

Exploración y análisis de la circulación y prevalencia de los diferentes genotipos del virus del Papiloma Humano en Argentina

Scialfa, IL(1,2); Fariñas, CE(2); Lorenzo, N(2,3); Mandile, MG(2,4); Cerrudo, CS(5) y Goñi, SE(1,2).

(1) Laboratorio de Virus Emergentes (LVE), Departamento de Ciencia y Tecnología, Universidad Nacional de Quilmes (UNQ); (2) Unidad de Aplicaciones Biotecnológicas para la Salud (ABioS), Plataforma de Servicios Biotecnológicos (PSB), Departamento de Ciencia y Tecnología, Universidad Nacional de Quilmes (UNQ); (3) Centro de Oncología Molecular y Traslacional, Departamento de Ciencia y Tecnología, Universidad Nacional de Quilmes (UNQ); (4) Laboratorio de Inmunología y Virología (LIV), Departamento de Ciencia y Tecnología, Universidad Nacional de Quilmes (UNQ); (5) Laboratorio de Ingeniería Genética y Biología Celular y Molecular (LIGBCM), Departamento de Ciencia y Tecnología, Universidad Nacional de Quilmes (UNQ).

Contacto: *iarascialfa@gmail.com*

Los virus del papiloma humano (VPH) son virus pequeños de DNA sin envoltura, con más de 450 genotipos, cerca de 40 infectan el tracto genital y se clasifican en tipos de bajo y alto riesgo (16, 18, 31, 33, 35, 39, 45, 51, 52, 56, 58, 59, 66, 68), los cuáles están relacionados con el desarrollo de cáncer de cuello de útero mediante la expresión de las oncoproteínas E6 y E7. Estudios epidemiológicos indican que la prevalencia de los diferentes genotipos varía según los territorios, impactando en las políticas públicas vinculadas al diagnóstico y tratamiento tras la detección de las variantes de alto riesgo. Por lo tanto, es crucial identificar la distribución de los genotipos que prevalecen en Argentina y caracterizarlos. En este trabajo, planteamos determinar la distribución de genotipos de VPH en Argentina y realizar una caracterización bioinformática (IQ-TREE 2.1.2, InterProScan, JPRED 4, AlphaFold), en base a trabajos publicados. Los resultados, además de identificar los genotipos prevalentes en la región, nos permiten relevar el conocimiento actual sobre estos genotipos virales y su distribución en el territorio. Se encontraron 446 secuencias totales de VPH depositadas en el GenBank, pertenecientes a muestras de Argentina, las cuales representan 18 genotipos, tanto de alto (16, 18, 31, 35, 39, 45, 52, 58, 66) como de bajo riesgo (6, 11, 115, 156, 157, 158, 205, 209, 210). La mayoría de las secuencias representan regiones pequeñas conservadas de LCR, L1, E6, E7, E1 (405 secuencias). Aunque, también existen 31 genomas parciales (VPH31 y VPH35) y 10 completos (genotipos 35, 115, 156, 157, 158, 205, 209, 210). No obstante, la búsqueda de trabajos epidemiológicos reveló que en las provincias de Buenos Aires, Corrientes, Misiones, Santiago del Estero, Entre Ríos, Chaco y Córdoba se han detectado 39 genotipos diferentes (sin reporte de secuencias) a partir de distintas muestras obtenidas, principalmente, de cepillados endocervicales, siendo los genotipos 16, 18, 33 y 58 los más detectados. En este contexto, es posible detectar un desbalance entre la cantidad de genotipos circulantes en Argentina y las secuencias disponibles para su estudio (sobre

todo genomas completos), evidenciando así la necesidad de ampliar estudios epidemiológicos que den lugar a la identificación de los genotipos prevalentes a lo largo del país. Si bien la mayoría de las secuencias proteicas de E6 y E7 son parciales, el análisis bioinformático de las mismas permitió determinar que conservaban los mismos patrones estructurales y que existen algunas con cambios no conservativos puntuales que podrían generar modificaciones en su función. En este trabajo presentamos una actualización del conocimiento sobre los genotipos de VPH circulantes en Argentina, lo cual nos permite ampliar el conocimiento de la evolución y función de sus proteínas, contribuyendo a futuras investigaciones en el área de diagnóstico y terapéutica del VPH.