

GENOTIPIFICACIÓN Y DETERMINACIÓN DE LA PROPORCIÓN RELATIVA DE GENOTIPOS DEL VIRUS PAPILOMA HUMANO (VPH) EN INFECCIONES MÚLTIPLES, MEDIANTE SECUENCIACIÓN DE NUEVA GENERACION (NGS) DE LOS GENES E6/E7.

Jorge A. Basiletti¹, Tomás Poklěpovich², Rita Mariel Correa¹, Maria Celeste Colucci¹, Josefina Campos², Mercedes Rodríguez de la Peña³, Paula Falabella³, Agustina Saíno⁴, Sandra García⁴, Maribel Almonte⁵, Rolando Herrero⁵, María Alejandra Picconi¹

¹Servicio Virus Oncogénicos, Laboratorio Nacional y Regional de Referencia de HPV Instituto Nacional de Enfermedades Infecciosas-ANLIS “Dr. Malbrán”, Buenos Aires, Argentina.

²Plataforma de Genómica y Bioinformática Instituto Nacional de Enfermedades Infecciosas-ANLIS “Malbrán”, Buenos Aires, Argentina.

³Servicio de Ginecología y ⁴Servicio de Anatomía Patológica, Hospital Nacional “Prof. Posadas”, El Palomar, Provincia de Buenos Aires, Argentina.

⁵Agencia Internacional de Investigación sobre Cáncer (IARC- OMS), Lyon, Francia.

Existe una amplia variedad de métodos para genotipificar Virus Papiloma Humano (VPH) que incluyen diversos formatos (PCR, hibridación, secuenciación, etc.); sin embargo, la diversidad de genotipos de VPH que pueden infectar las mucosas y la frecuencia de infecciones múltiples complican el escenario. El surgimiento de tecnologías de *secuenciación de nueva generación* (NGS) proporciona una solución innovadora para examinar directamente la diversidad viral y la proporción de cada genotipo en infecciones múltiples a partir de muestras clínicas. El objetivo fue comparar los genotipos identificados en muestras cervicales empleando PCR-hibridación tipo-específica y NGS y determinar la proporción relativa de los genotipos de VPH en las infecciones múltiples, en el marco del estudio ESTAMPA ARG1. Se analizaron 55 muestras: 17 correspondientes a lesiones graves (HSIL) y 38 provenientes del seguimiento de 19 pacientes (0 y 18 meses), con citología variada. Se observó una notable concordancia en los genotipos de VPH hallados por las 2 técnicas de genotipificación. En las 17 HSIL se identificó VPH 16; 58% (10/17) fueron infecciones múltiples con marcado predominio de VPH 16, con la excepción de 1 muestra con alta proporción de HPV31. En las muestras de seguimiento no se observó el predominio de un genotipo. NGS demostró ser una estrategia sumamente informativa; la proporción relativa de los genotipos en las infecciones múltiples podría servir como biomarcador de riesgo para la progresión maligna.