Ciencia y Educación
(L-ISSN: 2790-8402 E-ISSN: 2707-3378)
Vol. 7 No. 11.1
Edición Especial XI 2026

DETECCIÓN DE VPH EN HOMBRES: MÉTODOS MOLECULARES Y NANOTECNOLOGÍA

DETECTION OF HPV IN MEN: MOLECULAR METHODS AND NANOTECHNOLOGY

Autores: [1]Julio Cesar Montenegro Valverde y [2]Gisnella María Cedeño Cajas.
[1]ORCID ID: https://orcid.org/0009-0006-8129-3176
[2]ORCID ID: https://orcid.org/0000-0001-7452-8762
[1]E-mail de contacto: jc.juliomontenegro6@gmail.com
[2]E-mail de contacto: gcedeno@unach.edu.ec
Afiliación: [1*2*]Maestría en Diagnostico de Laboratorio Clínico y Biología Molecular, con mención en Bioquímica Clínica, Universidad Nacional de Chimborazo, (Ecuador).
Artículo recibido: 5 de Octubre del 2026
Artículo revisado: 7 de Octubre del 2026
Artículo aprobado: 7 de Octubre del 2026
[1]Licenciado en Laboratorio Clínico, graduado de la Universidad Técnica de Ambato, UTA, (Ecuador). Maestrante de Maestría en Diagnóstico de Laboratorio Clínico y Biología Molecular, mención Bioquímica Clínica, en la Universidad Nacional de Chimborazo, UNACH, (Ecuador).
[2]Licenciada en Ciencias de la Salud en Laboratorio Clínico e Histopatológico, graduada de la Universidad Nacional de Chimborazo, UNACH, (Ecuador). Magíster en Ciencias de la Educación, mención Biología, graduada de la Universidad Nacional de Chimborazo, UNACH, (Ecuador).

Resumen

El Virus del Papiloma Humano (VPH) constituye una de las infecciones de transmisión sexual más frecuentes a nivel mundial y representa un importante problema de salud pública debido a su asociación con lesiones benignas, lesiones precursoras de cáncer y neoplasias malignas presentes en la población masculina. Los genotipos de alto riesgo especialmente VPH-16 y VPH -18 se relacionan con el desarrollo de cáncer anal, peneano y orofaríngeo mientras que los genotipos de bajo riesgo son responsables principalmente de verrugas genitales o condilomas. La presente revisión documental analizó publicaciones científicas recientes sobre los métodos de detección molecular del VPH en hombres y los avances de la nanotecnología aplicados al diagnóstico de esta infección. Los resultados evidenciaron que la reacción en cadena de la polimerasa (PCR) continúa siendo la técnica más utilizada debido a su elevada sensibilidad y especificidad para la detección y genotipificación viral. Asimismo, se identificó una alta prevalencia de los genotipos VPH-16, VPH-18, VPH-52 y VPH-58 en distintas poblaciones masculinas, mientras que VPH-6 y VPH-11 fueron los genotipos de bajo riesgo más prevalentes. Por otra parte, las tecnologías emergentes como la secuenciación de nueva generación, los sistemas basados en CRISPR y los biosensores nanotecnológicos demostraron una mayor capacidad para la identificación precisa de biomarcadores virales y coinfecciones, la evidencia analizada indica que estas herramientas presentan un importante potencial para optimizar el diagnóstico molecular del VPH. Se concluye que la integración de tecnologías moleculares avanzadas y nanotecnologías, podría mejorar la detección temprana del VPH y fortalecer las estrategias de prevención y control en la población masculina.

Palabras clave: VPH, Detección molecular, PCR, Nanotecnología, Biosensores.

Abstract

Human Papillomavirus (HPV) is one of the most common sexually transmitted infections worldwide and represents a major public health concern due to its association with benign lesions, precancerous lesions, and malignant neoplasms in the male population. High-risk genotypes, particularly HPV-16 and HPV-18, are associated with the development of anal, penile, and oropharyngeal cancers, whereas low-risk genotypes are mainly responsible for genital warts or condylomas. This literature review analyzed recent scientific publications on molecular methods for HPV detection in men and advances in nanotechnology applied to the diagnosis of this infection. The results

showed that polymerase chain reaction (PCR) remains the most widely used technique due to its high sensitivity and specificity for viral detection and genotyping. Likewise, a high prevalence of HPV-16, HPV-18, HPV-52, and HPV-58 genotypes was identified in different male populations, while HPV-6 and HPV-11 were the most prevalent low-risk genotypes. Furthermore, emerging technologies such as next-generation sequencing, CRISPR-based systems, and nanotechnology-based biosensors demonstrated greater capacity for the accurate identification of viral biomarkers and coinfections. The evidence analyzed indicates that these tools have significant potential to optimize the molecular diagnosis of HPV. It is concluded that the integration of advanced molecular technologies and nanotechnologies could improve early HPV detection and strengthen prevention and control strategies in the male population.
Keywords: HPV, Molecular Detection, PCR, Nanotechnology, Biosensors.

Sumário

O Papilomavírus Humano (VPH) constitui uma das infecções sexualmente transmissíveis mais frequentes em todo o mundo e representa um importante problema de saúde pública devido à sua associação com lesões benignas, lesões precursoras do câncer e neoplasias malignas presentes na população masculina. Os genótipos de alto risco, especialmente o VPH-16 e o VPH-18, estão relacionados ao desenvolvimento de câncer anal, peniano e orofaríngeo, enquanto os genótipos de baixo risco são responsáveis principalmente por verrugas genitais ou condilomas. A presente revisão documental analisou publicações científicas recentes sobre os métodos de detecção molecular do VPH em homens e os avanços da nanotecnologia aplicados ao diagnóstico dessa infecção. Os resultados demonstraram que a reação em cadeia da polimerase (PCR) continua sendo a técnica mais utilizada devido à sua elevada sensibilidade e especificidade para a detecção e genotipagem viral. Da mesma forma, foi identificada uma alta prevalência dos genótipos VPH-16, VPH-18, VPH-52 e VPH-58 em diferentes populações masculinas, enquanto o VPH-6 e o VPH-11 foram os genótipos de baixo risco mais prevalentes. Por outro lado, tecnologias emergentes, como o sequenciamento de nova geração, os sistemas baseados em CRISPR e os biossensores nanotecnológicos, demonstraram maior capacidade para a identificação precisa de biomarcadores virais e coinfecções. As evidências analisadas indicam que essas ferramentas apresentam um importante potencial para otimizar o diagnóstico molecular do VPH. Conclui-se que a integração de tecnologias moleculares avançadas e nanotecnologias poderia melhorar a detecção precoce do VPH e fortalecer as estratégias de prevenção e controle na população masculina.
Palavras-chave: VPH, Detecção Molecular, PCR, Nanotecnologia, Biossensores.

Introducción

El Virus del Papiloma Humano (VPH), es un grupo de más de 200 virus que se encuentran relacionados con más de 40 tipos que pueden llegar a infectar las zonas genitales. El VPH se clasifica en dos categorías, tipos de bajo riesgo y de alto riesgo oncogénico como: el VPH 6 y el VPH 11, que causan afecciones benignas como verrugas genitales o condilomas, mientras que los genotipos de VPH de alto riesgo como: el VPH 16 y el 18, se asocian con diversos tipos de cáncer, incluidos el cáncer de pene, ano y orofaringe (Instituto Nacional del Cáncer, 2023; Shi et al., 2025).

La Organización Mundial de la Salud (OMS) identificó 12 tipos de VPH de alto riesgo que contribuyen significativamente al cáncer de cuello uterino, pene y otras neoplasias malignas (Chauhan et al., 2021). El VPH se transmite principalmente a través del contacto intimo piel con piel, incluido el contacto vaginal, anal y oral (Centers for Disease Control and Prevention, 2024). La prevalencia mundial del VPH es muy notable, aproximadamente uno de

cada tres hombres mayores de 15 años está infectado con al menos un tipo de VPH, en la mayoría de los casos las infecciones por VPH son embargo, áticas y transitorias, lo que dificulta su identificación, sin embargo las infecciones persistentes con tipos de alto riesgo oncogénico, los que pueden desencadenar alteraciones celulares que llevan al desarrollo de lesiones precancerosas y cancerosas (Quinlan, 2021; Wijesekera et al., 2024).

En el Ecuador el cáncer asociado al VPH representa un importante problema de salud pública, en 2022 se reportaron aproximadamente 1792 casos de cáncer cervicouterino, mientras que en hombres se ha observado un incremento de cáncer anal, peneano y orofaríngeo relacionados con el VPH, entre el 2015 y 2019 se registraron 4880 casos asociados a neoplasias por VPH, una proporción significativa de los cuales afecta tanto a hombres como a mujeres (Chachalo et al., 2025; Tubón y Córdova, 2024). Las manifestaciones clínicas por infecciones persistentes por VPH pueden variar ampliamente, si bien muchas personas permanecen asintomáticas, otras pueden desarrollar verrugas o condilomas y progresar a lesiones precancerosas y cancerosas, dependiendo del subtipo de VPH y la duración de la infección en si (Bruni et al., 2023). La carga de las enfermedades asociadas al VPH representa un importante problema de salud pública en especial en la población femenina, sin embargo, en los últimos años se ha puesto mayor énfasis en la detección del VPH, reconociendo el impacto significativo que esta infección tiene en la población masculina.

Medina et al. (2021) estima que durante el año 2019, el VPH estuvo relacionado con aproximadamente 620.000 casos de cáncer en mujeres y 70.000 casos en hombres a nivel mundial, estas cifras muestran la necesidad de fortalecer las estrategias de prevención, educación y concientización sobre esta problemática. Organización Mundial de la Salud, (2024) ha demostrado que la vacunación profiláctica contra el VPH es eficaz para prevenir los cánceres asociados con los genotipos de VHP de alto riesgo oncogénico y las pruebas de detección permite identificar de manera temprana lesiones precancerosas, especialmente en mujeres, contribuyendo así a reducir la morbilidad asociada a esta infección (Alemany y Brotons, 2025); (Organización Mundial de la Salud, 2024).

Tabla 1. *Genotipos del Virus del Papiloma Humano.*

Clasificación	Genotipos de VPH	Enfermedades o lesiones asociadas
VPH de bajo riesgo (LR-HPV)	6, 11	Verrugas genitales o condilomas, lesiones benignas del epitelio
	42, 43, 44	Lesiones intraepiteliales de bajo grado, verrugas genitales
	40, 54, 61, 70, 72, 81	Verrugas cutáneas o genitales, lesiones benignas
VPH de alto riesgo (HR-HPV)	16	Cáncer de cuello uterino, cáncer de pene, anal y orofaríngeo
	18	Cáncer cervical, adenocarcinoma cervical, cáncer peneano y anal
	31, 33, 35	Lesiones intraepiteliales de alto grado, lesiones precancerosas anales y peneanas
	39, 45	Cáncer cervical, cáncer anal y lesiones precancerosas
	51, 52	Lesiones cervicales y lesiones intraepiteliales anales de alto grado
	56, 58, 59	Cáncer cervical, cáncer anal o lesiones precancerosas anales
	68, 73, 82	Asociados a cáncer anogenital (anal o peneano)
VPH de probable alto riesgo	26, 53, 66	Posibles relaciones con cáncer cervical y lesiones anogenitales o precancerosas en hombres

Fuente: Elaboración propia.

La clasificación de los genotipos de VPH permite diferenciar de aquellos que se los asocia principalmente con lesiones benignas de los que presentan mayor riesgo oncogénico en la tabla 1 se presentan los principales genotipos y las enfermedades o lesiones asociadas, los tipos 6 y 11, clasificados como bajo riesgo se relaciona principalmente con verrugas genitales y lesiones benignas, mientras que los genotipos de alto riesgo, en especial el 16 y 18 se los presenta, con una mayor asociación con lesiones intraepiteliales de alto grado y de canceres anogenitales y orofaríngeos.

Otros genotipos como 31, 33, 52 y 58 de la misma manera son de importancia clínica por su relación con lesiones precancerosas y los genotipos 26, 53 y 66 evidencian una posible asociación oncogénica. Los métodos de detección del virus del papiloma humano (VPH) en hombres han evolucionado significativamente, su punto principal ha sido mejorar la precisión, accesibilidad y comodidad del paciente, en la actualidad se utiliza dos tipos de categorías para su detección, las serológicas y las moleculares, siendo esta última, la más utilizada para la detección del VPH debido a su alta especificidad y sensibilidad.

Las pruebas moleculares se centran en la detección de ADN o ARN del VPH en las muestras, actualmente se han desarrollado diversas técnicas, metodologías en las que se incluye también las técnicas tradicionales basadas en PCR y las tecnologías emergentes (Arango et al., 2021). La reacción de la cadena de la polimerasa (PCR) convencional es utilizada ampliamente para la detección del VPH, debido a su capacidad para amplificar secuencias de ADN específicas del genoma del VPH, esta PCR consta de tres pasos importantes: desnaturalización, hibridación y extensión, lo que permite generar múltiples copias de ADN del virus del VPH a partir de pequeñas muestras iniciales (Williams et al., 2022). Las variantes de la PCR como son la PCR digital de gotas (ddPCR), han demostrado una mayor capacidad de cuantificación y precisión analítica, incrementando significativamente la sensibilidad diagnostica y disminuyendo el riesgo de obtener resultados falsos negativos (Malin et al., 2021).

La secuenciación de próxima generación (NGS), representa un avance importante en el diagnóstico molecular del VPH, ya que no solo permite detectar la presencia del virus en las muestras clínicas, sino también permite identificar con precisión sus genotipos y genotipos específicos, esta capacidad de detección permite evaluar el potencial oncogénico y comprender mejor la patogenicidad del VPH (Basiletti et al., 2022); (Ma et al., 2022). La secuencia de nueva generación (NGS) permite analizar las ampliaciones de la región E2 del VPH para determinar si el ADN viral se ha integrado en el genoma de la célula huésped, esta capacidad proporciona información importante sobre los mecanismos de la carcinogénesis asociados al virus y su posible relación con el desarrollo y evolución del cáncer (Malin et al., 2021).

Entre los avances más recientes en el diagnóstico del VPH incluyen, tecnologías como la amplificación isotérmica mediada por bucles (LAMP) y el diagnóstico basado en CRISPR los cuales han ganado relevancia por su capacidad de ofrecer una detección rápida, rentable y fácil aplicación, estas herramientas pueden reducir la dependencia de equipos especializados y favorecer al desarrollo de pruebas realizadas directamente en el lugar lo que es de importancia en laboratorios con recursos limitados (Ghouneimy et al., 2024). Además, incorporan técnicas de muestreo con

muestras biológicas no invasivas como sangre, orina y saliva, usando ensayos basados en vesículas extracelulares (VE) que permiten identificar ácidos nucleicos virales y biomarcadores asociados al VPH de forma más rápida y menos invasiva para el paciente (Haring et al., 2025; Z et al., 2025). Estas evoluciones tecnológicas tienen como objetivo superar las limitaciones de los métodos invasivos tradicionales y mejorar la detección (Mudhigeti et al., 2022).

Sin embargo la utilización de estas nuevas tecnologías en la práctica clínica requieren estudios de validación que determinen su sensibilidad, especificidad, reproductibilidad y utilidad en la población masculina, así como establecer procedimientos estandarizados para la recolección, conservación y procesamiento de las muestras, debido a que la variación preanalítica puede afectar el rendimiento de estas nuevas tecnologías, aunque las LAMP, CRISPR y las VE muestran un alto potencial, todavía se debe realizar investigaciones antes de ser sustituidas o complementarlas las metodologías moleculares ya establecidas (Aldana et al., 2026).

En los hombres los métodos de detección directa incluyen técnicas de identificación de ADN o ARN del VPH en diferentes sitios anatómicos estos incluyen el surco coronal, cuerpo del pene y el meato uretral, no obstante las investigaciones futuras deben centrarse en comparar la eficiencia diagnostica de las pruebas realizadas en estos sitios anatómicos, así como evaluar la viabilidad y precisión de los métodos de muestreo no invasivos, como es el caso de la primera micción de la mañana con la finalidad de optimizar la sensibilidad, accesibilidad y aceptación diagnostica (Ren et al., 2025). Si bien los métodos tradicionales como la Captura Hibrida 2 (HC2) y el Cervista han demostrado ser pruebas sensibles y confiables para la detección del VPH en mujeres, su aplicación en hombres aún está en fase de investigación (Vives et al., 2022). El método HC2 está basado en la hibridación del ADN viral, con sondas de ARN especificas seguidas de la detección mediante quimioluminiscencia permitiendo identificar tipos de VPH de alto y bajo riesgo oncogénico, mientras que Cervista utiliza tecnología de invasión de ADN (Invader Chemistry), para detectar la presencia de ADN viral y poder diferenciar genotipos asociados al desarrollo de cáncer (Belinson et al., 2021); (Mongia et al., 2021).

De la misma manera el método Aptima VPH (AHPV) es una prueba molecular basada en la detección de ARN mensajero (ARNm) de los oncogénes E6/E7 del VPH de alto riesgo, los cuales se relacionan con la transformación celular y la carcinogénesis este método, aunque más costoso no permite diferenciar los distintos genotipos, pero es un método de alta especificidad y tiene el potencial para evaluar el riesgo de cáncer, esto sugiere que su aplicación podría extenderse a la población masculina en contextos clínicos (Benevolo et al., 2021 Ratnam et al., 2021; Yang et al., 2022).

La nanotecnología se ha convertido en el enfoque importante para la detección del VPH, aprovechando las propiedades ópticas, eléctricas y magnéticas, únicas de diversos nanomateriales incluyendo: nanopartículas y nanosensores estos avances han permitido desarrollar nuevas técnicas más rápidas con mayor sensibilidad y precisión como la espectroscopía Raman, intensificada por superficie (SERS), basada en nanopartículas metálicas generalmente de oro y plata que amplifican las señales Raman generadas por biomoléculas del VPH, detectando cantidades

mínimas del ADN, ARN o proteínas virales con alta sensibilidad (J. Q. Li et al., 2023). Otra técnica es la resonancia de plasmones de superficie localizada (LSPR), que utiliza nanopartículas metálicas, capaces de generar cambios ópticos al unirse específicamente a biomarcadores del VPH, esto es medido en tiempo real, lo que facilita la detección rápida y más específica sin la necesidad de amplificar el material genético, así como los nanobiosensores que combinan elementos biológicos como anticuerpos, sondas de ADN o ARN con nanomateriales capaces de transformar la interacción con VPH en señales eléctricas, ópticas o electroquímicas (Hussain et al., 2022; Z. et al., 2025).

Materiales y métodos

La presente investigación es de carácter documental, sustentada en una revisión bibliográfica, con un enfoque descriptivo cuyo propósito es analizar críticamente la evidencia científica disponible sobre los métodos de detección molecular del Virus del Papiloma Humano (VPH) en hombres, así como los avances recientes en nanotecnología aplicada al diagnóstico de esta infección viral.

La búsqueda de la literatura científica se realizó en base a datos indexados en revistas científicas como PubMed, Web of Science, SciELO, Google Scholar y Bibliotecas Virtuales de Salud, con el objetivo de recopilar publicaciones relevantes relacionadas con la epidemiologia, genotipificación, detección molecular y nuevas tecnologías usadas para el diagnóstico del VPH en la población masculina. Para la estrategia de búsqueda se emplearon palabras clave y términos DeCS/MeSH como: “Human Papillomavirus”, “HPV”, “Men”, “Molecular Detection”, “PCR”, “Genotyping”, “Next Generation Sequencing”, “Manotechnology”, “Biosensors”, “CRISPR”, “HPV Diagnostic” y operadores booleanos como: AND y OR. Se aplicaron como criterio de inclusión artículos científicos publicados entre el 2021 y 2026, disponibles en idioma inglés y español, con textos completos y acceso libre que abordan métodos moleculares para la detección, identificación o genotipificación del VPH en hombres, así como investigaciones relacionadas con nuevas tecnologías emergentes y nanotecnologías aplicadas a la detección del virus.

Como criterio de exclusión se descartaron artículos duplicados, publicaciones sin acceso a textos completos, estudios enfocados exclusivamente en mujeres, investigaciones relacionadas únicamente con aspectos terapéuticos o preventivos, sin abordar métodos diagnósticos, así como documentos que no presentan información relevante sobre la detección molecular o identificación de los genotipos del VPH.

Posteriormente, la información recopilada fue clasificada siguiendo las etapas del método PRISMA: identificación, cribado, elegibilidad, inclusión. En la Figura 2 se presenta el resultado del proceso de búsqueda se obtuvo en PubMed (n=59), Web of Science (n=129), Bibliotecas Virtuales de Salud (n=152) con un número total de registros (n=340) para la investigación.

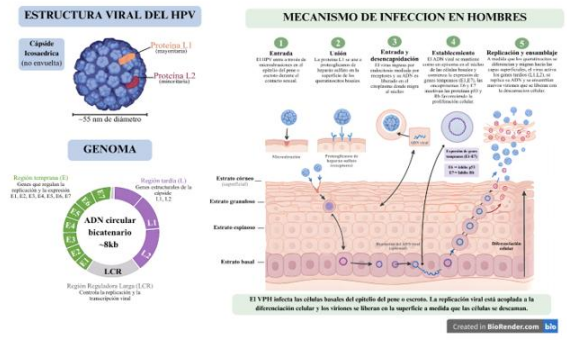


Figura 1. *Estructura viral.*

Fuente: Elaboración propia.

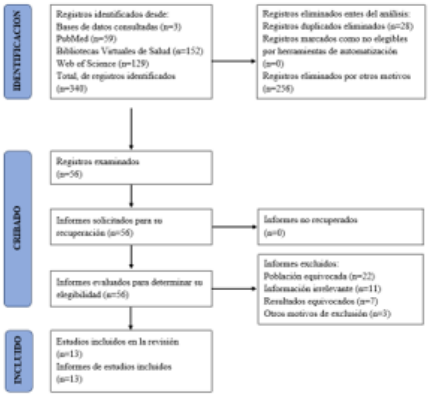


Figura 2. *Diagrama Prisma.*

Fuente: Elaboración propia.

Resultados y Discusión

Tras el proceso de selección de la literatura, se identificaron ciertas investigaciones que permitieron caracterizar la diversidad epidemiológica, clínica y molecular de la infección causada por el virus del papiloma humano (VPH), en la población masculina de diferentes regiones del mundo. Los estudios analizados evidenciaron una marcada heterogeneidad, tanto en los sitios anatómicos como en las técnicas de detección del ADN viral empleadas, así como en la diversidad de los genotipos identificados.

En conjunto, los hallazgos muestran que la infección por VPH en hombres puede estar presentes en individuos sintomáticos y asintomáticos, así como en diferentes zonas anatómicas, lo que indica la importancia de emplear métodos moleculares capaces de detectar una amplia variedad de genotipos. La diversidad de los genotipos observados constituye uno de los principales hallazgos de los estudios revisados. En investigaciones realizadas en China se identificaron hasta 27 genotipos, incluyendo tipos considerados de alto riesgo como VPH 16, 18, 31, 33, 35, 39, 45, 51, 52, 56, 58, 59, 66, 68 y 82, además de genotipos de bajo riesgo como VPH 6, 11, 40, 42, 43, 44, 55, 61, 81 y 83, lo que adquiere una alta relevancia desde el punto de vista de la prevención de las lesiones asociadas al desarrollo del cáncer. A continuación, en la Tabla 2 se detallan las características de la población de estudio, tipos de muestras analizadas, los métodos de detección empleados y los genotipos identificados, proporcionando una base comparativa para lograr comprender la diversidad molecular del VPH en la población masculina y la utilidad de diferentes técnicas para mejorar su detección y caracterización.

La infección por el Virus del Papiloma Humano (VPH) en hombres, constituye una importante problemática de salud pública debido a su elevada prevalencia y diversidad genotípica, así como la relación en el desarrollo de lesiones benignas y neoplasias malignas, los resultados obtenidos en la presente revisión evidencian una amplia prevalencia de genotipos de alto y bajo riesgo en diferentes partes del mundo, así como una creciente evolución de las metodologías usadas para la detección del virus.

Los estudios analizados muestran que los genotipos VPH-16, VPH-18, VPH-52 y VPH-58 son los más frecuentes en la población masculina, hallazgos que coinciden con lo descrito por Bruni et al. (Bruni et al., 2023), donde reportan que los genotipos de alto riesgo representan una proporción significativa de las infecciones por VPH en hombres a nivel mundial. Del mismo modo Jensen et al. (Jensen et al., 2024) señala que los genotipos VPH-16 y VPH-18 continúan siendo los principales genotipos asociados al desarrollo de cáncer anal, peneano y orofaríngeo lo que demuestra, la importancia de su detección temprana. Los

estudios realizados en China muestran una elevada frecuencia de genotipos oncogénicos en hombres, así lo describen los estudios de (J. et al., 2025); (S. et al., 2024); (Zheng et al., 2024) donde identificaron la prevalencia de VPH-16, VPH 52 y VPH 58 entre los genotipos con mayor predominancia, observando además una alta cantidad de infecciones múltiples, estos resultados son concordantes con los hallazgos reportador por Zu et al., (2021) en el sur de China donde los genotipos VPH-16, VPH-18, VPH-52 y VPH-58 fueron descritos como las variantes de mayor prevalencia.

Tabla 2. *Resultados obtenidos.*

Autor/Año	País	Población y Muestra	Tipo de muestra	Método de detección	Genotipos detectados
Hu et al. (2025)	China	3580 varones residentes en la región del altiplano del suroeste de china	Secreción (uretra, glande, prepucio, escroto y zona perianal) y lesiones	Luminex xMap tras extracción de ADN y amplificación por PCR	27 genotipos incluidos Alto riesgo: 16, 18, 26, 31, 33, 35, 39, 45, 51, 52, 53, 56, 58, 59, 66, 68, 82 Riesgo: 6, 11, 40, 42, 43, 44, 55, 61, 81, 83
Wang et al. (2024)	China (Beijing)	5114 pacientes varones	Células raspadas del órgano genital masculino recogidas con hisopado	PCR en tiempo real	15 genotipos de alto riesgo (16, 18, 31, 33, 35, 39, 45, 51, 52, 56, 58, 59, 66, 68, 82)
Li et al. (2025)	China	2037 varones con infección confirmada	Muestras cutáneas	Nucleic Acid Genotyping Kit basado en hibridación por fluorescencia y método PCR	27 genotipos Alto riesgo (17): 16, 18, 31, 33, 35, 39, 45, 51, 52, 56, 58, 59, 66, 68, 26, 53, 82 • Bajo riesgo (10): 6, 11, 40, 42, 43, 44, 55, 61, 81, 83
Wen et al. (2025)	China	1009 varones	Muestras genitales	PCR	VPH 6, VPH 52, VPH 11 y VPH 16
Irakli et al. (2025)	Georgia	372 varones asintomáticos	Muestras de sangre, suero	PCR en tiempo real	VPH 31, VPH 16, VPH 33, VPH 18, VPH 59, VPH 52, VPH 51, VPH 39, VPH 45
Li et al. (2023)	EEUU	50 varones	Hisopado de genitales	Target-Enriched Whole-Genome Sequencing (eWGS):	237 genotipos únicos de VPH
Kovačević et al. (2025)	Serbia	195 pacientes	Hisopado urogenitales	PCR	Se detecto genotipos de bajo riesgo incluidos los principales VPH 16,31,52,51,59,18,6 y 11
Kero et al. (2022)	Finlandia	131 hombres	Muestra de semen, uretra y cavidad oral	Nester PCR para detección de ADN de VPH	24 genotipos detectados incluyendo: Bajo Riesgo-VPH: 6, 11, 42, 43, 44 Alto Riesgo-VPH: 16, 18, 26, 31, 33, 35, 39, 45, 51, 52, 53, 56, 58, 59, 66, 68, 70, 73, 82
Gonçalves et al. (2021)	Portugal	255 hombres	Enjuague bucal e hisopado oral	PCR multiplex en tiempo real	VPH-56, VPH-66, VPH-70 y otros genotipos de alto y bajo riesgo
Hu et al. (2025)	China	1232 pacientes masculinos	Muestras genitales	PCR en tiempo real	21 genotipos; los más frecuentes VPH-6, VPH-11 y VPH-16
Giuliano et al. (2023)	Brasil, México y Estados unidos	1160 hombres de 18 – 70 años	Hisopado genital	PCR del gen L1	37 genotipos de VPH (alto y bajo riesgo), incluyendo VPH-16, 18, 6, 11, 31, 33, 45, 52, 58
Kops et al. (2026)	Brasil	1375 hombres mayores a 18 años	Muestra anal por hisopado anal	PCR para detección de ADN de VPH	Múltiples genotipos de alto y bajo riesgo; alta prevalencia de VPH-16 y VPH-18
Montoya et al. (2021)	México	1769 hombres	Raspado genital masculino	PCR convencional	32 genotipos de alto y bajo riesgo; los más frecuentes VPH-6 y VPH-66, con menor frecuencia VPH-18 y VPH-11

Fuente: Elaboración propia.

La similitud observada entre estos estudios sugiere una estabilidad epidemiológica de los genotipos en la población masculina, lo que resalta la necesidad de implementar programas de vigilancia epidemiológica y vacunación. Por otra parte, investigaciones realizadas en otros países fuera del continente asiático muestran patrones epidemiológicos similares como es el

caso de Irakli et al., (2025), en Georgia, donde se identificaron una alta prevalencia de genotipos VPH-16, VPH-18, VPH-31 y VPH-33 en hombres asintomáticos, mientras que Kovačević et al., (2025) en Serbia reportaron los genotipos VPH-16, VPH-31, VPH 52 y VPH-18 entre los genotipos más frecuentes.

De la misma manera Giuliano et al. (2023) y Montoya et al. (2020), documentaron la presencia de múltiples genotipos de alto y bajo riesgo en poblaciones masculinas de Brasil, México y Estados Unidos, la comparación entre las poblaciones asiáticas y Latinoamérica, permite observar que si bien se presentan similitudes en la presencia de varios genotipos de alto riesgo, su frecuencia relativa no es necesariamente uniforme entre las diferentes regiones, estas diferencias se las puede relacionar con las características propias de las poblaciones estudiadas, como edad de los participantes, prácticas sexuales, número de parejas sexuales, uso de métodos de barrera, presencia de otras enfermedades de trasmisión sexual así como las características anatómicas de las muestras obtenidas.

La coincidencia en la detección de genotipos como VPH-16, VPH-18 y VPH-52 en las diferentes regiones muestran que determinados genotipos oncogénicos, mantienen una prevalencia en la población masculina independientemente del contexto geográfico, además podemos destacar que entre estos estudios indican, que la distribución de genotipos con características oncogénicas no constituye un fenómeno aislado de determinadas regiones geográficas, sino una característica epidemiológica compartida entre regiones, lo que refuerza la necesidad de incluir a los hombres en las estrategias de prevención y control del VPH. Los resultados también evidenciaron una elevada frecuencia de genotipos de bajo riesgo en particular los genotipos VPH-6 y VPH-11, los cuales fueron identificados en diversos estudios en China, Brasil y México (J. et al., 2025; Kops et al., 2026; H. et al., 2025; Montoya et al., 2021; Wen et al., 2025), estos hallazgos coinciden con los estudios descritos por (Muñoz et al., 2022), quienes indican que estos genotipos son los responsables de la mayoría de las verrugas genitales y otras lesiones benignas asociadas al VPH, aunque su potencial oncogénico es considerablemente menor en comparación con los genotipos de alto riesgo, su persistencia demuestra que la transmisión viral continua siendo alta en la población masculina y representa una importante carga para los sistemas de salud (He et al., 2025)

Con respecto a los métodos de diagnóstico la PCR continúa siendo la técnica de referencia para la detección molecular del VPH, la mayoría de los estudios incluidos en esta revisión utilizaron PCR convencional, PCR multiplex o PCR en tiempo real, debido a su alta sensibilidad para detectar ADN viral en las muestras genitales, anales, orales y urogenitales (Irakli et al., 2025; Kops et al., 2026; H. et al., 2025; Montoya et al., 2021; Roy y Hibma, 2025).

Estos estudios coinciden con lo reportado por. Mesa et al. (2021) y Williams et al. (2022) quienes destacan que las metodologías basadas en amplificación molecular permiten una identificación precisa de los genotipos virales y presentan ventajas significativas frente a técnicas convencionales de diagnóstico, sin embargo Ren et al. (2025) señala que uno de los principales desafíos para la implementación de programas de detección en hombres radica en la ausencia de protocolos estandarizados para la obtención de muestras, situación que también se observó en los estudios analizados donde se

utilizaron muestras provenientes de diferentes sitios anatómicos. La incorporación de tecnologías de secuenciación de nueva generación representan uno de los avances más importantes en los últimos años Li et al. (2023) en su estudio reportaron la detección de 237 genotipos únicos, mediante secuenciación enriquecida del genoma completo, superando ampliamente la capacidad de identificación de los métodos convencionales, estos resultados concuerdan con los hallazgos de Basiletti et al. (2022) y Ma et al. (2022) quienes destacaron que la secuenciación de nueva generación permite la identificación de infecciones múltiples así como: variantes genéticas y patrones de integración viral asociados con la progresión de enfermedades relacionadas con el VPH. No obstante, la complejidad de estas técnicas y elevados costos continúa limitando su incorporación rutinaria en muchos sistemas de salud (Zheng et al., 2024).

Al mismo tiempo en la nanotecnología ha surgido como una alternativa prometedora para mejorar la sensibilidad y rapidez del diagnóstico molecular (Chauhan et al., 2021), describen el potencial de los nanosensores para la detección de biomarcadores asociados al VPH, mientras que (J. et al., 2023) y Hussain Al Mubarak et al., (2022) destacan la utilidad de tecnologías como SERS y los biomarcadores basados en resonancia plasmónica para detectar concentraciones mínimas de material genético viral de forma similar. Espinosa et al. (2021) desarrollan un biosensor electroquímico dirigido específicamente a VPH-16 demostrando resultados favorables en sensibilidad y especificidad, aunque estas tecnologías todavía requieren validación clínica a gran escala, los resultados disponibles sugieren que podrían complementar o incluso optimizar los métodos moleculares convencionales en un futuro. En conjunto, la evidencia analiza, demuestra que la detección molecular del VPH en hombres continua evolucionando hacia metodologías cada vez más sensibles y específicas, si bien la PCR mantiene un papel muy importante como estándar diagnóstico, las nuevas metodologías basadas en secuenciación de nueva generación, CRISPR y nanotecnología ofrecen perspectivas prometedoras para fortalecer la detección temprana, mejorar la identificación de genotipos virales y contribuir al desarrollo de estrategias más eficientes para la prevención de las enfermedades asociadas al VPH en la población masculina.

Conclusiones

La evidencia científica recopilada demuestra que la infección por el Virus del Papiloma Humano (VPH) en hombres presenta una amplia diversidad genotípica con un predominio de los genotipos de alto riesgo VPH-16, VPH-18, VPH-52 y VPH-58 los cuales se encuentran relacionados con el desarrollo de diversas neoplasias asociadas al VPH. Asimismo, los genotipos de bajo riesgo VPH-6 y VPH-11 continúan presentando una elevada frecuencia, en la población masculina evidenciando la prevalencia en la transmisión viral.

La reacción en cadena de la polimerasa (PCR) sigue siendo el método de referencia para la detección molecular y genotipificación del VPH debido a su alta sensibilidad y especificidad. Sin embargo, tecnologías emergentes como la secuenciación de nueva generación, los sistemas basados en CRISPR y la nanotecnología han demostrado un importante potencial para el diagnóstico. Posteriormente, la implementación de métodos diagnósticos más sensibles junto con las estrategias de vigilancia epidemiológica y prevención dirigidas a la población masculina podría contribuir

significativamente a la detección temprana del VPH y a la reducción de las enfermedades asociadas a las infecciones por VPH.

Referencias Bibliográficas

Aldana, A., Marcos, F., Mayordomo, R., & Marle, G. (2026). A LAMP-assay for the detection and genotyping of HPV causing plantar warts from skin scrapes samples. *Journal of Medical Virology, 98 (5). https://doi.org/10.1002/JMV.70975

Alemany, L., & Brotons, M. (2025). Impact of vaccination against human papillomavirus: Towards cervical cancer elimination. *Vacunas (English Edition), 26 (4), 500485. https://doi.org/10.1016/J.VACUNE.2025.500485

Arango, J., Vela, L., Loaiza, N., Chica, J., & Montoya, A. (2021). Detección y genotipificación del virus del papiloma humano de alto riesgo mediante PCR multiplex en tiempo real (RT-PCR VPH AR). *Medicina & Laboratorio, 25 (2), 547–550. https://doi.org/10.36384/01232576.439

Basiletti, J., Valls, J., Poklépovich, T., Fellner, M., Rol, M., Alonso, R., Correa, R., Colucci, M., Peña, M., Falabella, P., Saíno, A., Campos, J., Herrero, R., Almonte, M., & Picconi, M. (2022). Human papillomavirus genotyping using next generation sequencing (NGS) in cervical lesions: Genotypes by histologic grade and their relative proportion in multiple infections. PLOS ONE, 17 (11), e0278117. https://doi.org/10.1371/JOURNAL.PONE.0278117

Belinson, J., Wu, R., Belinson, S., Qu, X., Yang, B., Du, H., Wu, R., Wang, C., Zhang, L., Zhou, Y., Liu, Y., & Pretorius, R. (2021). A population-based clinical trial comparing endocervical high-risk HPV testing using hybrid capture 2 and Cervista from the SHENCCAST II Study. American Journal of Clinical Pathology, 135 (5), 790–795. https://doi.org/10.1309/AJCPKA6ATAPBZ6JQ

Benevolo, M., Vocaturo, A., Caraceni, D., French, D., Rosini, S., Zappacosta, R., Terrenato, I., Ciccocioppo, L., Frega, A., & Rossi, P. (2021). Sensitivity, specificity, and clinical value of human papillomavirus (HPV) E6/E7 mRNA assay as a triage test for cervical cytology and HPV DNA test. Journal of Clinical Microbiology, 49(7), 2643. https://doi.org/10.1128/JCM.02570-10

Bruni, L., Albero, G., Rowley, J., Alemany, L., Arbyn, M., Giuliano, A., Markowitz, L., Broutet, N., & Taylor, M. (2023). Global and regional estimates of genital human papillomavirus prevalence among men: A systematic review and meta-analysis. The Lancet Global Health, 11(9), e1345–e1362. https://doi.org/10.1016/S2214-109X(23)00305-4

Centers for Disease Control and Prevention. (2024, March 9). Acerca de las infecciones genitales por el VPH. *Centers for Disease Control and Prevention*. https://www.cdc.gov/sti/es/about/acerca-de-las-infecciones-genitales-por-el-vph.html

Chachalo, M., Chacha, E., & Paspuezán, D. (2025). Cáncer cervicouterino en Ecuador: Prevalencia, factores de riesgo y estrategias de prevención actuales. Sanitas. Revista Arbitrada de Ciencias de la Salud, 4(especial 3), 126–136. https://doi.org/10.62574/9J5QZF44

Chauhan, N., Pareek, S., Jain, U., Tikadar, M., Kumar, P., Pudake, R., & Chauhan, N. (2021). Advancements and future predictions on diagnostic approaches towards cervical cancer through nanotechnology-based sensors for the detection of human papillomavirus. Clinical Oncology and Research, 2021 (6), 1–7. https://doi.org/10.31487/J.COR.2021.06.02

Espinosa, J., Galván, M., Quiñones, A., Ayala, J., Ávila, V., & Durón, S. (2021). Electrochemical resistive DNA biosensor for the detection of HPV type 16. *Molecules, 26*(11), 3436. https://doi.org/10.3390/molecules26113436

Ghouneimy, A., Ali, Z., Aman, R., Jiang, W., Aouida, M., & Mahfouz, M. (2024). CRISPR-based multiplex detection of human

papillomaviruses for one-pot point-of-care diagnostics. ACS Synthetic Biology, 13 (3), 837–850. https://doi.org/10.1021/ACSSYNBIO.3C00655

Giuliano, A., Lazcano, E., Villa, L., Flores, R., Salmeron, J., Lee, J., Papenfuss, M., Abrahamsen, M., Jolles, E., Nielson, C., Baggio, M., Silva, R., & Quiterio, M. (2023). The human papillomavirus infection in men study: Human papillomavirus prevalence and type distribution among men residing in Brazil, Mexico, and the United States. https://doi.org/10.1158/1055-9965.EPI-08-0151

Gonçalves, H., Silva, J., Maury, I., Tavares, A., Campos, C., Sousa, H., Jacinto, A., Aguiar, P., Caldeira, L., & Medeiros, R. (2021). The prevalence and risk-factors of oral HPV DNA detection among HIV-infected men between men who have sex with men and heterosexual men. Infectious Diseases, 53 (1), 19–30. https://doi.org/10.1080/23744235.2020.1811373

Graham, S. (2021). The human papillomavirus replication cycle, and its links to cancer progression: A comprehensive review. *Clinical Science, 131 (17), 2201–2221. https://doi.org/10.1042/CS20160786

Haring, C., Windon, M., Heft, M., & Brenner, J. (2025). Toward a next-generation liquid biopsy for HPV+ HNSCC: Opportunities, challenges, and the road ahead. *Clinical Cancer Research, 31 (16), 3359. https://doi.org/10.1158/1078-0432.CCR-25-1488

He, Z., Zheng, X., Liu, R., Zhao, K., Mao, D., Zhang, L., Wan, R., Zhang, H., & Wang, X. (2025). Recent advances in HPV detection: From traditional methods to nanotechnology and the application of quantum dots. *International Journal of Nanomedicine, 20*, 6333. https://doi.org/10.2147/IJN.S524518

Hu, J., Wang, J., Li, Y., Yang, M., Li, J., Li, H., Qiao, N., Yue, C., Liu, H., Li, X., Yang, J., Xiong, Q., Fang, Z., Zhang, J., Ji, T., Wu, Z., Zhu, R., Zhou, Y., Zhang, F., & Li, H. (2025). Trends in the molecular epidemiology of human papillomavirus in males from the plateau region of Southwest China: An 11-year retrospective analysis (2014–2024). *Virology Journal, 22 (1), 238. https://doi.org/10.1186/s12985-025-02861-0

Hu, L., Li, M., Zhou, B., Zhang, Z., Dou, X., Xu, X., & Chang, D. (2025). Analysis of human papillomavirus infection and genotype distribution among male patients in a hospital in Shanghai City from 2022 to 2024. *Zhonghua Yu Fang Yi Xue Za Zhi, 59 (12), 2175–2180. https://doi.org/10.3760/cma.j.cn112150-20241210-00989

Hussain Al Mubarak, Z., Premaratne, G., Rodenbaugh, C., Putri, S., & Yuliarto, B. (2022). Development of surface plasmon resonance (SPR) biosensors for use in the diagnostics of malignant and infectious diseases. Laser Physics Letters, 15 (6), 065602. https://doi.org/10.1088/1612-202X/AAB43F

Instituto Nacional del Cáncer. (2023, October 18). El virus del papiloma humano (VPH) y el cáncer. *Gobierno de los Estados Unidos*. https://www.cancer.gov/espanol/cancer/causas-prevencion/riesgo/germenes-infecciosos/vph-y-cancer

Irakli, K., Elene, K., Mariam, A., Ana, M., Eter, D., Manana, A., Martin, K., Ivane, A., & Ekaterina, K. (2025). Molecular and serological prevalence of high-risk human papillomavirus among asymptomatic men in Georgia. IJID Regions, 15, 100675. https://doi.org/10.1016/j.ijregi.2025.100675

Jensen, J., Becker, G., Jackson, J., & Rysavy, M. (2024). Human papillomavirus and associated cancers: A review. Viruses, 16 (5), 680. https://doi.org/10.3390/V16050680

Kero, K., Rautava, J., Syrjänen, K., Grenman, S., & Syrjänen, S. (2022). Human papillomavirus genotypes in male genitalia and their concordance among pregnant spouses participating in the Finnish Family HPV Study. The Journal of Sexual Medicine, 8 (9), 2522–2531. https://doi.org/10.1111/J.1743-6109.2011.02378.X

Kops, N., Eidt, G., Martins, R., Miranda, G., Camargo, T., Aqua, C., Pinheiro, B., Brito,

E., Bandeira, I., Junior, P., Varela, A., Comerlato, J., Fetzner, T., Maranhão, A., Bigolin, A., Paixão, A., Gaspar, P., & Wendland, E. (2026). Prevalence and correlates of anal HPV infection among men who have sex with men in Brazil: A respondent-driven sampling study. International Journal of Infectious Diseases, 163 (3), 108292. https://doi.org/10.1016/j.ijid.2025.108292

Kovačević, G., Vuković, V., Nikolić, N., Bašica, B., Radovanov, J., Popadić, A., Budinski, M., Dugandžija, T., Golušin, Z., & Patić, A. (2025). Detection of human papillomavirus in urogenital swabs from male patients in Northern Serbia. *Pathogens, 14 (6), 558. https://doi.org/10.3390/pathogens14060558

Li, H., Li, N., Huang, F., Ding, L., Hong, X., & Liu, D. (2025). HPV genotypes and associated disease prevalence in males with confirmed HPV exposure Shenzhen City, Guangdong Province, China, 2018–2022. *China CDC Weekly, 7*(23), 802. https://doi.org/10.46234/ccdcw2025.131

Li, J., Neng, H., Canning, A., Gaona, A., Crawford, B., Garman, K., & Vo-Dinh, T. (2023). SERS-based detection of miRNA biomarkers for biomedical diagnosis using comparative study of interpretable machine learning algorithms. Applied Spectroscopy, 78 (1), 84. https://doi.org/10.1177/00037028231209053

Li, T., Unger, E., & Rajeevan, M. (2023). Broad-spectrum detection of HPV in male genital samples using target-enriched whole-genome sequencing. Viruses, 15 (9), 1967. https://doi.org/10.3390/v15091967

Ma, Z., Gharizadeh, B., Cai, X., Li, M., Fellner, M., Basiletti, J., Correa, R., Colucci, M., Baldoni, G., Vacchino, M., Galarza, P., Picconi, M., & Wang, C. (2022). A comprehensive HPV-STI NGS assay for detection of 29 HPV types and 14 non-HPV sexually transmitted infections. Infectious Agents and Cancer, 17 (1), 9. https://doi.org/10.1186/S13027-022-00420-8

Malin, K., Louise, B., Gisela, H., Mats, K., & Gabriella, L. (2021). Optimization of droplet digital PCR assays for the type-specific detection and quantification of five HPV genotypes, including additional data on viral loads of nine different HPV genotypes in cervical carcinomas. *Journal of Virological Methods, 294*. https://doi.org/10.1016/j.jviromet.2021.114193

Medina, M., Marinic, K., Medina, M., Sorrentino, A., Giménez, M., & Merino, L. (2021). Detección de papilomavirus humano en mucosa oral en hombres con verrugas anogenitales. Memorias del Instituto de Investigaciones en Ciencias de la Salud, 19 (2), 41–48. https://doi.org/10.18004/MEM.IICS/1812-9528/2021.019.02.41

Mesa, G. (2021). Aspectos moleculares, inmunológicos y patogénicos de la infección por el virus del papiloma humano (VPH). *AsoColDerma: Revista de la Asociación Colombiana de Dermatología y Cirugía Dermatológica, 8 (3), 255–265. https://dialnet.unirioja.es/servlet/articulo?codigo=9755587

Mesa, J., Tapia, J., Loaiza, N., Echeverry, J., & Toro, I. (2021). Detección y genotipificación del virus del papiloma humano de alto riesgo mediante PCR multiplex en tiempo real (RT-PCR VPH AR). ABC del Laboratorio. https://doi.org/10.36384/01232576.439

Mongia, A., Pompeo, G., Sani, C., Burroni, E., Fantacci, G., Bisanzi, S., Cellai, F., Ventura, L., Bottari, F., & Carozzi, F. (2021). Hybrid capture 2 and cobas® 4800: Comparison of performance of two clinically validated tests for human papillomavirus primary screening of cervical cancer. Journal of Medical Screening, 28 (4), 472–479. https://doi.org/10.1177/0969141321992820

Montoya, H., Rodriguez, A., Pena, D., Gonzalez, C., Rosales, R., Gallegos, M., Santoscoy, G., & Gutierrez, S. (2021). Molecular detection and typing of human papillomavirus in men from Northwestern Mexico. Archives of Medical Research, 51 (7), 675–682. https://doi.org/10.1016/j.arcmed.2020.06.019

Mudhigeti, N., Kalawat, U., Hulikal, N., & Racherla, R. (2022). E6-E7 based nested multiplex PCR assay for genital HPV detection and simultaneous typing of 15 high and low-risk HPV types. Indian Journal of Medical Microbiology, 40(1), 18–23. https://doi.org/10.1016/j.ijmmb.2021.11.009

Muñoz, J., Carrillo, A., & Lizano, M. (2022). Epidemiology and molecular biology of HPV variants in cervical cancer: The state of the art in Mexico. *International Journal of Molecular Sciences, 2(15), 8566. https://doi.org/10.3390/IJMS23158566

Organización Mundial de la Salud. (2024, February 6). Virus del papiloma humano y cáncer. *WHO*. https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/human-papilloma-virus-and-cancer

Page, M., McKenzie, J., Bossuyt, P., Boutron, I., Hoffmann, T., Mulrow, C., Shamseer, L., Tetzlaff, J., Akl, E., Brennan, S., Chou, R., Glanville, J., Grimshaw, J., Hróbjartsson, A., Lalu, M., Li, T., Loder, E., Mayo-Wilson, E., McDonald, S., & Moher, D. (2021). The PRISMA 2020 statement: An updated guideline for reporting systematic reviews. BMJ, 372. https://doi.org/10.1136/BMJ.N71

Quinlan, J. (2021). Human papillomavirus: Screening, testing, and prevention. *American Family Physician, 104(2), 152–159. https://www.aafp.org/pubs/afp/issues/2021/0800/p152.html

Ratnam, S., Coutlee, F., Fontaine, D., Bentley, J., Escott, N., Ghatage, P., Gadag, V., Holloway, G., Bartellas, E., Kum, N., Giede, C., & Lear, A. (2021). Aptima HPV E6/E7 mRNA test is as sensitive as Hybrid Capture 2 assay but more specific at detecting cervical precancer and cancer. *Journal of Clinical Microbiology, 49(2), 557. https://doi.org/10.1128/JCM.02147-10

Ren, W., Jin, Y., Shi, L., Chen, H., Zhang, Z., Wang, Y., Zhai, T., & Huang, J. (2025). The necessity and challenges of human papillomavirus testing for men. *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology, 15, 1563499. https://doi.org/10.3389/FCIMB.2025.1563499

Roy, S., & Hibma, M. (2025). The epithelial immune response to human papillomavirus infection. *Pathogens, 14(5), 464. https://doi.org/10.3390/PATHOGENS14050464

Shi, L., Chen, H., Zhang, Z., Wang, Y., Ren, W., & Huang, J. (2025). Evolving HPV diagnostics: Current practice and future frontiers. *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology, 15, 1681779. https://doi.org/10.3389/FCIMB.2025.1681779

Tubón, J., & Córdova, M. (2024). Incidencia del HPV en mujeres con relación a cáncer cervicouterino durante el periodo 2017–2022 en el Ecuador. Revista Científica de Salud BIOSANA, 4(4), 13–19. https://doi.org/10.62305/BIOSANA.V4I4.173

Vives, A., Cosentino, M., & Palou, J. (2022). The role of human papilloma virus test in men: First exhaustive review of literature. *Actas Urológicas Españolas, 44*(2), 86–93. https://doi.org/10.1016/j.acuro.2019.08.010

Wang, S., Ma, Q., Du, J., Wei, T., Zhang, W., Wang, P., Zhou, Y., Wei, M., Gu, L., Cui, F., & Lu, Q. (2024). Detecting and genotyping high-risk human papillomavirus among male patients during 2015–2023 in Beijing, China. Emerging Microbes & Infections, 13(1), 2313848. https://doi.org/10.1080/22221751.2024.2313848

Wang, Z., Hu, T., Liu, W., Zhou, H., Lv, X., Li, H., Li, X., Huang, X., & He, L. (2025). Development and clinical validation of an ERA-CRISPR/Cas12a assay for the rapid detection of 14 high-risk HPV types. https://doi.org/10.1128/spectrum.03036-25

Wen, C., Yang, X., & Wu, X. (2025). HPV infection incidence and genotype distribution among male patients visiting outpatient departments in Huizhou from 2014 to 2023. *Virology Journal, 22(1). https://doi.org/10.1186/s12985-025-02726-6

Wijesekera, A., Weeramange, C., Vasani, S., Kenny, L., Knowland, E., Seneviratne, J., &

Punyadeera, C. (2024). Surveillance of human papillomavirus through salivary diagnostics: A roadmap to early detection of oropharyngeal cancer men. *Tumour Virus Research, 17, 200278. https://doi.org/10.1016/j.tvr.2024.200278

Williams, J., Kostiuk, M., & Biron, V. (2022). Molecular detection methods in HPV-related cancers. Frontiers in Oncology, 12, 864820. https://doi.org/10.3389/FONC.2022.864820

Yang, Z., Zhu, W., Liu, Y., & Chen, X. (2022). Performance of Aptima HPV E6/E7 mRNA test for detection of cervical lesions in a large Chinese population. Iranian Journal of Public Health, 51(11), 2549. https://doi.org/10.18502/IJPH.V51I11.11172

Zheng, L., Zheng, L., Chen, S., Liu, W., Qi, J., & Li, K. (2024). Human papillomavirus prevalence and genotype distribution in Liaocheng men between 2016 and 2022. *Journal of Medical Virology, 96 (1), e29360. https://doi.org/10.1002/jmv.29360

Zu, Y., Ou, Z., Wu, D., Liu, W., Liu, L., Wu, D., Zhao, Y., Ren, P., Zhang, Y., Li, W., Fu, S., Wen, Y., Cai, X., Liao, W., Geng, C., Zhou, H., Wang, X., Lu, H., Peng, H., & Li, J. (2021). Genetic characteristics of human papillomavirus type 16, 18, 52 and 58 in southern China. Genomics, 113 (6), 3895–3906. https://doi.org/10.1016/j.ygeno.2021.09.006

Esta obra está bajo una licencia de Creative Commons Reconocimiento-No Comercial 4.0 Internacional. Copyright © Julio Cesar Montenegro Valverde y Gisnella María Cedeño Cajas.

Declaraciones éticas y editoriales del artículo
Contribución de los autores (Taxonomía CRediT). Julio Cesar Montenegro Valverde: curación y organización de los datos, participación en la recolección de información, validación de los resultados obtenidos y elaboración de representaciones gráficas y visualización de los datos. Gisnella María Cedeño Cajas: provisión de recursos académicos y materiales para el desarrollo del estudio, apoyo en la administración del proyecto investigativo y revisión editorial del manuscrito antes de su publicación.
Declaración de conflicto de intereses Los autores declaran que no existe conflicto de intereses en relación con la investigación presentada, la autoría del manuscrito ni la publicación del presente artículo.
Declaración de financiamiento La presente investigación no recibió financiamiento específico de agencias públicas, comerciales o de organizaciones sin fines de lucro. En caso de existir financiamiento institucional o externo, este deberá ser declarado explícitamente por los autores en esta sección.
Declaración del editor El editor responsable certifica que el proceso editorial del presente artículo se desarrolló conforme a los principios de integridad científica, transparencia y buenas prácticas editoriales. El manuscrito fue sometido a un proceso de evaluación mediante revisión por pares doble ciego, garantizando la confidencialidad de la identidad de los autores y revisores durante todo el proceso de dictamen académico. Asimismo, el editor declara que el artículo cumple con los criterios científicos, metodológicos y éticos establecidos por la revista.
Declaración de los revisores Los revisores externos que participaron en la evaluación del presente manuscrito declaran haber realizado el proceso de revisión de manera objetiva, independiente y confidencial. Asimismo, manifiestan que no mantienen conflictos de interés con los autores ni con la investigación evaluada, y que sus observaciones y recomendaciones se fundamentan exclusivamente en criterios científicos, metodológicos y académicos.
Declaración ética de la investigación Los autores declaran, que la investigación se desarrolló respetando los principios éticos de la investigación científica, garantizando la confidencialidad de los datos y el respeto a los participantes del estudio. En los casos en que la investigación involucre seres humanos, los procedimientos deben ajustarse a los principios éticos establecidos en la Declaración de Helsinki y a las normativas institucionales correspondientes.
Declaración sobre el uso de inteligencia artificial Los autores declaran, que el uso de herramientas de inteligencia artificial, en caso de haberse utilizado durante el proceso de investigación o redacción del manuscrito, se realizó únicamente como apoyo técnico para mejorar la claridad del lenguaje o el análisis de información, manteniendo siempre la responsabilidad intelectual sobre el contenido del artículo. Las herramientas de inteligencia artificial no fueron utilizadas como autoras del manuscrito ni sustituyen la responsabilidad académica de los investigadores.
Disponibilidad de datos Los datos que respaldan los resultados de esta investigación estarán disponibles previa solicitud razonable al autor de correspondencia, respetando las normas éticas y de confidencialidad establecidas por la investigación.