



ÁREA TEMÁTICA: Marcadores de infección viral.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.745.701>

ACV-2025-006

Validación de la genotipificación del virus del papiloma humano mediante secuenciación de Oxford Nanopore en tejidos fijados en formol e incluidos en parafina y en muestras anales y ginecológicas en medio ThinPrep

CAROLINA HERNANDEZ¹, LUZ H. PATIÑO^{1,2}, MILENA CAMARGO^{1,3},
CHING YI WANG¹, FENG CHEN¹, BERNADETTE LIGGAYU¹, LIYONG CAO¹,
CARLOS CORDON-CARDO¹, EMILIA M. SORDILLO¹, ALBERTO PANIZ-MONDOLFI¹ Y
JUAN D. RAMÍREZ^{1,2}

¹ Department of Pathology, Molecular and Cell-Based Medicine, Icahn School of Medicine at Mount Sinai, New York (New York).

² Centro de Investigaciones en Microbiología y Biotecnología-UR, Escuela de Ciencias e Ingeniería, Universidad del Rosario, Bogotá (Colombia).

³ Centro de Tecnología en Salud, Innovaseq SAS, Bogotá (Colombia).

Correspondencia: Juan D. Ramírez. juand.ramirez@urosario.edu.co

RESUMEN

Introducción: El virus del papiloma humano (VPH) está implicado en varios tipos de cáncer, incluidos los de cuello uterino, anal y de cabeza y cuello. Los métodos convencionales de genotipificación y las plataformas comerciales se centran en genotipos de alto riesgo en muestras ginecológicas, limitando su uso en otros contextos clínicos. Debido a los cambios en la epidemiología del VPH y su creciente implicación en otros sitios anatómicos, se requieren estrategias más sensibles y versátiles para su detección y caracterización en una variedad de tipos de muestra.

Métodos: Este estudio tuvo como objetivo validar una técnica de secuenciación basada en amplicones utilizando la plataforma Oxford Nanopore Technologies (ONT) para la detección y genotipificación del VPH en un total de 181 muestras clínicas. Las muestras incluyeron tejidos de cabeza y cuello fijados en formol e incluidos en parafina (FFPE), así como citologías en medio líquido de origen anal y ginecológico. La secuenciación de Sanger se utilizó como método de referencia para evaluar la precisión del método.

Resultados: La metodología basada en ONT demostró una alta sensibilidad, con un límite de detección de 1 copia/uL para los genotipos VPH16/VPH18. Se observó una concordancia perfecta en la detección del virus en todos los tipos de muestra (coeficiente $k = 1.0$). La precisión de la genotipificación superó el 95 %, y en algunas muestras anales y ginecológicas, ONT identificó genotipos adicionales no detectados mediante secuenciación de Sanger. Además, el ensayo mostró una excelente reproducibilidad tanto en análisis intra- como inter- corrida.

Conclusiones: Este es el primer estudio que valida el uso de ONT para la genotipificación del VPH en muestras FFPE de cabeza y cuello. Los resultados respaldan el uso de esta plataforma como una alternativa rápida, precisa y rentable para la genotipificación del VPH en una amplia variedad de contextos clínicos, más allá del entorno ginecológico convencional.

Palabras clave: VPH, cáncer, secuenciación-ONT, límite de detección, sanger.