa Cruz de la Sierra, Bolivia. Las muestras incluidas en el estudio comprenden el periodo entre mayo de

2021 y agosto de 2023. Se analizaron 121 muestras de hisopados genitales (vaginales y uretrales) conservadas en medio de transporte viral digene® HC2 DNA Collection Device (Qiagen, USA) correspondientes a 102 mujeres entre las edades de 16 a 66 años y 19 hombres entre las edades de 19 a 70 años, que asistieron al laboratorio mediante solicitud de la prueba para la detección molecular del VPH. La muestra fue no probabilística ya que se incluyeron todos los hisopados vaginales y uretrales que se tomaron en el laboratorio durante el periodo de estudio.

La extracción y purificación del material genético viral se realizó a partir de las muestras de hisopado genital mediante el uso de dos kits comerciales: Viral DNA/RNA Kit CWBIO (Jiangsu Cowin Biotech Co., Ltd) y Viral Nucleic Acid Extraction Kit II (Geneaid, New Taipei City, Taiwan), siguiendo las instrucciones de los fabricantes.

La detección molecular de los genotipos de alto riesgo 16 y 18 del VPH se realizó mediante la técnica de Reacción en Cadena de la Polimerasa (PCR) en Tiempo Real, utilizando los kits comerciales: Logix Smart™ VPH 16/18 (Co-Diagnostics Inc., Salt Lake City, USA) y Human Papillomavirus (HPV) Nucleic Acid Detection Kit (Bifour Biotech Inc., Santa Clara, CA, USA), siguiendo las condiciones de los fabricantes, para lo cual se utilizó el equipo cicladador magnético Bio Molecular Systems modelo Mic (Co-Diagnostics Inc., Salt Lake City, USA).

Es importante mencionar que el Human Papillomavirus (HPV) Nucleic Acid Detection Kit detecta un total de 22 genotipos: 20 genotipos agrupados de Alto, Probable Alto y Bajo Riesgo denominados “AR/BR” (6,11, 26, 31, 33, 35, 39, 45, 51, 52, 53, 56, 58, 59, 66, 67, 68, 73, 81, 82) y por separado detecta el genotipo 16 y el genotipo 18. Es importante resaltar que este último kit fue utilizado en reemplazo del kit Logix Smart™ VPH 16/18 debido a consideraciones operativas del laboratorio; en consecuencia, su aplicación se limitó a 79 muestras de hisopados genitales.

Los análisis estadísticos fueron de tipo descriptivo e inferencial (Test exacto de Fisher bilateral), se realizaron mediante el software estadístico Epi Info 7.2.5.0 para epidemiología desarrollado por los Centros para el Control y la Prevención de Enfermedades (CDC), Atlanta, Georgia. Para la elaboración de la base de datos y gráficos se utilizó el software Microsoft Excel® 2016.

Resultados

Se analizaron 121 muestras de hisopados genitales correspondientes a 102 mujeres (84,30 %) y 19 hombres (15,70 %). La edad media de los pacientes fue de 31,9 años, con un rango de edad de 16 a 70 años. Se observó que la mayor cantidad de pacientes que solicitaron el diagnóstico molecular para VPH se encuentran en el rango de edad entre los 21 a 30 años seguido del rango de 31 a 40 años (tabla 1).

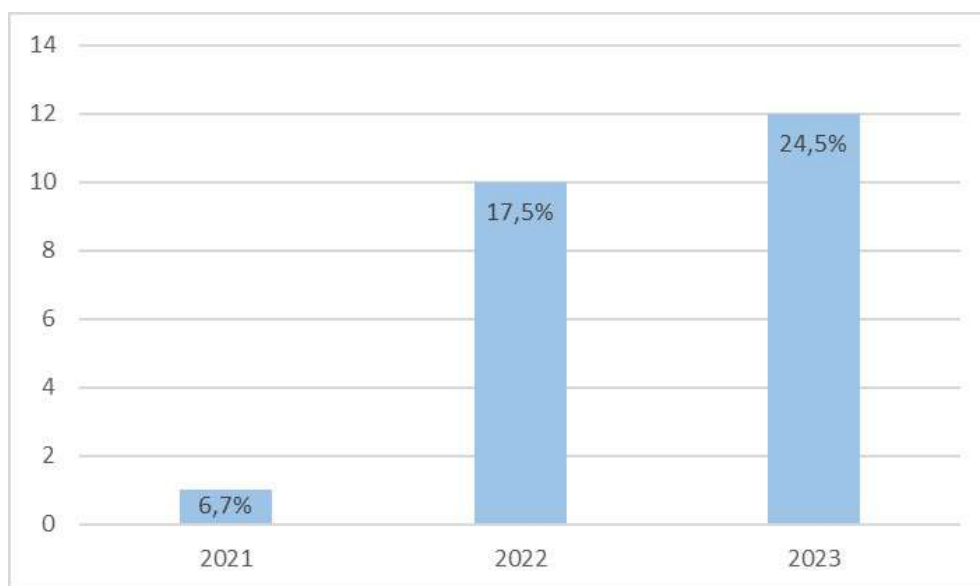
Tabla 1. Distribución de la población de estudio según sexo y edad

<i>sexo</i>	<i>n = 121</i>	<i>%</i>
<i>Hombre</i>	19	15,70%
<i>Mujer</i>	102	84,30%

<i>edad</i>	<i>n = 121</i>	<i>%</i>
<i>11 - 20 años</i>	5	4,13
<i>21 - 30 años</i>	57	47,11
<i>31 - 40 años</i>	34	28,10
<i>41 - 50 años</i>	16	13,22
<i>51 - 60 años</i>	2	1,65
<i>61 - 70 años</i>	3	2,48
<i>sin dato</i>	4	3,31

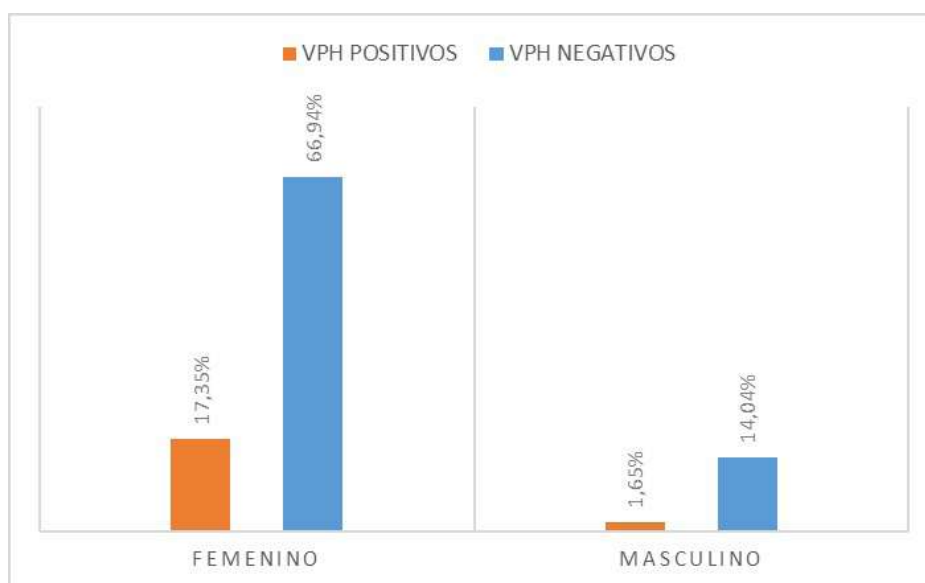
Las frecuencias de positividad para VPH mostraron un incremento progresivo a lo largo del periodo de estudio: 6,7 % (1/15) en 2021, 17,5 % (10/57) en 2022 y 24,5 % (12/49) en 2023. Estos resultados

evidencian una tendencia ascendente tanto en la solicitud del diagnóstico molecular como en la detección de casos positivos por año (figura 1).

Figura 1. Frecuencias de positividad para VPH por año.

Del total de las muestras de hisopados genitales, se obtuvo una prevalencia del 19 % (23/121) (IC95 %; 12,45-27,14) casos positivos para VPH (genotipos de alto riesgo 16, 18 y otros genotipos de alto y/o

bajo riesgo), de los cuales el 17,35 % (21/121) casos positivos fueron mujeres entre los 20 a 66 años de edad y el 1,65 % (2/121) de los casos positivos fueron hombres de 25 y 31 años de edad (figura 2).

Figura 2. Prevalencia de casos positivos para VPH (VPH 16, VPH 18 y otros genotipos de alto y/o bajo riesgo)..

La detección de otros genotipos de alto y/o bajo riesgo (AR/BR), se realizó en 79 pacientes (esto debido al cambio del kit de detección del VPH) y se obtuvo el 20,25 % (16/79) (IC95 %; 12,04-30,80) casos positivos para VPH (AR/BR); sin embargo, no se pudo identificar dentro de este grupo cual fue el genotipo más prevalente.

En cuanto a la detección de coinfecciones se obtuvo una prevalencia del 1,65 % (2/121), presencia del genotipo 16 y otro genotipo AR/BR en la misma muestra.

De los 23 casos positivos para VPH, en el 30,43 % (7/23) (IC95 %; 13,21-52,92) de las muestras se detectó el genotipo 16 siendo este el más prevalente y correspondiente a muestras de mujeres, el 28,57 % (2/7) de las mujeres con genotipo 16 tenían

presencia de lesiones en exocérnix (de 41 y 53 años de edad), el 14,28 % (1/7) con PAP grado 2 (presencia de células atípicas benignas) de 25 años de edad, el 14,28 % (1/7) presentó displasia leve de 50 años de edad, el 28,57 % (2/7) sin presencia de lesiones (de 31 y 66 años de edad) y por último el 14,28 % (1/7) correspondiente a una paciente de 27 años sin registro de datos en cuanto a presencia de lesiones (los datos fueron recabados de la ficha de toma de muestras).

El genotipo de alto riesgo 18 se detectó en el 8,70 % (2/23) (IC95 %; 1,07-28,04) de las muestras positivas correspondientes a dos mujeres, una de ellas con PAP grado 2 de 41 años de edad y la otra paciente de 46 años de edad sin registro de datos (tabla 2).

Tabla 2. Distribución de mujeres positivas para VPH 16 y 18 según presencia de lesiones cervicales.

<i>Presencia de lesiones</i>	<i>VPH 16</i>		<i>VPH 18</i>	
	<i>%</i>	<i>n=7</i>	<i>%</i>	<i>n=2</i>
<i>Lesión en exocérnix</i>	28,5	2	0	0
<i>PAP grado 2</i>	14,3	1	50	1
<i>Displasia leve</i>	14,3	1	0	0
<i>Sin lesiones</i>	28,5	2	0	0
<i>Sin datos de lesiones</i>	14,3	1	50	1

En cuanto a la detección de otros genotipos de alto y/o bajo riesgo (AR/BR), el 76,19 % (16/21) (IC95 %; 52,83-91,78) dieron positivas, de las cuales 14 corresponden a mujeres y 2 a hombres (sin

presencia de lesiones en área genital de 25 y 31 años de edad) en ningún paciente de sexo masculino se detectaron los genotipos de alto riesgo 16 y 18 (tabla 3).

Tabla 3. Frecuencia de los genotipos de VPH detectados

Genotipo	n=23	%	IC95%
VPH 16	7	30,43	13,21 - 52,92
VPH 18	2	8,70	1,07 - 28,04
Genotipo	n=21	%	IC95%
VPH genotipos AR/BR	16	76,19	52,83 - 91,78

IC95%: Intervalo de confianza para una proporción del 95%

De las 14 pacientes mujeres (entre 20 y 66 años de edad) en las que se les detectó otros genotipos de alto y/o bajo riesgo (AR/BR), cuatro no presentaron lesiones y/o inflamación; sin embargo, en las fichas de toma de muestra de las otras diez pacientes se menciona: PAP grado 2, PAP grado 3, inflamación de endocervix, inflamación de exocervix, displasia leve, secreción, verrugas y llagas en zona genital.

La asociación entre el sexo y la positividad para VPH se evaluó mediante la prueba exacta de Fisher bilateral. La distribución de los casos mostró que, en hombres, 2 de 19 fueron positivos y 17 negativos, mientras que en mujeres 21 de 102 resultaron positivos y 81 negativos. En total se registraron 23 casos positivos y 98 negativos (n = 121). El análisis estadístico no evidenció una asociación significativa entre el sexo y la infección por VPH ($p = 0,5237$; $p > 0,05$). Estos resultados indican que la positividad para VPH fue independiente del sexo en la población estudiada.

Discusión

Los resultados del estudio muestran que el 19 % de los pacientes presentaron infección por VPH de los cuales el 17,35 % de los casos corresponden a mujeres y solo el 1,65 % a hombres, el VPH 16 (30,43 %) fue el más prevalente, seguido del VPH 18 (8,70 %), se detectó coinfección en el 1,65 %. Aunque solo se realizó la detección de otros genotipos de AR/BR en 79 pacientes, el porcentaje detectado fue alto (20,25 %), sin embargo, no fue posible determinar a qué otros genotipos de alto y bajo riesgo corresponden estas detecciones para poder determinar se tendría que realizar genotipificación por secuenciación genómica.

En el estudio realizado por Terán (2014), reportó una prevalencia del 18% de casos positivos para VPH, en mujeres entre los 20 y 59 años de edad en el municipio de Sucre. No obstante, es importante señalar que hubo una mayor población de muestreo y detección de otros genotipos en comparación al presente estudio, también menciona que factores

como: socio-demográficos, prácticas sexuales y reproductivas, consumo de tabaco, índice de masa corporal (IMC) y auto-percepción del estado de salud, se han identificado como importantes para determinar la prevalencia global, específica de la infección por VPH y lesiones citológicas.

Hott-Schulz y colaboradores (2022) reportan que en 97 mujeres de 19 a 70 años trabajadoras sexuales que asistieron a un centro de salud sexual en Chile, obtuvieron prevalencias muy altas, 45 % de prevalencia global, portación cervical 41,2 % y vaginal 36,1 %, coinfección del 32 % y el 63 % de las muestras tenía genotipos de alto riesgo siendo el más frecuente el VPH 66 (12 %), VPH 58 (9,3 %), seguidos por VPH 16, VPH 59 y VPH 82, se debe considerar que el VPH es una infección frecuente entre las trabajadoras sexuales, sin embargo, en el estudio de Balanda et al. (2016), obtuvieron una prevalencia del 11,1 % en mujeres chilenas, no asociadas al trabajo sexual, siendo el VPH 16 (2,8 %) el más frecuente al igual que este presente estudio, seguido por el VPH 66 (1,4 %). Este genotipo VPH 16 de igual manera ha sido reportado por Terán (2014) donde indica que, en los casos estudiados, este genotipo representa el 7,5 % de prevalencia, por otro lado, en el estudio que realizaron Bonifaz y Rocabado (2020) en el departamento de La Paz, Bolivia en el cual hicieron la detección de los genotipos de alto riesgo 16 y 18, mencionan que, de 47 casos positivos, 10 de ellos fueron VPH 16.

En el 2013, el estudio de Salinas realizado en la localidad de El Torno en Santa Cruz Bolivia, determinó una prevalencia del 12 % para genotipos 16/18 y se detectó más del 65 % de coinfección.

En México, en el estudio de Ortega y colaboradores (2022) realizaron tamizaje a mujeres de 35 a 64 años, en el cual de un total de 2,523 muestras encontraron una prevalencia de 19,5 %, aunque la diferencia en la cantidad de muestra fue superior al presente estudio, la prevalencia obtenida fue la misma, sin embargo, al cuantificar de

manera individual los genotipos VPH 16 y VPH 18, obtuvieron una prevalencia de 3,5 % y 1,7 %, respectivamente.

En un estudio más reciente realizado por Jaldín (2024) que buscó determinar la prevalencia de genotipos del VPH en pacientes ginecológicas de consulta externa del Hospital de la Mujer Dr. Percy Boland Rodríguez en Santa Cruz, Bolivia, mediante PCR multiplex e Hibridación reversa, analizaron 735 muestras de cepillado endocervical y obtuvieron una prevalencia del 33,1 %, genotipos de alto riesgo (75,3 %), genotipos de bajo riesgo (24,7 %), 37 % de coinfecciones y los genotipos más prevalentes fueron VPH 16 (12 %), VPH 18 (11,4 %), VPH 59 (11 %) y VPH 52 (10,5 %), coincidiendo con el presente estudio en que el genotipo VPH 16 es el más prevalente.

En el estudio de Salazar et al. (2022), realizado en Ecuador, encuestaron a 109 mujeres de 21 a 65 años y obtuvieron resultados diferentes a los nuestros y a los reportados, mencionan que el 28,4 % de los casos fueron positivos para VPH AR y de estos el genotipo más común fue VPH 39 (11,01 %), seguido del VPH 31 (8,26 %). Esto demuestra que las prevalencias de los genotipos del VPH varían de acuerdo a la región de estudio, sin embargo, se observa un patrón de predominio del genotipo VPH 16.

De la misma manera lo mencionan Aguilar y colaboradores (2024) en su revisión sistemática, en la cual describieron el estado actual de los genotipos de alto riesgo del VPH en 17 países de América Latina y el Caribe, donde Venezuela es el país con mayor porcentaje de casos positivos (12,46 %), seguido por las Bahamas (10,25 %) e identificaron al VPH 16 (10,18 %) como el más prevalente, seguido del VPH 56 (9,39 %) y concluyen que a nivel mundial se considera a los genotipos VPH 16 y VPH 18 como los más comunes, pero en algunos países de América Latina y el Caribe se han identificado a otros genotipos como el VPH 56 y VPH 53 demostrando variación entre

países y hasta en diferentes regiones del mismo país.

Con estos reportes sumado a los resultados de este estudio se puede pensar que el genotipo más prevalente en Bolivia es el VPH 16, si bien son escasos los estudios realizados hasta el momento en Bolivia sobre la infección por VPH y prevalencia de los genotipos de alto riesgo, estos datos ayudan a entender por qué Bolivia está considerado como el país en el continente sudamericano con mayor incidencia de cáncer de cuello uterino causado por el VPH (Leyns et al., 2021).

La Organización Panamericana de la Salud (2026), menciona que, en las mujeres, la infección persistente por ciertos tipos de VPH específicos (los más frecuentes son el VPH 16 y el VPH 18) puede conducir a lesiones precancerosas que, si no se tratan, pueden progresar a un cáncer cervicouterino. Así mismo lo demuestran Almonacid y colaboradores (2023), donde el 27 % de las pacientes con lesiones de alto grado tenían edades entre los 30 - 39 años y al asociar el diagnóstico patológico con la genotipificación del VPH, observaron la presencia de VPH 16 en el 33 % de los casos, mencionan también que todos los casos positivos obtenidos para genotipos diferentes al VPH 16 correspondieron a pacientes con lesiones de alto grado.

En el presente estudio se evidenció la presencia de algún tipo de lesión en las pacientes portadoras del VPH 16, VPH 18 así como también en la mayoría de los casos donde se detectaron otros genotipos de AR/BR. Noya (2020), de un total de 688 pacientes encontró una incidencia de lesiones intraepiteliales, identificadas por PAP en el 10 % de las pacientes en la ciudad de La Paz, Bolivia, señala también que la presencia de lesiones intraepiteliales es mayor en mujeres entre los 31 y 40 años de edad y además evidenció que existe relación entre los cambios citológicos identificados en el PAP con la tipificación del VPH. La infección por el VPH se asocia también a cánceres orofaríngeos y

anogenitales, así como a otros trastornos tanto en hombres como en mujeres (OPS, 2026).

El presente estudio tuvo limitaciones como vacíos de información en las fichas de los pacientes referente a datos que nos permitan analizar los factores de riesgo en nuestra población de estudio. Asimismo, algunos estudios moleculares que han sido realizados en el país (Bonifaz & Rocabado, 2020; Surriabre et al., 2019) de igual manera faltaron componentes como ser estudios de PAP, colposcopia y los factores de riesgo para entender mejor la problemática de esta infección en Bolivia, por lo que urge la creación y estandarización de una ficha epidemiológica para el diagnóstico molecular del VPH en el país.

Los pacientes que participaron en el estudio no fueron parte de un muestreo probabilístico, ya que son muy pocas las personas que asisten por cuenta propia al laboratorio para realizarse una prueba control para VPH, por lo que se tomaron en cuenta a todas las mujeres y hombres que solicitaron la prueba durante el periodo del estudio, que hayan presentado o no signos y síntomas en el momento de la toma de muestra. Es importante resaltar que es muy bajo el porcentaje de hombres que asisten a un establecimiento de salud para solicitar una prueba para detección del VPH.

En países en vías de desarrollo como Bolivia, los desafíos incluyen limitaciones de acceso a servicios de salud, en la cobertura de vacunación y tamizaje, así como factores socioculturales que pueden retrasar la búsqueda de atención médica. Por tanto, es crucial el desarrollo de políticas de salud pública inclusivas y culturalmente adaptada para abordar eficazmente esta problemática (Jaldín, 2024).

En conclusión, los resultados demuestran que el genotipo de alto riesgo más prevalente es el VPH 16, aunque la muestra fue pequeña coincide con los datos reportados sobre la incidencia de cáncer de cuello uterino en Bolivia, de la misma manera la OPS menciona que los genotipos de alto riesgo 16 y 18 son los responsables de la mayoría de los

casos de cáncer cervicouterino. Es necesario realizar estudios para determinar los factores de riesgo en nuestra población, identificar y realizar la vigilancia epidemiológica de los genotipos circulantes en el país. En este estudio se pudo observar que la cantidad de mujeres que solicitan un análisis para la detección molecular del VPH es muy baja y más bajo aun es la cantidad de hombres que lo solicitan, esto es un indicador de que faltan implementar estrategias de socialización de la información sobre el VPH y sus consecuencias de la infección a largo plazo así como también concientizar a la población sobre la prevención, el uso de las vacunas disponibles y el diagnóstico molecular temprano y oportuno del VPH para tratar a tiempo y evitar complicaciones.

Agradecimientos

A todo el personal del Laboratorio de Diagnóstico e Investigación BioScience SRL., que aportaron de alguna manera al presente estudio.

Bibliografía

- Aguilar Luna, 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. *Vive Revista de Salud*, 7(21), 788–802. <https://doi.org/10.33996/revistavive.v7i21.339>
- Almonacid, I. C., García, Y. C., Pinzón, E. F., Cifuentes, C. E., & Almonacid, C. C. (2023). Identificación del virus del papiloma humano (VPH) en diferentes muestras de pacientes con diagnóstico de lesiones de alto grado en cuello uterino: Estudio piloto en una población colombiana. *Revista Nova*, 21(40), 181–194. <https://doi.org/10.22490/24629448.6924>
- Baba, S. K., Alblooshi, S. S. E., Yaqoob, R., Behl, S., Al Saleem, M., Rakha, E. A., Malik, F., Singh, M., Macha, M. A., Akhtar, M. K., Houry, W. A., Bhat, A. A., Al Men-hali, A., Zheng, Z.-M., & Mirza, S. (2025). Human papilloma virus (HPV) mediated cancers: An insightful update. *Journal of Translational Medicine*, 23(1), 483. <https://doi.org/10.1186/s12967-025-06470-x>
- Balanda, M., Quiero, A., Vergara, N., Espinoza, G., San Martín, H., Rojas, G., & Ramírez-Villalobos, E. (2016). Prevalence of human papillomavirus infection among women presenting for cervical cancer screening in Chile, 2014–2015. *Medical Microbiology and Immunology*, 205(6), 585–594. <https://doi.org/10.1007/s00430-016-0473-y>
- Bonifaz Pérez, D., & Rocabado Calizaya, O. (2020). Identificación molecular de los VPH oncogénicos mediante PCR en tiempo real con sondas TaqMan. *Revista Científica Ciencia Médica*, 23(2), 122–128. <https://www.redalyc.org/journal/4260/426064022002/html/>
- Bottari, F., Iacobone, A. D., Radice, D., Preti, E. P., Preti, M., Franchi, D., Boveri, S., Sandri, M. T., & Passerini, R. (2022). HPV tests comparison in the detection and follow-up after surgical treatment of CIN2+ lesions. *Diagnostics*, 12(10), 2359. <https://doi.org/10.3390/diagnostics12102359>
- Hott-Schulz, K., Ramírez-Villalobos, E., Ortega-Peña, M., Santander-Cabello, E., Fernández-Moraga, J., Zemelman-Decarli, V., & Correa-Soza, C. (2022). Prevalencia y genotipificación de virus papiloma humano vaginal y cervical en trabajadoras sexuales de un centro de salud sexual en la zona norte de Santiago, Chile. *Revista Chilena de Infectología*, 39(2), 117–125. <https://revinf.cl/index.php/revinf/article/view/805>
- Instituto Nacional de Laboratorios de Salud “INLASA”. (2026). Laboratorio de diagnóstico e investigación de cáncer. <https://inlasa.gob.bo/division-de-diagnostico/lab-de-diagnostico-e-investigacion-de-cancer/>
- Instituto Nacional del Cáncer. (2023). El virus del papiloma humano (VPH) y el cáncer. <https://www.cancer.gov/about-cancer/causes-prevention/risk/infectious-agents/hpv-and-cancer>
- Jaldín Cossio, M. (2024). Prevalencia de genotipos del virus de papiloma humano en

pacientes ginecológicas de consulta externa del Hospital de la Mujer Dr. Percy Boland Rodríguez de enero a agosto del 2024 [Tesis de licenciatura, Universidad Evangélica Boliviana].

<https://www.difuciencia.com/files/original/a467533a79e0a76dc62e963086acdc8564941464.pdf>

Leyns, C., Rodríguez, P., Ascarrunz, C., & Camacho Hinojosa, V. (2021). Situación actual de la Atención Primaria de Salud del sistema público en Sacaba (Cocha-bamba, Bolivia), dentro del contexto del proyecto “Thani Warmi” con la prevención de cáncer de cuello uterino. <http://hdl.handle.net/1854/LU-01GQSG6HMK60RXRY2YZ28T8FY>

Ministerio de Salud y Deportes de Bolivia. (2025, 8 de marzo). Gobierno avanza en la detección temprana del cáncer de cuello uterino con 44.320 pruebas del VPH, que este año ampliará a todos los departamentos. <https://www.minsalud.gob.bo/8520-gobierno-avanza-en-la-deteccion-temprana-del-cancer-de-cuello-uterino-con-44-320-pruebas-del-vph-que-este-ano-ampliara-a-todos-los-departamentos>

Noya Pérez, D. (2021). Relación entre la ocurrencia de cambios citológicos identificados por la prueba de Papanicolaou con la presencia de los distintos genotipos del VPH tipificados a través de la prueba PCR-TR. INLASA La Paz, 2020 [Tesis de grado, Universidad Mayor de San Andrés]. <https://repositorio.umsa.bo/bitstream/handle/123456789/27118/TM-1823.pdf>

Organización Panamericana de la Salud. (2026). Virus del papiloma humano (VPH). <https://www.paho.org/sites/default/files/2024-12/2-virus-vph.pdf>

Ortega Flores, J. M., Sáenz Nieto, J. C., Posada Macías, F., & Velarde Loya, M. (2022). Prevalencia de genotipos de VPH de alto riesgo detectado mediante PCR en mujeres del estado de Chihuahua. *Acta Médica Grupo Ángeles*, 20(3), 227–234. <https://doi.org/10.35366/105724>

Salinas Salas, R. G. (2013). Determinación del virus del papiloma humano de alto riesgo (VPH-AR) oncogénico en mujeres de La Paz y Santa Cruz

en Bolivia [Tesis de grado, Universidad Mayor de San Andrés]. <https://repositorio.umsa.bo/xmlui/handle/123456789/22926>

Sendagorta-Cudós, E., Burgos-Cibrián, J., & Rodríguez-Iglesias, M. (2019). Infecciones genitales por el virus del papiloma humano. *Enfermedades Infecciosas y Microbiología Clínica*, 37(5), 324–334. <https://doi.org/10.1016/j.eimc.2019.01.010>

Surriabre, P., Torrico, A., Vargas, T., Ugarte, F., Rodríguez, P., & Fontaine, V. (2019). Assessment of a new low-cost, PCR-based strategy for high-risk human papillomavirus DNA detection for cervical cancer prevention. *BMC Infectious Diseases*, 19(1), 842. <https://doi.org/10.1186/s12879-019-4527-9>

Terán Calderón, C. (2014). Prevalencia y factores asociados a la infección por el virus del papiloma humano (VPH) y las lesiones causadas por el mismo en mujeres de 20 a 59 años en el municipio de Sucre, Bolivia [Tesis doctoral, Universidad de Alcalá]. <https://aplicaciones.ciencia.gob.es/teseo/#/tesis/OI20336/detalle>

Salazar Torres Z.K., Heredia Cortez J.M., Zhingre Suárez A.E. & Cárdenas Heredia F.R. (2022). Virus del papiloma humano de alto riesgo y factores asociados en mujeres de Ecuador. *Vive Revista de Salud*, 5(15), 671–678. <https://doi.org/10.33996/revistavive.v5il5.178>