

Distribución de los genotipos de virus papiloma humano de alto riesgo no 16/18 en la patología cervical en Chile: revisión narrativa

Distribution of high-risk human papillomavirus genotypes excluding 16/18 in cervical pathology in Chile: A narrative review

José Raúl Paredes-Hernández^{1*} , Jorge A. Carvajal-Cabrera¹ 

Resumen

Introducción: El cáncer cervical representa un problema de salud pública significativo, particularmente en países de ingresos bajos y medianos, donde predominan las infecciones persistentes por el virus del papiloma humano (VPH). En Chile, aunque se conocen los genotipos de alto riesgo como VPH-16 y VPH-18, la distribución de otros genotipos de alto riesgo no ha sido ampliamente explorada. Este estudio revisa la distribución de los genotipos de VPH de alto riesgo no 16/18 en diferentes tipos de lesiones cervicales en Chile.

Métodos: Realizamos una revisión bibliográfica en bases de datos como PubMed, SciELO y Epistemonikos, incluyendo estudios sobre detección de VPH en mujeres chilenas con alteraciones cervicales. Seis estudios cumplieron los criterios de inclusión, permitiendo calcular la prevalencia de genotipos de alto riesgo no 16/18 en las lesiones cervicales reportadas. **Resultados:** En un registro total de 4769 mujeres, los genotipos de VPH no 16/18 más frecuentes fueron VPH-31, VPH-58, VPH-45, VPH-33, VPH-56 y VPH-51. La distribución varía según el tipo de lesión: en lesiones de bajo grado, los más prevalentes fueron VPH-51 y VPH-45; en lesiones de alto grado, VPH-31 y VPH-58; y en cáncer cervical, VPH-31 y VPH-45. **Conclusiones:** Los genotipos de alto riesgo no 16/18 presentes en las lesiones cervicales de mujeres chilenas reflejan patrones similares a otras regiones de América Latina. Esta información es fundamental para orientar estrategias de diagnóstico y manejo en la detección de alteraciones citológicas cervicales en Chile.

Palabras clave: VPH; cáncer cervical; genotipos de alto riesgo; Chile; lesiones cervicales; mujeres.

Abstract

Introduction: Cervical cancer is a significant public health issue, especially in low- and middle-income countries, where persistent infections with human papillomavirus (HPV) are prevalent. In Chile, while the high-risk genotypes HPV-16 and HPV-18 are well known, the distribution of other high-risk genotypes has not been widely explored. This study reviews the distribution of high-risk HPV genotypes, excluding types 16 and 18, in diverse types of cervical lesions in Chile. **Methods:** A literature review was conducted in databases such as PubMed, SciELO, and Epistemonikos, including studies on HPV detection in Chilean women with cervical alterations. Six studies met the inclusion criteria, allowing us to calculate the prevalence of high-risk genotypes other than HPV-16/18 in reported cervical lesions.

Results: In a total registry of 4769 women, the most frequent non-16/18 high-risk HPV genotypes were HPV-31, HPV-58, HPV-45, HPV-33, HPV-56, and HPV-51. Distribution varied by lesion type: in low-grade lesions, the most prevalent were HPV-51 and HPV-45; in high-grade lesions, HPV-31 and HPV-58; and in cervical cancer, HPV-31 and HPV-45. **Conclusions:** The high-risk HPV genotypes other than 16/18 found in cervical lesions in Chilean women reflect patterns like those in other regions in Latin America. This information is essential for guiding diagnostic and management strategies in detecting cervical cytological abnormalities in Chile.

Keywords: HPV; cervical cancer; high-risk genotypes; Chile; cervical lesions; women.

Fecha de envío: 06-02-2025 - Fecha de aceptación: 26-12-2025

Introducción

El cáncer de cuello uterino es un problema de salud pública mundial, especialmente en aquellos países de bajos y medianos ingresos

(Singh *et al.*, 2023). Para el 2020 se reportaba una incidencia a nivel mundial de 604.127 nuevos casos de este cáncer (Singh *et al.*, 2023). El mismo año se reportaron 342.000 muertes causadas

(1) Departamento de Obstetricia. Escuela de Medicina. Facultad de Medicina. Pontificia Universidad Católica de Chile. Santiago. Chile
*Autor de correspondencia: jrph2112@gmail.com



por el cáncer de cuello uterino y 90% de ellas se produjeron en países de bajo y medianos ingresos (Singh *et al.*, 2023). En Chile entre el año 2009-2020 hubo una incidencia de cáncer de cuello uterino de 5,3/100.000 mujeres (MINSAL, 2023), esto representó el 6,6% de todos los casos nuevos de cáncer y en el año 2017 se reportaron 601 defunciones por esta enfermedad (MINSAL, 2018).

Se ha demostrado el rol etiológico de la infección crónica persistente por Virus de Papiloma Humano (VPH) en la génesis del cáncer cervicouterino, el cuál surge a lo largo de muchos años, incluso décadas de una infección prolongada por este agente causal. La infección por VPH es extremadamente común en mujeres jóvenes en la primera década de vida sexual activa teniendo una prevalencia en menores de 25 años de hasta 16,9% con un pico de riesgo entre los 35 y 55 años (Crosbie *et al.*, 2013).

El proceso de infección por VPH y el progreso a etapas precursoras y finalmente cáncer cervical, es lento, y no ocurre en todas las mujeres. En la mayoría de las mujeres, ocurre un fenómeno denominado eliminación viral, donde la infección es transitoria y puede resolverse sin necesidad de intervención, alcanzando un estado indetectable en hasta el 90% de los casos en un período de 1 a 2 años (Gravitt & Winer, 2017). En otras mujeres, por el contrario, debido a factores genéticos, inmunológicos y sociales, la infección por VPH se vuelve crónica, lo que provoca cambios en la citoarquitectura de las células cervicales y genera lesiones precancerosas. Las lesiones precancerosas han sido clasificadas según el estrato del epitelio afectado, denominándose neoplasias intraepiteliales (NIE) de tipo I, II y III, además de carcinoma in situ, con una posible progresión posterior a cáncer cervical (Gravitt & Winer, 2017).

Con la incorporación de estudios de ADN se han logrado identificar más de 200 tipos de VPH; estos virus papiloma han sido clasificados en grupos de alto riesgo donde su infección persistente en el tracto genital se asocia al desarrollo de cáncer cervical y en grupos de bajo riesgo asociados a lesiones benignas cutáneas del tracto genital (Crosbie *et al.*, 2013). Dentro de los VPH con alto riesgo de oncogénesis se describen 13 genotipos: 16, 18, 31, 33, 35, 39, 45, 51, 52, 56, 58, 59, y 68. En particular los VPH tipo 16 y 18 son detectados en el 70% de los casos de cáncer cervical a nivel mundial (Kusakabe *et al.*, 2023). La asociación de los otros genotipos de alto riesgo, diferente a los VPH 16 y 18, con la patología cervical difiere ligeramente según la región geográfica.

La identificación de la distribución genotípica del VPH es esencial para estimar el impacto de las políticas de salud pública, los métodos diagnósticos y los sistemas de derivación en la patología cervical. La identificación de estos genotipos es crucial para orientar el desarrollo de guías de manejo de las alteraciones citológicas del

cuello uterino en relación con la detección de diferentes cepas del VPH. El objetivo de este trabajo fue realizar una revisión bibliográfica sobre la distribución de los genotipos de VPH de alto riesgo distintos de los tipos 16 y 18 presentes en los diferentes tipos de lesiones cervicales en Chile, con el fin de orientar el desarrollo de guías de manejo de las alteraciones citológicas del cuello uterino.

Metodología

Revisión narrativa con estrategia de búsqueda estructurada inspirada en las recomendaciones PRISMA para revisiones sistemáticas. Se describen explícitamente fuentes de información, estrategia de búsqueda, selección, extracción y síntesis cualitativa. Buscamos en múltiples bases de datos (PubMed/MEDLINE, SciELO, LILACS y Epistemonikos) los artículos de investigación relacionados con detección de VPH en mujeres con alteraciones preinvasoras o invasoras del cuello uterino, publicados en inglés y español. Se usaron términos MeSH/DeCS y libres combinados: 'Human papillomavirus', 'HPV', 'Cervical cancer', 'High-risk genotypes', 'Chile', 'cervical intraepithelial neoplasia', 'low-grade', 'high-grade'. Operadores booleanos y filtros por humanos, mujeres, y estudios en Chile. Como criterios de inclusión se usaron: estudios realizados en población chilena femenina, con un rango etario amplio desde los 15 hasta los 85 años, con o sin patología cervical, que se reportara la prevalencia de los VPH de alto riesgo, con un intervalo de tiempo de 20 años. Se excluyeron los estudios que involucraran población masculina; ausencia de datos de genotipos de alto riesgo no 16/18; estudios duplicados o con datos no extraíbles. También analizamos las listas de referencia de las investigaciones originales relevantes para detectar artículos pertinentes no detectados en la búsqueda primaria.

De acuerdo con los criterios antes mencionados, seleccionamos siete estudios realizados en población chilena femenina que reportaron la prevalencia de los genotipos de VPH de alto riesgo y la presencia de estos en los diferentes tipos de lesiones cervicales. Mediante el análisis de los datos crudos calculamos la distribución porcentual de acuerdo con el genotipo de VPH diferente a los 16 y 18 presentes en los diferentes tipos de patología cervical.

Debido a la heterogeneidad clínica y metodológica (tipo de muestra, técnica molecular, y denominadores disímiles), no se realizó metaanálisis ni estimaciones combinadas; se presenta una síntesis descriptiva.

Resultados

Los siete artículos seleccionados incluían poblaciones diferentes, constituidas por mujeres con un rango de edad desde los 15 hasta los 84 años, con actividad sexual iniciada, incluyendo mujeres sin patología cervical o que presentaban algún tipo de

lesión intraepitelial (LIE) o cáncer cervical. Las muestras utilizadas provenían de cepillado de la zona exo-endocervical (Brebí *et al.*, 2017; Ferreccio *et al.*, 2004; Melo *et al.*, 2014; Vergara *et al.*, 2017;) o biopsias cervicales (López *et al.*, 2010; Roa *et al.*, 2009; Valdivia *et al.*, 2010). El estudio genético del VPH de las muestras fue analizado a través de diferentes pruebas moleculares como PCR (*Polymerase Chain Reaction*), RLB (*Reverse Line Blotting*) y PCR-RFLP (*Restriction Fragment Length Polymorphism*).

A partir de lo reportado en los estudios realizados en población general sin alteración previa del examen citológico vaginal (PAP

o *Papanicolaou*), incluyendo un total de 4.273 pacientes que fueron sometidas a tamizaje y estudio genotípico de VPH, se estima una prevalencia de 12,4%, de los cuales el 9,7% correspondía al grupo de VPH de alto riesgo (Ferreccio *et al.*, 2004; Vergara *et al.*, 2017).

En el total de artículos seleccionados en esta revisión, con un total de 5.754 mujeres tabuladas, incluyendo mujeres sanas o con lesiones precancerosas o cáncer cervical, la distribución porcentual promedio de los genotipos de VPH de alto riesgo no 16 y 18 presentes en orden descendente fue: VPH-58, VPH-31, VPH-45, VPH-56, VPH-51, VPH-59, VPH-33, VPH-52, VPH-35, VPH-39, VPH-68 (Tabla 1)

Tabla 1: distribución porcentual genotipos de Virus Papiloma Humano de alto riesgo (VPH AR) no 16 y 18

Genotipo	Ferreccio <i>et al.</i> , 2004 (n = 1271)	Brebí <i>et al.</i> , 2017 (n = 985)	Vergara <i>et al.</i> , 2017 (n = 2186)	López <i>et al.</i> , 2010 (n = 150)	Melo <i>et al.</i> , 2014 (n = 480)	Valdivia <i>et al.</i> , 2010 (n = 383)	Roa <i>et al.</i> , 2009 (n = 299)	Promedio %
VPH-31	9 %	7,1 %	1,1 %	6,4 %	4,1 %	3,3 %	3,6 %	4,7 %
VPH-33	2 %	1,9 %	0,3 %	1,3 %	2,1 %	3,3 %	2 %	1,9 %
VPH-35	3 %	1,1 %	0,2 %	2,1 %	1,4 %	0 %	0 %	1,1 %
VPH-39	7 %	0,2 %	0,8 %	0,4 %	0,7 %	0 %	1 %	1,0 %
VPH-45	6 %	7,4 %	0,5 %	5,1 %	2,1 %	3,3 %	3 %	4,5 %
VPH-51	6 %	0,9 %	1,4 %	1,3 %	5,5 %	0 %	0 %	2,3 %
VPH-52	8 %	1,3 %	1,3 %	0,4 %	0 %	0 %	0,5 %	1,3 %
VPH-56	14 %	0,9 %	0,6 %	3,4 %	2,1 %	0 %	3 %	3,3 %
VPH-58	14 %	6,3 %	0,9 %	5,1 %	6,9 %	2,2 %	1,5 %	5,6 %
VPH-59	9 %	0,2 %	1,5 %	0,4 %	0 %	0 %	0,5 %	1,9 %
VPH-66	—	1,4 %	—	—	—	—	—	—
VPH-68	0 %	0,3 %	0,2 %	0 %	0 %	0 %	0 %	0,1 %

Nota. Elaboración propia a partir de Brebí *et al.* (2017), Ferreccio *et al.* (2004), López *et al.* (2010), Melo *et al.* (2014), Valdivia *et al.* (2010) y Roa *et al.* (2009), Vergara *et al.* (2017).

En orden descendente, los genotipos detectados en lesiones de bajo grado (LBG) fueron: VPH-51, VPH-45, VPH-58, VPH-56, VPH-35, VPH-31, VPH-66, VPH-52, VPH-33, VPH-39 y VPH-59 (Tabla 2).

Tabla 2: Distribución porcentual de genotipos de VPH AR no 16/18 en lesiones de bajo grado (LBG).

Genotipo	Brebi <i>et al.</i> , 2017 (n = 249)	Melo <i>et al.</i> , 2014 (n = 146)	López <i>et al.</i> , 2010 (n = 90)	Vergara <i>et al.</i> , 2017 (n = 3379)	Total % LBG
VPH-31	0,8 %	3,7 %	1,6 %	0,03 %	1,5 %
VPH-33	0,8 %	1,9 %	0	0	0,7 %
VPH-35	2,4 %	3,7 %	0,9 %	0	1,8 %
VPH-39	0,8 %	0	0,9 %	0	0,6 %
VPH-45	4,0 %	1,9 %	9,5 %	0,03 %	3,9 %
VPH-51	3,2 %	11,1 %	1,6 %	0,06 %	4,5 %
VPH-52	2,0 %	0	0	0	0,8 %
VPH-56	2,8 %	3,7 %	5,2 %	0,12 %	2,9 %
VPH-58	2,8 %	7,4 %	2,6 %	0,12 %	3,7 %
VPH-59	0	0	0,9 %	0,03 %	0,2 %
VPH-66	2,8 %	—	—	—	0,9 %
VPH-68	0	0	0	0	0

Nota. Elaboración propia a partir de Brebi *et al.* (2017), López *et al.* (2010), Melo *et al.* (2014), y Vergara *et al.* (2017).

En las lesiones de alto grado (Tabla 3), la distribución fue: VPH-31, VPH-58, VPH-33, VPH-35, VPH-45, VPH-51, VPH-56, VPH-52, VPH-66, VPH-39 y VPH-68 (Brebi *et al.*, 2017; López *et al.*, 2010; Melo *et al.*, 2014; Vergara *et al.*, 2017). La distribución de los genotipos de VPH de alto riesgo distintos de los tipos 16 y 18 en lesiones de alto grado (LAG) se presenta en la Tabla 3.

Tabla 3: Distribución porcentual de genotipos de VPH AR no 16/18 en lesiones de alto grado (LAG).

Genotipo	Brebi <i>et al.</i> , 2017 (n = 636)	Melo <i>et al.</i> , 2014 (n = 126)	López <i>et al.</i> , 2010 (n = 60)	Vergara <i>et al.</i> , 2017 (n = 3379)	Total % LAG
VPH-31	5,0 %	4,4 %	10,9 %	0,03 %	5,1 %
VPH-33	1,9 %	2,2 %	2,5 %	0,03 %	1,6 %
VPH-35	1,1 %	0	3,3 %	0	1,1 %
VPH-39	0,2 %	1,1 %	0	0	0,4 %
VPH-45	3,1 %	2,2 %	0,9 %	0	1,5 %
VPH-51	0,6 %	2,2 %	0,9 %	0	0,9 %
VPH-52	1,3 %	—	—	—	0,6 %
VPH-56	0,9 %	1,1 %	1,7 %	0	0,9 %
VPH-58	3,8 %	6,6 %	7,6 %	0	4,5 %
VPH-66	1,4 %	—	—	—	0,5 %
VPH-68	0,3 %	—	—	—	0,1 %

Nota. Elaboración propia a partir de Brebi *et al.* (2017), López *et al.* (2010), Melo *et al.* (2014), y Vergara *et al.* (2017).

Las pacientes estudiadas con diagnóstico de cáncer cervical (383 biopsias analizadas y muestras de cepillado cervical en pacientes con diagnóstico de carcinoma escamocelular) mostraron que la distribución de los genotipos de VPH de alto riesgo, no 16 y 18, en orden descendente fue: VPH-31, VPH-45, VPH-33, VPH-58, VPH-39, VPH-56, VPH-52 y VPH-59 (Tabla 4) (Brebi *et al.* 2017; Roa *et al.*, 2009; Valdivia *et al.*, 2010).

Tabla 4: distribución porcentual de los genotipos de VPH AR no 16 y 18 en cáncer cervical.

Genotipo	Brebi <i>et al.</i> , 2017 (n = 24)	Roa <i>et al.</i> , 2009 (n = 299)	Valdivia <i>et al.</i> , 2010 (n = 383)	Total % cáncer (promedio)
VPH-31	0	3,6 %	3,3 %	2,3 %
VPH-33	0	2,0 %	3,3 %	1,8 %
VPH-39	4,2 %	1,0 %	0	1,7 %
VPH-45	4,2 %	3,0 %	3,3 %	3,5 %
VPH-58	0	1,5 %	2,2 %	1,2%
VPH-66	8,3 %	—	—	2,8 %
VPH-68	4,2 %	—	—	1,4 %

Nota. Elaboración propia a partir de Brebi *et al.* (2017), Roa *et al.* (2009) y Valdivia *et al.* (2010).

Discusión y análisis

En esta revisión establecimos que los genotipos de VPH de alto riesgo no 16 y 18 más frecuentemente aislados en población chilena fueron 31, 58, 45, 33, 56, 51. En mujeres con lesiones intraepiteliales de bajo grado los VPH de mayor frecuencia fueron 51, 45, 58, 31, 35, 59 y en aquellas con lesiones de alto grado 31, 58, 33, 35, 45, 51 en orden descendente respectivamente. En el caso del cáncer cervical encontramos que dentro de los genotipos aislados estuvieron 31, 45, 33, 58.

Los resultados que aquí reportamos, sobre la epidemiología del VPH en población chilena, son similares a aquellos de reportes a nivel mundial en un metaanálisis que incluyó los 5 continentes; si bien la distribución difiere de acuerdo al grupo etario y la ubicación geográfica los virus de papiloma humano diferentes al 16/18 mayormente encontrados fueron 52, 31, 58, 39, 56, y 51 (Bruni *et al.*, 2010) y en población de Latino América y el Caribe de acuerdo a una revisión sistemática realizada en población femenina la distribución fue similar a lo previamente descrito en la literatura regional (Aguilar Luna *et al.*, 2024). Esto guarda concordancia con la reportado en Chile.

En nuestro estudio los genotipos de AR no-16/18 presentes con mayor frecuencia en lesiones de bajo grado fueron 31, 58, 45, 33, 56, 51. Una parte de la población incluida fueron mujeres menores de 25 años (4%) en donde es común encontrar una alta prevalencia de infección por VPH. Sin embargo, los resultados fueron similares a lo reportado en una revisión sistemática en población ecuatoriana donde se aislaron en lesiones de bajo grado los mismos genotipos previamente mencionados en población chilena (Yuxi Bustos & Gállegos Vintimilla, 2021). Además, ellos encontraron otros genotipos

como 66, 39, 68, 33, 59, 35, y 53, siendo diferentes a los aislados en reportes chilenos. Esta distinción hace notar que la prevalencia difiere de acuerdo con la población estudiada.

En mujeres con lesiones de alto grado, nuestros resultados mostraron en orden descendente la presencia de los genotipos 31, 58, 33, 35, 45, 51. En una revisión sistemática de países de Latinoamérica y el Caribe en lesiones de alto grado, además de los genotipos 16 y 18, los otros VPH AR más frecuentes en orden descendente fueron: 58, 31, 33, 52, 45, 51, 35, 39, 56, 68, 59 y 66, similares en su mayoría a nuestro estudio (Ciapponi *et al.*, 2011).

En el caso de mujeres con cáncer cervical los genotipos VPH AR no 16 y 18 detectados con mayor frecuencia fueron 31, 45, 33, 58. Los resultados que aquí reportamos provienen de estudios que incluyen carcinoma escamocelular y adenocarcinoma sin hacer distinción al tipo histológico (Roa *et al.*, 2009; Valdivia *et al.*, 2010). Los genotipos aislados guardan similitud a lo descrito en una revisión sistemática a partir del estudio ESTAMPA en Latinoamérica que incluyó países como Argentina, Colombia, Paraguay, Honduras, Costa Rica, y Uruguay (Correa *et al.*, 2022).

Como limitaciones de este estudio se evidencia heterogeneidad en tamaño muestral, tipo de muestra (cepillado versus biopsia) y técnica molecular (PCR, RLB, PCR-RFLP). No se aplicaron pruebas de heterogeneidad (I^2) ni modelos de efectos aleatorios/fijos dada la naturaleza descriptiva de la revisión; estos factores pueden introducir sesgo en las estimaciones.

Los datos disponibles sugieren que, en población chilena, los genotipos de VPH de alto riesgo distintos de los tipos 16 y 18 presentan una distribución similar a la descrita en otros países

de América Latina. Destaca la presencia consistente de los genotipos 31, 45, 33 y 58 a lo largo de todo el espectro de la patología cervical, desde lesiones intraepiteliales de bajo grado hasta cáncer cervical invasor. Estos hallazgos refuerzan la relevancia de la vigilancia molecular del VPH y respaldan el uso de vacunas multivalentes en los programas nacionales de prevención del cáncer cervicouterino.

Reconocimientos

Declaración de conflictos de interés: Los autores declaran no tener conflictos de interés.

Fuentes de financiamiento: Este estudio no recibió financiamiento externo.

Contribuciones de los autores según CRedIT:

José Raúl Paredes-Hernández: Conceptualización, Curación de datos, Análisis formal, Investigación, Metodología, Redacción – borrador original.

Jorge A. Carvajal-Cabrera: Supervisión, Validación, Revisión y edición del manuscrito.

Agradecimientos

Los autores agradecen a los investigadores cuyos estudios fueron incluidos en esta revisión y a las bases de datos científicas que facilitaron el acceso a la literatura analizada.

Referencias

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>

Brebi, P., Ili, C. G., Andana, A., Menzel, D., López, J., Guzmán, P., et al. (2017). Frequency of human papillomavirus in women attending cervical cancer screening program in Chile. *BMC Infectious Diseases*, 17, Article 518. <https://doi.org/10.1186/s12879-017-2601-5>

Bruni, L., Diaz, M., Castellsagué, M., Ferrer, E., Bosch, F. X., & de Sanjosé, S. (2010). Cervical human papillomavirus prevalence in 5 continents: Meta-analysis of 1 million women with normal cytological findings. *The Journal of Infectious Diseases*, 202(12), 1789–1799. <https://doi.org/10.1086/657321>

Ciapponi, A., Bardach, A., Glujovsky, D., Gibbons, L., & Picconi, M. A. (2011). Type-specific HPV prevalence in cervical cancer and high-grade lesions in Latin America and the Caribbean: Systematic review and meta-analysis. *PLOS ONE*, 6(10), e25493. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0025493>

Correa, R. M., Baena, A., Valls, J., Colucci, M. C., Mendoza, L., Rol, M., Wiesner, C., Ferrera, A., Fellner, M. D., González, J. V., Basiletti, J. A., Mongelos, P., Rodríguez de la Peña, M., Saino, A., Kasamatsu, E., Velarde, C., Macavilca, N., Martínez, S., Venegas, G., ... Picconi, M. A. (2022). Distribution of human papillomavirus genotypes by severity of cervical lesions in HPV-screened positive women from the ESTAMPA study in Latin America. *PLOS ONE*, 17(7), e0272205. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0272205>

Crosbie, E. J., Einstein, M. H., Franceschi, S., & Kitchener, H. C. (2013). Human papillomavirus and cervical cancer. *The Lancet*, 382(9895), 889–899. [https://doi.org/10.1016/S0140-6736\(13\)60022-7](https://doi.org/10.1016/S0140-6736(13)60022-7)

Ferreccio, C., Prado, R. B., Luzoro, A. V., Ampuero, S. L., Snijders, P. J. F., Meijer, C. J. L. M., Vaccarella, S. V., Jara, A. T., Puschel, K. I., Robles, S. C., Herrero, R., Franceschi, S., & Ojeda, J. M. (2004). Population-based prevalence and age distribution of human papillomavirus among women in Santiago, Chile. *Cancer Epidemiology, Biomarkers & Prevention*, 13(12), 2271–2276. <https://doi.org/10.1158/1055-9965.2271.13.12>

Gravitt, P. E., & Winer, R. L. (2017). Natural history of HPV infection across the lifespan: Role of viral latency. *Viruses*, 9(10), Article 267. <https://doi.org/10.3390/v9100267>

Kusakabe, M., Taguchi, A., Sone, K., Mori, M., & Osuga, Y. (2023). Carcinogenesis and management of human papillomavirus-associated cervical cancer. *International Journal of Clinical Oncology*, 28(8), 965–974. <https://doi.org/10.1007/s10147-023-02337-7>

López, J., Ili, C. G., Brebi, P., García, P., Capurro, I., Guzmán, P., Suárez, E., Ojeda, J. M., & Roa, J. C. (2010). Detección y tipificación de virus papiloma humano en lesiones preneoplásicas de cuello uterino. *Revista Médica de Chile*, 138, 1343–1350. <https://dx.doi.org/10.4067/S0034-98872010001200001>

Melo, A., Vásquez, A. M., Andana, A., Matamala, M., Pino, T., Guzmán, P., Hoffstetter, R., Ili, C., Brebi, P., & Roa, J. C. (2014). Genotipificación del virus papiloma humano en mujeres bajo 25 años de edad participantes del Programa Nacional del Cáncer Cérvico-Uterino en la Región de la Araucanía, Chile. *Revista Chilena de Infectología*, 31, 542–548. <http://dx.doi.org/10.4067/S0716-10182014000500005>

- MINSAL. (2018). *Cáncer cérvico-uterino: Descripción y epidemiología*. División de Prevención y Control de Enfermedades. <https://diprece.minsal.cl/garantias-explicitas-en-salud-auge-o-ges/cancer-cervico-uterino/descripcion-y-epidemiologia/>
- MINSAL. (2023). *Informe de mortalidad por cáncer en Chile, período 2009–2020* (pp. 12–16). https://epi.minsal.cl/wp-content/uploads/2024/01/Informe_Mortalidad_por_Cancer_en_Chile_Periodo_2009_2020.pdf
- Roa, J. C., García, P., Gómez, J., Fernández, W., Gaete, F., Espinoza, A., Lepetic, A., & Suárez, E. (2009). HPV genotyping from invasive cervical cancer in Chile. *International Journal of Gynecology & Obstetrics*, 105(2), 150–153. <https://doi.org/10.1016/j.ijgo.2008.12.017>
- Singh, D., Vignat, J., Lorenzoni, V., Eslahi, M., Ginsburg, O., Lauby-Secretan, B., Arbyn, M., Basu, P., Bray, F., & Vaccarella, S. (2023). Global estimates of incidence and mortality of cervical cancer in 2020: A baseline analysis of the WHO Global Cervical Cancer Elimination Initiative. *The Lancet Global Health*, 11(2), e197–e206. [https://doi.org/10.1016/S2214-109X\(22\)00501-0](https://doi.org/10.1016/S2214-109X(22)00501-0)
- Valdivia, I. M., Aguayo, F., Pruyas, M., Snijders, P. J. F., Corvalán, A., & Ferreccio, C. (2010). Genotipos de virus papiloma humano (VPH) en pacientes con cáncer cérvico-uterino en un hospital público y una clínica privada de Santiago, Chile. *Revista Chilena de Infectología*, 27, 11–15. <http://dx.doi.org/10.4067/S0716-10182010000100001>
- Vergara, N., Espinoza, G., Balanda, M., Quiero, A., Hidalgo, W., San Martín, H., Ramírez, A., & Ramírez, E. (2017). Prevalence of human papillomavirus infection among Chilean women from 2012 to 2016. *Journal of Medical Virology*, 89(9), 1646–1653. <https://doi.org/10.1002/jmv.24805>
- Yuxi Bustos, J. R., & Gallegos Vintimilla, S. H. (2021). Prevalencia de serotipos del virus de papiloma humano en mujeres de Ecuador. *Revista Vive*, 4(11), 262–287. <https://doi.org/10.33996/revistavive.v4i11.93>