

ANÁLISIS DE VARIANTES DE HPV-16 COMO MARCADOR MOLECULAR ANTROPÓLOGICO

*Badano, I¹; Basiletti, J²; Tonon, SA^{†1}; Liotta, J¹; Picconi, MA²;
† Sergio, A. Tonon (1964-2006)*

¹LaBiMA. FCEQyN. UNaM. ²Servicio Virus Oncogénicos, INEI-ANLIS “Dr. Carlos G. Malbran”, Buenos Aires, Argentina. inesbadano@yahoo.com.ar

El Virus Papiloma Humano tipo 16 (HPV16) es el principal responsable del desarrollo del cáncer de cuello uterino. Además de su significado clínico, el estudio de la variación genética en las regiones E6, L1 y LCR de este virus ha permitido identificar *variantes* específicas de diferentes áreas geográficas. Este descubrimiento sugiere una antigua propagación del HPV16 y su coevolución con el género humano. En este contexto, las variantes podrían servir como marcador molecular antropológico, aportando nuevos datos al análisis de patrones migratorios humanos. El objetivo del trabajo fue determinar las variantes de HPV16 en las regiones genéticas E6 y L1 que infectan mujeres guaraníes de Misiones. Para ello se analizaron 39 muestras de cepillados cervicales de mujeres guaraníes infectadas con HPV16. Las variantes en E6 y L1 se identificaron por PCR e hibridación en dot blot. Los resultados obtenidos fueron: el 77% de las variantes Europeas, 20% Africanas y 3% Asiático Americanas. La baja prevalencia de variantes Asiático Americanas coincide con lo reportado por Picconi y col, 2002 para mujeres quechuas, y haría suponer una limitada diseminación del HPV16 durante la época prehispanica. El predominio de las variantes Europeas podría ser resultado de la colonización española y la inmigración europea, mientras que el tráfico de esclavos negros explicaría la presencia de variantes Africanas. Por otra parte, la hipótesis de competencia viral tampoco puede ser descartada.