

ESTUDIO RETROSPECTIVO DE LA PREVALENCIA DE GENOTIPOS VACUNALES DEL VIRUS DEL PAPILOMA HUMANO EN LA REGIÓN DE MURCIA (2010–2024)



Baeza Ros, José; Moreno Docón, Antonio
Servicio de Microbiología y Parasitología del Hospital Clínico Universitario Virgen de la Arrixaca, Murcia



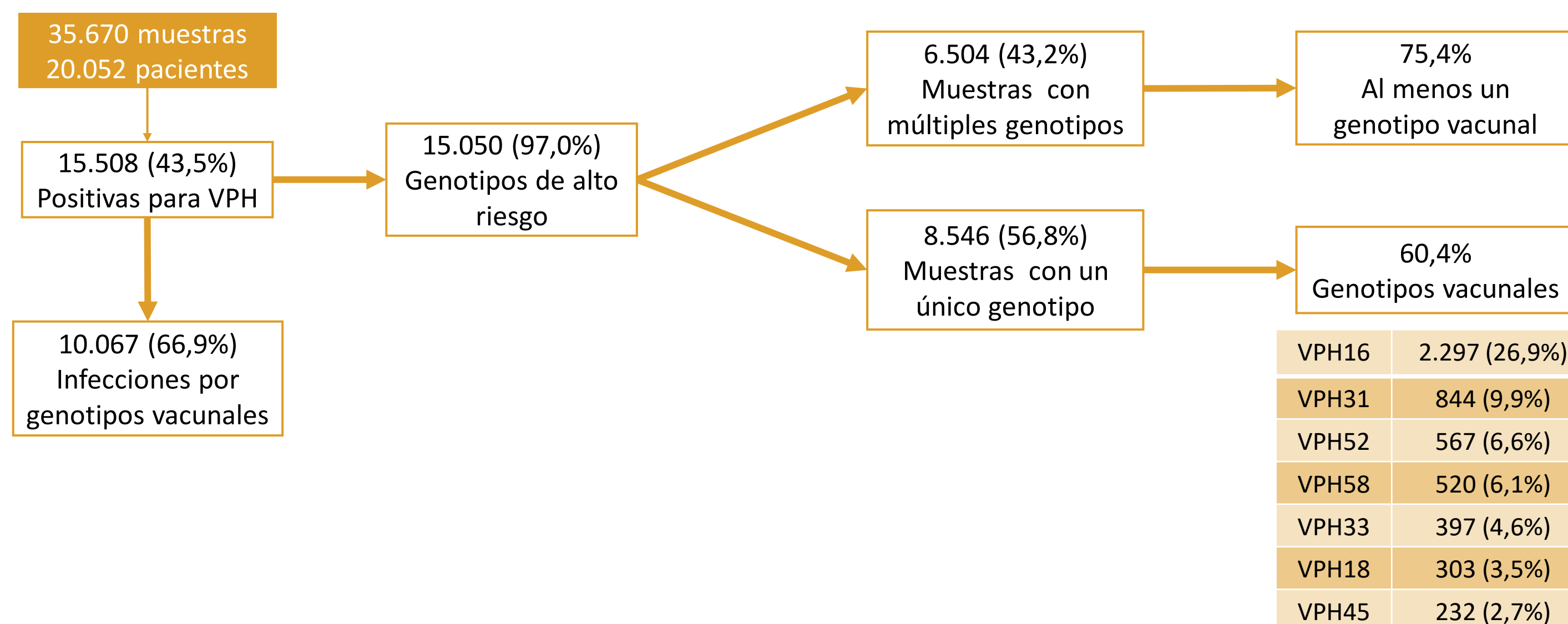
Antecedentes/Objetivos

Disponer de información actualizada sobre la distribución de los distintos genotipos en la población resulta fundamental para valorar el efecto de la vacunación y planificar estrategias de prevención. Con este objetivo, se analizó la prevalencia de genotipos vacunales de VPH de alto riesgo en muestras recogidas en diferentes áreas sanitarias de la Región de Murcia durante un periodo de 15 años, en el contexto de un programa de cribado oportunista.

Métodos

Se realizó un estudio retrospectivo descriptivo entre 2010 y 2024 en 8 áreas sanitarias de la región de Murcia. El diagnóstico molecular se realizó mediante la técnica de captura de híbridos (Test digene® Hybrid Capture 2, QIAGEN®) y posterior genotipado mediante PCR microarray (Genómica) o PCR multiplex (Allplex™ HPV 28, Seegene®). Se registró la proporción de infecciones positivas, la distribución de genotipos de alto/bajo riesgo y la frecuencia de infecciones simples y múltiples. Los resultados se expresaron en frecuencias absolutas y porcentajes.

Resultados



Conclusiones

- La mayoría de las infecciones por VPH detectadas en la Región de Murcia entre 2010 y 2024 correspondieron a genotipos de alto riesgo incluidos en las vacunas disponibles.
- Estos hallazgos refuerzan la importancia de la vacunación como medida preventiva clave y sugieren que el seguimiento epidemiológico a largo plazo es esencial para valorar el impacto de los programas de inmunización y orientar políticas de salud pública.