Revista esprint Investigación

https://rei.esprint.tech
Vol. 5 N° Esp.2, Edición Especial 2026 (527-545) ISSN: 2960-8317
Salud y Ciencias de la Vida

Artículo de revisión

Evaluación del desempeño clínico de técnicas isotérmicas para diagnóstico del Virus del Papiloma Humano en entornos de bajos recursos

Evaluation of the clinical performance of isothermal techniques for the diagnosis of Human Papillomavirus in low-resource settings

Joselyn Karina Salguero Abarca*
Universidad Nacional de Chimborazo
Riobamba – Ecuador
https://orcid.org/0009-0009-9943-2391
joselyn.salguero@unach.edu.ec

Yisela Carolina Ramos Campi
Universidad Nacional de Chimborazo
Riobamba - Ecuador
yramos@unach.edu.ec
https://orcid.org/0000-0002-2403-4139

***Correspondencia:**
joselyn.salguero@unach.edu.ec

Cómo citar este artículo:
Salguero, J., & Ramos, Y. (2026). Evaluación del desempeño clínico de técnicas isotérmicas para diagnóstico del Virus del Papiloma Humano en entornos de bajos recursos. *Esprint Investigación*, *5*(Esp.2), 527-545. https://doi.org/10.61347/ei.v5iEsp.2.424

Recibido: *2 de octubre de 2026*
Aceptado: *12 de noviembre de 2026*
Publicado: *18 de noviembre de 2026*

Copyright: Derechos de autor 2026 Joselyn Karina Salguero Abarca, Yisela Carolina Ramos Campi.

Esta obra está bajo una licencia internacional Creative Commons Atribución-NoComercial 4.0.

Resumen: La infección por el virus del papiloma humano (VPH) constituye un problema de salud pública debido a su asociación con el cáncer cervicouterino y las limitaciones de acceso al diagnóstico molecular en entornos con recursos reducidos. El objetivo del estudio fue analizar el desempeño diagnóstico de las técnicas de amplificación isotérmica LAMP y RPA para la detección del VPH, considerando su sensibilidad, especificidad, capacidad de identificación de genotipos y tiempo de obtención de resultados. Se desarrolló una revisión sistemática con síntesis cualitativa y alcance descriptivo, conforme a las directrices PRISMA 2020. La búsqueda se efectuó en PubMed/MEDLINE, Scopus, SciELO y Dialnet. Se identificaron 75 registros, de los cuales 18 estudios cumplieron los criterios de inclusión. Los resultados evidenciaron que LAMP fue la técnica más estudiada, con sensibilidades de hasta el 99,09 % y especificidades de hasta el 100 %. Por su parte, RPA, principalmente en su modalidad multiplex, presentó especificidades del 100 % y sensibilidades entre el 60 % y el 100 %, según el genotipo evaluado. Ambas técnicas permitieron detectar genotipos de alto riesgo oncogénico, incluidos VPH 16, 18, 52 y 58, mediante procedimientos de amplificación a temperatura constante y tiempos de reacción generalmente comprendidos entre 30 y 50 minutos. Se concluyó que LAMP y RPA representan alternativas prometedoras para la detección molecular del VPH en entornos con recursos limitados; sin embargo, la heterogeneidad metodológica exige estudios comparativos adicionales para confirmar su desempeño y aplicabilidad clínica.

Palabras clave: Amplificación isotérmica, diagnóstico molecular, LAMP, RPA, virus del papiloma humano.

Abstract: *Human papillomavirus (HPV) infection represents a public health concern due to its association with cervical cancer and limited access to molecular diagnostics in resource-limited settings. The objective of this study was to analyze the diagnostic performance of loop-mediated isothermal amplification (LAMP) and recombinase polymerase amplification (RPA) techniques for HPV detection, considering their sensitivity, specificity, genotype detection capability, and time to result. A systematic review with qualitative synthesis and descriptive scope was conducted in accordance with the PRISMA 2020 guidelines. The literature search was performed in PubMed/MEDLINE, Scopus, SciELO, and Dialnet. A total of 75 records were identified, of which 18 studies met the inclusion criteria. The results showed that LAMP was the most frequently investigated technique, with sensitivity reaching 99.09% and specificity reaching 100%. RPA, particularly its multiplex variant, achieved specificity of 100%, with sensitivity ranging from 60% to 100%, depending on the genotype evaluated. Both techniques enabled the detection of high-risk oncogenic genotypes, including HPV 16, 18, 52, and 58, through amplification procedures performed at constant temperatures, with reaction times generally ranging from 30 to 50 minutes. It was concluded that LAMP and RPA represent promising alternatives for molecular HPV detection in resource-limited settings. However, methodological heterogeneity highlights the need for further comparative studies to confirm their diagnostic performance and clinical applicability.*

Keywords *Human papillomavirus, isothermal amplification, LAMP, molecular diagnosis, RPA.*

1. Introducción

El virus del papiloma humano (VPH) pertenece a la familia *Papillomaviridae*, que comprende distintos géneros, entre ellos *Alphapapillomavirus*. Su transmisión ocurre principalmente mediante contacto sexual directo con piel y mucosas, lo que favorece la infección de los tejidos epiteliales. Su importancia clínica radica en la persistencia de determinados genotipos de alto riesgo oncogénico, particularmente el VPH 16 y 18, responsables de aproximadamente el 70 % de los casos de cáncer cervicouterino (CCU) a nivel mundial (Ruland et al., 2006; Flores-Contreras et al., 2024; Tadele et al., 2026).

Se han identificado más de 200 genotipos de VPH, cuya clasificación según el riesgo oncogénico permite diferenciar aquellos asociados principalmente con verrugas y lesiones benignas de los vinculados con alteraciones celulares precancerosas. Los genotipos de alto riesgo pueden establecer infecciones persistentes y favorecer mecanismos de transformación celular que incrementan la probabilidad de desarrollar neoplasias malignas. Esta diversidad genética presenta implicaciones epidemiológicas y diagnósticas, debido a las diferencias en la distribución y frecuencia de los genotipos entre poblaciones (Flores-Contreras et al., 2024; Palmer et al., 2022; Hu et al., 2024).

La infección por VPH constituye un problema de salud pública debido a su elevada frecuencia y relación con el desarrollo del CCU. Lewis et al. (2021) estimaron una importante carga de infección por genotipos asociados con enfermedades en la población estadounidense, mientras que Wang et al. (2026) examinaron la prevalencia y distribución de genotipos en mujeres de Chengdu, China. Aunque la mayoría de las infecciones desaparecen espontáneamente, su persistencia puede favorecer la aparición de lesiones precancerosas y cáncer invasivo (Na et al., 2023).

En América Latina, la infección por VPH representa un desafío sanitario debido a las diferencias en el acceso al tamizaje, la detección oportuna y el seguimiento clínico. Bruneau et al. (2026) analizaron las tendencias y los genotipos del VPH en mujeres chilenas e inmigrantes durante un periodo de diez años, mientras que Ili et al. (2024) estudiaron la detección e integración de genotipos de alto riesgo en lesiones preneoplásicas. Estos antecedentes evidencian la necesidad de fortalecer las estrategias diagnósticas adaptadas a diferentes contextos poblacionales.

La identificación del VPH comprende métodos citológicos, histopatológicos y moleculares, aunque estos procedimientos cumplen funciones diagnósticas diferentes. Entre las técnicas moleculares destacan la reacción en cadena de la polimerasa (PCR), la PCR en tiempo real (qPCR) y la secuenciación de nueva generación, que permiten detectar y caracterizar genotipos virales. Sin embargo, sus requerimientos de infraestructura, equipamiento y personal capacitado pueden limitar su implementación en establecimientos sanitarios con recursos reducidos (Andersen et al., 2022; Flores-Contreras et al., 2024; Kebede et al., 2024; Nie et al., 2024).

Ante estas limitaciones, las técnicas de amplificación isotérmica de ácidos nucleicos (iNAAT) representan alternativas para la detección molecular del VPH mediante procedimientos que operan a temperatura constante. Su aplicación puede reducir la dependencia de termocicladores y facilitar el desarrollo de pruebas rápidas en entornos de atención primaria. Entre las principales estrategias destacan la amplificación isotérmica mediada por bucles (LAMP) y la amplificación por polimerasa recombinasa (RPA), cuyos fundamentos bioquímicos y condiciones operativas presentan diferencias relevantes (Flores-Contreras et al., 2024; Lamsisi et al., 2024; Li et al., 2024).

Las técnicas iNAAT permiten amplificar secuencias específicas de ácidos nucleicos mediante sistemas enzimáticos que funcionan sin ciclos sucesivos de calentamiento y enfriamiento. La

generación de múltiples copias del material genético facilita su identificación mediante procedimientos colorimétricos, fluorescentes o de flujo lateral, según las características del ensayo. Su desarrollo responde a la necesidad de disponer de herramientas diagnósticas accesibles, aunque su sensibilidad, especificidad y reproducibilidad requieren evaluación clínica antes de su implementación rutinaria (Flores-Contreras et al., 2024; Lamsisi et al., 2024; González-González et al., 2025).

La técnica LAMP utiliza una ADN polimerasa con actividad de desplazamiento de cadena y un conjunto de cuatro a seis cebadores que reconocen regiones específicas del ADN objetivo. Generalmente, la reacción ocurre a temperaturas cercanas a 60–65 °C, con periodos de amplificación que dependen del diseño del ensayo y sus condiciones experimentales. Esta metodología permite generar numerosas copias de ADN mediante estructuras características y presenta aplicaciones para la identificación de diferentes genotipos del VPH (Flores-Contreras et al., 2024; Lamsisi et al., 2024; Li et al., 2024).

La detección de los productos de LAMP puede realizarse mediante electroforesis, fluorescencia, turbidez o cambios colorimétricos, lo que amplía sus posibilidades de aplicación. El azul de hidroxinaftol permite identificar visualmente variaciones asociadas con la reacción de amplificación, mientras que otros sistemas incorporan dispositivos portátiles de lectura. Barra et al. (2025) desarrollaron un ensayo LAMP sin extracción convencional de ADN para detectar genotipos de alto riesgo en muestras clínicas, con resultados disponibles en menos de una hora (Li et al., 2024).

Por su parte, la técnica RPA utiliza proteínas recombinasas, proteínas de unión a ADN monocatenario (SSB) y ADN polimerasas con actividad de desplazamiento de cadena. La recombinasa facilita el reconocimiento de secuencias homólogas mediante complejos formados con los cebadores, mientras que las proteínas SSB estabilizan las cadenas desplazadas. Posteriormente, la ADN polimerasa extiende los cebadores y genera nuevas copias del material genético. Este mecanismo permite la amplificación a temperaturas relativamente bajas, generalmente cercanas a 37–42 °C (Flores-Contreras et al., 2024; Kargar et al., 2024).

La amplificación por polimerasa recombinasa multiplex (mRPA) permite identificar simultáneamente varias secuencias genéticas en una misma reacción, característica relevante para la detección de diferentes genotipos del VPH. Wongsamart et al. (2023) evaluaron esta metodología para genotipos de alto y bajo riesgo oncogénico, con tiempos de reacción de 15 a 40 minutos. Por su parte, Hartanti et al. (2025) analizaron su desempeño frente a la PCR convencional para detectar los genotipos VPH 16, 18 y 52, con un tiempo de amplificación de 30 minutos.

El desarrollo de plataformas complementarias ha ampliado las posibilidades de implementación de pruebas moleculares rápidas en contextos de atención descentralizada. Barra et al. (2024) evaluaron un ensayo de flujo lateral para detectar genotipos asociados con el CCU, mientras que González-González et al. (2025) desarrollaron una plataforma microfluídica basada en amplificación dependiente de helicasa. Estas investigaciones muestran diferentes estrategias orientadas a simplificar los procedimientos diagnósticos, aunque sus características operativas y resultados clínicos no deben considerarse equivalentes a los obtenidos mediante LAMP y RPA.

A pesar de sus ventajas operativas, la implementación de LAMP y RPA requiere evidencia sobre su desempeño diagnóstico frente a métodos moleculares de referencia. Las diferencias en sensibilidad, especificidad, genotipos detectados, preparación de muestras y condiciones experimentales pueden influir en la interpretación de los resultados. Por esta razón, resulta necesario examinar comparativamente la evidencia disponible y determinar las posibilidades y limitaciones de estas

técnicas para el diagnóstico del VPH, particularmente en laboratorios de baja complejidad y entornos con recursos limitados (Kargar et al., 2024; Lamsisi et al., 2024; Hartanti et al., 2025).

El objetivo del estudio fue analizar el desempeño diagnóstico de las técnicas de amplificación isotérmica LAMP y RPA para la detección del virus del papiloma humano, mediante la revisión de la evidencia científica disponible sobre sensibilidad, especificidad, genotipos identificados y tiempo de obtención de resultados, con especial atención a su aplicabilidad en laboratorios de baja complejidad y entornos con recursos limitados. Para orientar la revisión, se formularon preguntas relacionadas con los genotipos detectados, los fundamentos bioquímicos de ambas técnicas y sus principales indicadores de desempeño diagnóstico.

Para orientar la revisión, se formularon las siguientes preguntas de investigación: ¿Cuáles son los genotipos del virus del papiloma humano de alto y bajo riesgo oncogénico identificados mediante las técnicas de amplificación isotérmica LAMP y RPA en los estudios clínicos incluidos? ¿Cuáles son los fundamentos bioquímicos, componentes enzimáticos y condiciones operativas de las técnicas LAMP y RPA utilizadas para la detección del VPH? ¿Cuál es el desempeño diagnóstico de las técnicas LAMP y RPA en términos de sensibilidad, especificidad y tiempo de obtención de resultados, y cuáles son sus principales limitaciones para su aplicación en laboratorios de baja complejidad?

2. Metodología

Enfoque y diseño del estudio

Se desarrolló una revisión sistemática de la literatura científica con enfoque de síntesis cualitativa y alcance descriptivo, orientada al análisis de las técnicas de amplificación isotérmica utilizadas para la detección del virus del papiloma humano (VPH), particularmente en entornos con recursos limitados. La revisión se efectuó conforme a las directrices PRISMA 2020 (*Preferred Reporting Items for Systematic Reviews and Meta-Analyses*), con el propósito de fortalecer la transparencia y reproducibilidad del proceso metodológico (Page et al., 2021).

Pregunta PICO

Se empleó la estrategia PICO como herramienta para estructurar las preguntas de investigación y delimitar los componentes de población, intervención, comparación y resultados de interés (Martínez et al., 2016). Su aplicación permitió orientar la búsqueda, selección y análisis de estudios relacionados con el desempeño diagnóstico de las técnicas de amplificación isotérmica LAMP y RPA para la detección del VPH. Los elementos considerados en esta estrategia se presentan en la Tabla 1.

Tabla 1

Modelo PICO utilizado para estructurar las preguntas de investigación

Elemento	Descripción
P (Población)	Personas sometidas a pruebas para la detección de infección por VPH, especialmente en entornos con recursos limitados de infraestructura, equipamiento o personal especializado.
I (Intervención)	Aplicación de técnicas de amplificación isotérmica, principalmente LAMP (*Loop-Mediated Isothermal Amplification*) y RPA (*Recombinase Polymerase Amplification*), para la detección del ADN del VPH.
C (Comparación)	Métodos moleculares de referencia, como PCR, PCR en tiempo real (qPCR) u otras pruebas validadas para la detección y genotipificación del VPH.
O (Resultados)	Desempeño diagnóstico de las técnicas isotérmicas, evaluado mediante sensibilidad,

especificidad, identificación de genotipos de alto y bajo riesgo oncogénico y tiempo de obtención de resultados.

Criterios de elegibilidad

Se incluyeron estudios originales publicados durante los últimos seis años calendario, en inglés o español, disponibles en bases de datos científicas indexadas y relacionados con la detección molecular del VPH. Se consideraron investigaciones que evaluaron técnicas de hibridación molecular, reacción en cadena de la polimerasa (PCR) y sus variantes, así como métodos de amplificación isotérmica de ácidos nucleicos, principalmente LAMP y RPA. La selección priorizó los estudios pertinentes para el objetivo de la revisión.

Se excluyeron los artículos publicados fuera del periodo establecido, aquellos cuyo texto completo no estuvo disponible y las investigaciones que presentaron información insuficiente para interpretar sus resultados. También se descartaron los documentos que no abordaron la detección molecular del VPH o que carecieron de datos pertinentes para los objetivos de la revisión. Estos criterios permitieron delimitar la evidencia científica utilizada en el análisis cualitativo de las técnicas diagnósticas.

Fuentes de información y estrategia de búsqueda

La búsqueda bibliográfica se efectuó en PubMed/MEDLINE, Scopus, SciELO y Dialnet, debido a su cobertura de publicaciones científicas relacionadas con las ciencias biomédicas y el diagnóstico molecular. Se utilizaron términos asociados con el VPH, las técnicas de amplificación isotérmica y los indicadores de desempeño diagnóstico. Los descriptores MeSH y DeCS, junto con términos libres, se combinaron mediante los operadores booleanos AND y OR para identificar investigaciones pertinentes.

Las estrategias de búsqueda se adaptaron a las características de cada base de datos y permitieron recuperar un total de 75 registros bibliográficos. Se emplearon combinaciones de términos relacionados con LAMP, RPA, amplificación isotérmica, sensibilidad, especificidad y exactitud diagnóstica. Las ecuaciones de búsqueda consignadas en el documento original, junto con el número de registros identificados en cada fuente, se presentan en la tabla 2.

Tabla 2

Estrategias de búsqueda y registros identificados en bases de datos científicas

Base de datos	Estrategia de búsqueda	Registros
PubMed/MEDLINE	("Human Papillomavirus"[Mesh] OR HPV[tiab] OR "Human Papillomavirus"[tiab]) AND ("Loop-Mediated Isothermal Amplification"[tiab] OR LAMP[tiab] OR "Recombinase Polymerase Amplification"[tiab] OR RPA[tiab] OR "Isothermal Amplification"[tiab]) AND (sensitivity[tiab] OR specificity[tiab] OR "diagnostic accuracy"[tiab] OR "clinical performance"[tiab])	40
Scopus	("Human Papillomavirus" OR HPV) AND ("Loop-mediated isothermal amplification" OR LAMP OR "Recombinase polymerase amplification" OR RPA) AND (sensitivity OR specificity OR "diagnostic performance")	25
SciELO	("isothermal amplification" OR LAMP OR "loop mediated isothermal amplification" OR RPA OR "recombinase polymerase amplification" OR HDA) AND ("human papillomavirus" OR HPV)	4
Dialnet	HPV OR "human papillomavirus" "isothermal amplification" OR LAMP OR RPA sensitivity specificity diagnostic accuracy cervical cancer screening	6
Total de registros		75

Evaluación del riesgo de sesgo y la calidad metodológica

La calidad metodológica y el riesgo de sesgo de los 18 estudios incluidos se evaluaron mediante instrumentos seleccionados de acuerdo con el diseño de cada investigación. Para los 11 estudios observacionales y epidemiológicos se utilizaron las herramientas de valoración crítica del Joanna Briggs Institute (JBI), según su diseño transversal, retrospectivo o de cohorte. Estas herramientas permitieron examinar aspectos relacionados con la selección de participantes, medición de variables, factores de confusión y procedimientos estadísticos.

Los siete estudios orientados a la evaluación de la exactitud diagnóstica de técnicas moleculares, principalmente LAMP y RPA, se analizaron mediante la herramienta QUADAS-2. Se examinaron los dominios de selección de pacientes, prueba índice, estándar de referencia y flujo y tiempos, con el propósito de identificar posibles fuentes de sesgo. También se consideraron los aspectos de aplicabilidad correspondientes, según las características de los procedimientos diagnósticos evaluados.

Debido a la heterogeneidad de los diseños metodológicos, poblaciones y procedimientos diagnósticos, no se estableció una puntuación de corte universal para excluir investigaciones. Los resultados de la evaluación crítica se utilizaron para interpretar cualitativamente la solidez de la evidencia y reconocer las principales limitaciones metodológicas. Las herramientas empleadas, los diseños considerados, el número de estudios y los criterios de valoración se presentan en la tabla 3.

Tabla 3

Herramientas utilizadas para evaluar la calidad metodológica y el riesgo de sesgo de los estudios incluidos

Herramienta de evaluación	Diseño o enfoque	Número de estudios	Principales criterios de evaluación
Joanna Briggs Institute (JBI)	Estudios observacionales y epidemiológicos	11	Selección de participantes, criterios de inclusión, caracterización de la población, medición de variables, factores de confusión y análisis estadístico.
QUADAS-2	Estudios de exactitud y desempeño diagnóstico	7	Selección de pacientes, prueba índice, estándar de referencia, flujo de participantes, tiempo entre las pruebas y aspectos de aplicabilidad.
Total		18	

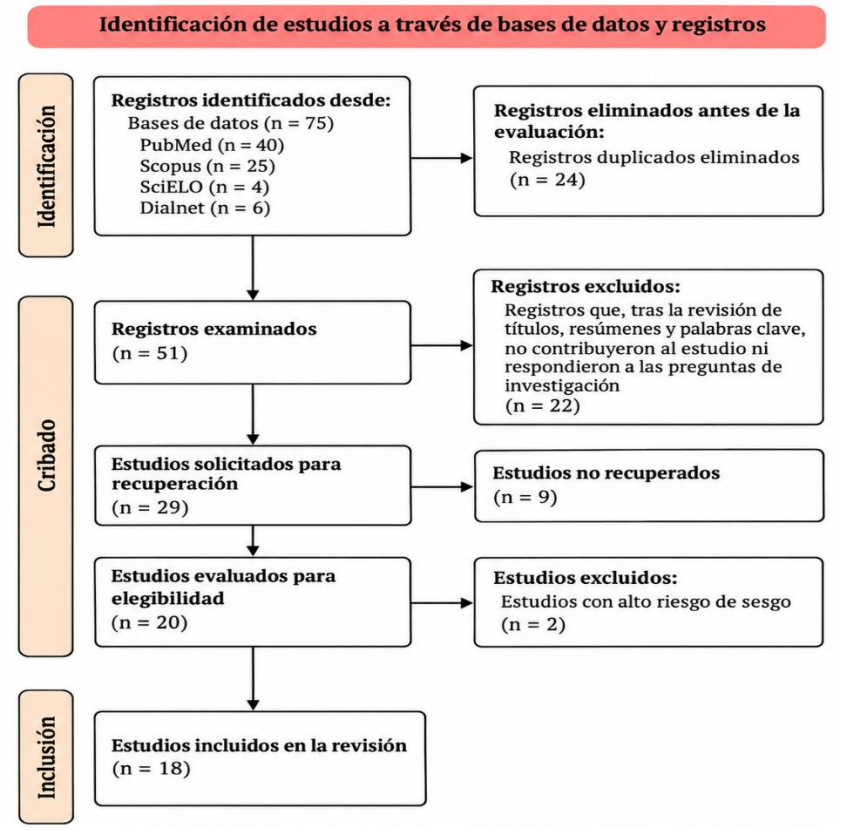
Selección de estudios

La selección de estudios se desarrolló conforme a las directrices PRISMA 2020, mediante las fases de identificación, cribado, elegibilidad e inclusión. En la identificación se recuperaron 75 registros procedentes de PubMed/MEDLINE, Scopus, SciELO y Dialnet. Posteriormente, se identificaron y eliminaron los registros duplicados, y se examinaron los títulos y resúmenes de las publicaciones restantes mediante la aplicación de los criterios de elegibilidad previamente establecidos.

Durante la fase de elegibilidad, se revisaron los textos completos de las publicaciones seleccionadas para determinar su pertinencia respecto al objetivo de investigación. Tras aplicar los criterios de inclusión y exclusión, se incorporaron 18 estudios que constituyeron la base de evidencia para el análisis cualitativo y la síntesis de resultados. El proceso de identificación, selección y exclusión de registros se presenta en el diagrama de flujo PRISMA (figura 1).

Figura 1

Diagrama de flujo PRISMA del proceso de selección de estudios



3. Resultados

Selección y características de los estudios

Los 18 estudios incluidos en la revisión sistemática se publicaron entre 2021 y 2026, con una distribución temporal heterogénea de la producción científica. Los años 2024 y 2025 concentraron 11 publicaciones, equivalentes al 61,1 % del total, según los datos recopilados. Esta distribución permitió identificar la evolución reciente de las investigaciones relacionadas con la detección molecular del VPH y el desarrollo de técnicas de amplificación isotérmica, como se presenta en la figura 2.

Los estudios incluidos procedieron de nueve países: Chile, China, Dinamarca, Estados Unidos, Indonesia, Reino Unido, Tailandia, Mozambique y México. China presentó la mayor representación en las investigaciones analizadas, principalmente en estudios relacionados con la distribución de genotipos y la detección molecular del VPH. Por su parte, la investigación desarrollada en Mozambique evaluó una alternativa diagnóstica destinada a facilitar el acceso a pruebas moleculares en entornos con recursos limitados, como se observa en la figura 3.

Genotipos del VPH de alto y bajo riesgo oncogénico

La caracterización molecular del VPH permitió identificar diferencias en la distribución de genotipos de alto y bajo riesgo oncogénico entre las poblaciones estudiadas. La tabla 4 sintetiza los resultados de 13 investigaciones que proporcionaron información sobre los genotipos detectados, las características

de las muestras y los métodos diagnósticos empleados. Los genotipos VPH 16, 18, 52 y 58 figuraron entre los identificados en diferentes estudios, aunque sus frecuencias variaron según la población y el procedimiento utilizado.

Figura 2

Evolución de la investigación en técnicas isotérmicas para la detección del VPH

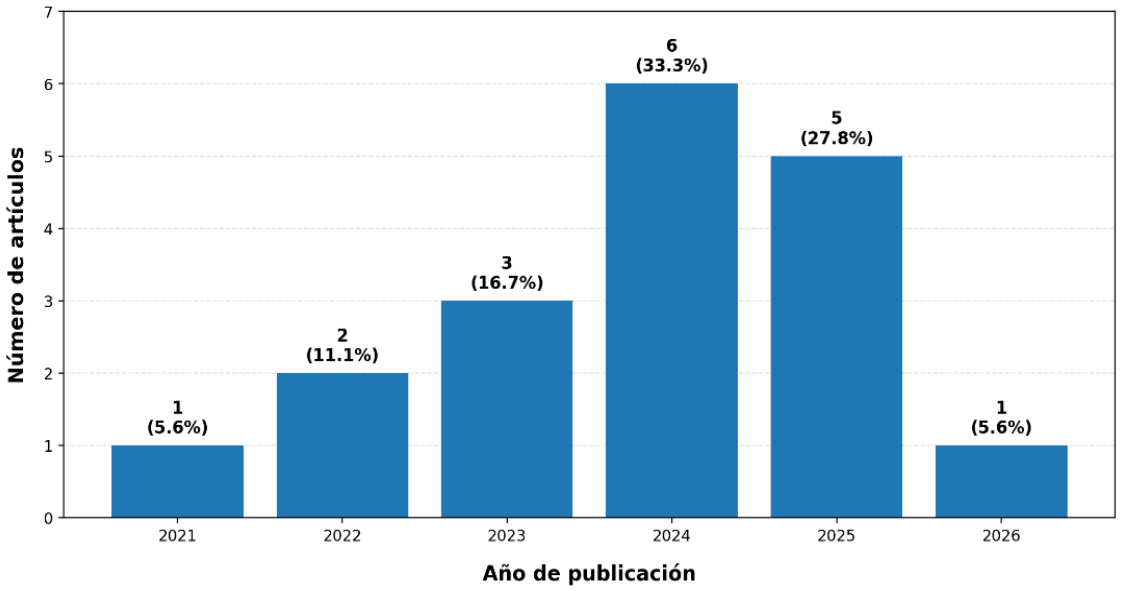


Figura 3

Distribución geográfica de las investigaciones incluidas

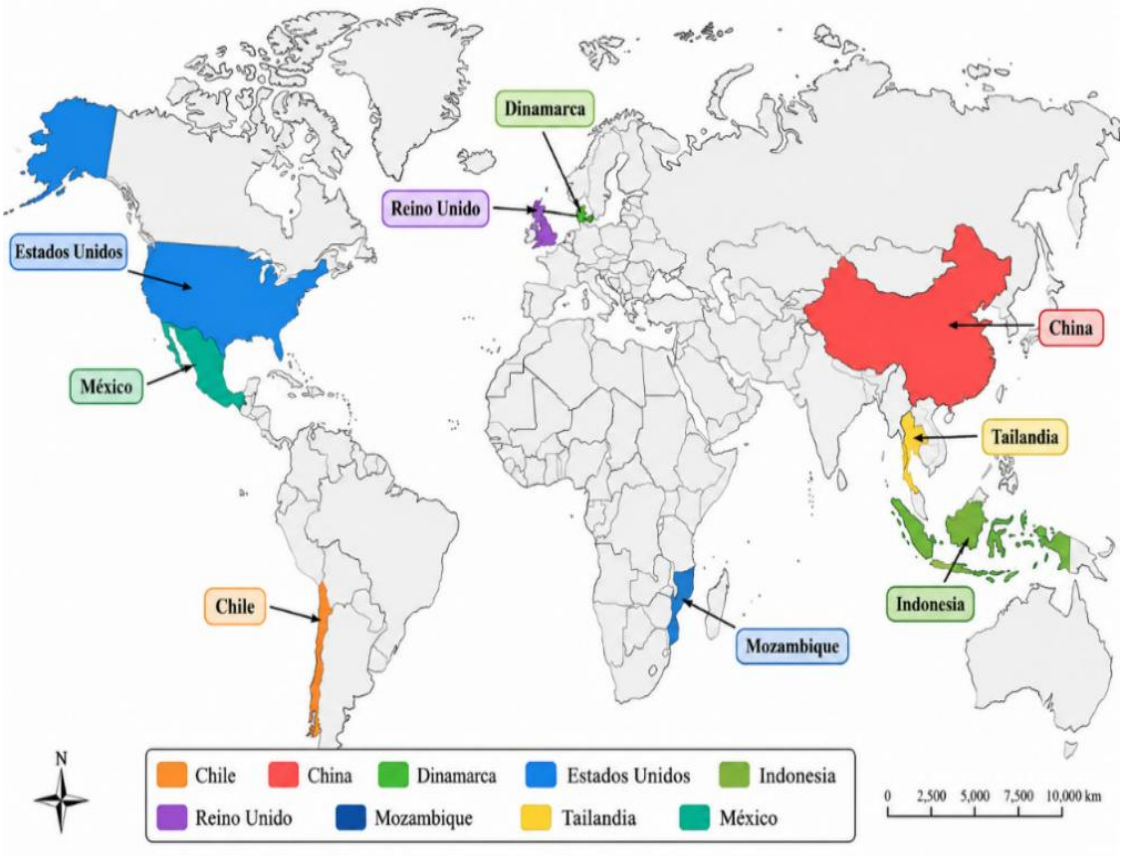


Tabla 4

Identificación de genotipos del VPH de alto y bajo riesgo oncogénico en los estudios analizados

Autor/año	Muestras	Edad	País	Método diagnóstico	Gen o región detectada	Genotipos reportados
Ili et al. (2024)	108 hisopados cervicales	17–55 años	Chile	PCR	E2	VPH 16 (36,1 %); VPH 18 (12,0 %)
Wang et al. (2024)	14.492 muestras de células exfoliativas	15–81 años	China	PCR e hibridación inversa por puntos	ADN del VPH	VPH 52 (3,77 %); 53 (1,46 %); 16 (1,31 %); 58 (1,19 %); 39 (1,18 %); 54 (1,23 %); 6 (1,08 %); 81 (1,04 %); 42 (0,87 %)
Na et al. (2023)	400 muestras cervicales	23–70 años	China	No especificado	ADN del VPH	VPH 16 (2,34 %); 58 (2,07 %); 52 (2,95 %)
Li et al. (2022)	23.866 muestras	16–65 años	China	PCR	ADN del VPH	VPH 16 (2,34 %); 39 (1,36 %); 6 (1,29 %); 81 (1,19 %); 61 (1,52 %)
Qiu et al. (2024)	2.431 mujeres	18–80 años	China	PCR e hibridación por transferencia reversa	ADN del VPH	VPH 52 (21,81 %); 16 (16,69 %); 58 (10,98 %); 53 (8,45 %); 51 (6,37 %)
Hu et al. (2024)	66.000 muestras clínicas	19–60 años	China	PCR e hibridación por transferencia reversa	ADN del VPH	VPH 52 (2,61 %); 16 (2,06 %); 58 (1,81 %); 53 (1,55 %); 39 (1,09 %); 6 (1,30 %); 11 (0,85 %)
Shen et al. (2025)	496 mujeres	18–65 años	China	PCR	ADN del VPH	VPH 52 (8,30 %); 16 (5,90 %); 58 (5,70 %); 39 (4,80 %)
Bruneau et al. (2026)	8.324 mujeres	25–64 años	Chile	qPCR	ADN del VPH	VPH 16 (21,43 %); 31 (9,16 %); 59 (8,77 %); 66 (8,70 %); 58 (7,61 %)
Andersen et al. (2022)	93 muestras cervicales	No especificada	Dinamarca	Secuenciación de nueva generación (NGS)	ADN del VPH	VPH 6 (1,1 %); 16 (11,8 %); 18 (3,2 %); 31 (8,6 %); 33 (1,1 %); 39 (8,6 %)
Nie et al. (2024)	152 muestras clínicas	No especificada	China	PCR fluorescente multiplex y electroforesis capilar	Regiones virales E y L	VPH 52 (10,8 %); 56 (9,1 %); 16 (6,5 %); 59 (6,2 %)
Li et al. (2024)	236 muestras clínicas	No especificada	China	LAMP visual con colorante HNB	L1	VPH 6 (100 %); 11 (100 %); 16 (95,83 %); 18 (95,65 %); 45 (100 %); 52 (96,30 %); 58 (100 %)
Thai et al. (2025)	16 muestras clínicas de orina	No especificada	Estados Unidos	SSMG-LAMP	ADN del VPH	VPH 16 (31,25 %); VPH 18 (6,25 %)
Hartanti et al. (2025)	20 muestras clínicas	Mayores de 18 años	Indonesia	mRPA	Regiones L1, E6 y E7	VPH 16 (100 %); 18 (80 %); 52 (60 %)

Nota. Los porcentajes se conservaron según la tabla original y requieren comprobar sus denominadores. En particular, los valores de Li et al. (2024) y Hartanti et al. (2025) corresponden al rendimiento de detección por genotipo y no deben interpretarse directamente como prevalencias poblacionales.

Técnicas de amplificación isotérmica y principios bioquímicos

Los estudios sobre las técnicas de amplificación isotérmica describieron diferencias en los mecanismos enzimáticos, las temperaturas de reacción y los tiempos necesarios para detectar el ADN del VPH. La tabla 5 presenta ocho investigaciones que examinaron LAMP, RPA y amplificación dependiente de helicasa (HDA), con énfasis en sus características operativas. LAMP utilizó principalmente ADN polimerasas con actividad de desplazamiento de cadena, mientras que RPA requirió proteínas recombinasas, proteínas SSB y ADN polimerasas.

Tabla 5

Características bioquímicas y operativas de las técnicas isotérmicas utilizadas para detectar el VPH

Autor/año	País	Técnica	Principio bioquímico	Componentes enzimáticos	Temperatura	Tiempo
Li et al. (2024)	China	LAMP	Amplificación del ADN a temperatura constante mediante cebadores específicos.	ADN polimerasa	63 °C	50 min
Thai et al. (2025)	Estados Unidos	SSMG-LAMP	Amplificación de regiones específicas del ADN del VPH con detección mediante indicadores colorimétricos y fluorescentes.	ADN polimerasa Bst 2.0 WarmStart	63 °C	45 min
Hartanti et al. (2025)	Indonesia	mRPA	Formación de complejos entre recombinasa y cebadores para reconocer secuencias complementarias.	Recombinasa, ADN polimerasa y proteínas SSB	39 °C	30 min
Wormald et al. (2021)	Reino Unido	LAMP	Amplificación mediante cebadores específicos y desplazamiento de cadenas de ADN.	ADN polimerasa Bst 2.0	63 °C	45 min
Wongsamart et al. (2023)	Tailandia	mRPA	Amplificación mediada por recombinasa y estabilización de cadenas de ADN.	Recombinasa, ADN polimerasa y proteínas SSB	37–39 °C	40 min
Barra et al. (2024)	Estados Unidos	LAMP multiplex	Amplificación simultánea de diferentes secuencias mediante conjuntos específicos de cebadores.	ADN polimerasa Bst 2.0	65 °C	30 min
Barra et al. (2025)	Mozambique	LAMP	Amplificación isotérmica mediante cebadores específicos para las secuencias diana.	ADN polimerasa	65 °C	45 min
González-González et al. (2025)	México	HDA	Separación enzimática de cadenas de ADN y amplificación de secuencias específicas.	Helicasa, proteínas SSB y ADN polimerasa	65 °C	60 min

Nota. LAMP: amplificación isotérmica mediada por bucles; mRPA: amplificación por polimerasa recombinasa multiplex; HDA: amplificación dependiente de helicasa; SSB: proteínas de unión a ADN monocatenario. Las condiciones experimentales corresponden a las consignadas en la tabla original y deben corroborarse con los protocolos completos de cada investigación.

Sensibilidad y especificidad diagnóstica de LAMP y RPA

Las investigaciones sobre el desempeño diagnóstico de las técnicas isotérmicas reportaron variaciones en la sensibilidad y especificidad de LAMP y RPA para detectar diferentes genotipos del VPH. La tabla 6 resume los resultados de siete investigaciones, considerando los tamaños muestrales, las técnicas evaluadas y los indicadores diagnósticos comunicados. La variabilidad de estos resultados estuvo acompañada de diferencias entre los genotipos analizados, los métodos de referencia y las condiciones de evaluación.

Tabla 6

Desempeño diagnóstico de las técnicas de amplificación isotérmica para la detección del VPH

Autor/año	Muestras analizadas	País	Técnica	Sensibilidad	Especificidad
Li et al. (2024)	236 muestras clínicas	China	LAMP visual, resultado 1	97,35 %	100 %
Li et al. (2024)	236 muestras clínicas	China	LAMP, resultado 2	98,23 %	100 %
Thai et al. (2025)	16 muestras clínicas	Estados Unidos	SSMG-LAMP	Mayor del 80 %	Hasta 96,2 %
Hartanti et al. (2025)	20 muestras clínicas	Indonesia	mRPA	VPH 16: 100 %; VPH 18: 80 %; VPH 52: 60 %	100 % para los tres genotipos
Wormald et al. (2021)	41 muestras clínicas	Reino Unido	LAMP	99,09 %	88,9 %
Wongsamart et al. (2023)	130 muestras clínicas	Tailandia	mRPA	75 %	100 %
Barra et al. (2024)	38 muestras clínicas	Estados Unidos	LAMP multiplex	89 %	95 %
Barra et al. (2025)	191 muestras clínicas	Mozambique	LAMP	95 %, 94 % y 94 %*	99 %, 95 % y 97 %*

Nota. Los dos resultados de Li et al. (2024) requieren identificar el método de lectura o comparación que corresponde a cada porcentaje. En Barra et al. (2025), los porcentajes señalados con asterisco proceden de la tabla original y requieren verificar su correspondencia exacta con cada genotipo y población analizada; no deben considerarse estimaciones globales del ensayo. Los resultados se presentan de manera descriptiva y no constituyen un metaanálisis.

En conjunto, los estudios analizados evidenciaron diferencias en los genotipos del VPH detectados, las condiciones de amplificación y los indicadores de desempeño diagnóstico de las técnicas isotérmicas. LAMP presentó resultados variables de sensibilidad y especificidad según el procedimiento de evaluación, mientras que RPA mostró diferencias en su capacidad de detección entre genotipos. Los tiempos de reacción reportados oscilaron principalmente entre 30 y 50 minutos, aunque estos no siempre representaron el tiempo total hasta obtener el resultado. La heterogeneidad metodológica limitó la comparación directa entre investigaciones.

4. Discusión

Los resultados de esta revisión sistemática evidenciaron la importancia de la detección molecular del virus del papiloma humano (VPH) y la identificación de sus genotipos para fortalecer las estrategias de prevención del cáncer cervicouterino (CCU). La caracterización genotípica permitió distinguir infecciones asociadas con diferentes niveles de riesgo oncogénico y reconocer la utilidad de los métodos moleculares en el diagnóstico oportuno. Sin embargo, la identificación de un genotipo de alto

riesgo no constituye, por sí misma, evidencia de una lesión precancerosa o maligna, debido a que la persistencia viral y otros factores intervienen en la progresión de la enfermedad (Flores-Contreras et al., 2024; Palmer et al., 2022).

Los estudios incluidos mostraron diferencias en la distribución de los genotipos del VPH entre poblaciones de América Latina, América del Norte, Asia y Europa. Se identificaron genotipos oncogénicos como VPH 16, 18, 31, 52 y 58, aunque sus frecuencias variaron según las características de cada investigación. Estas diferencias sugieren que la distribución genotípica depende de factores poblacionales, epidemiológicos y metodológicos, por lo que los porcentajes reportados no deben interpretarse como directamente equivalentes. La diversidad observada también resalta la importancia de considerar varios genotipos de alto riesgo en las estrategias de detección molecular (Hu et al., 2024; Bruneau et al., 2026).

En China, Wang et al. (2024) identificaron una frecuencia del VPH 52 del 3,77 %, seguido del VPH 53 (1,46 %) y del VPH 16 (1,31 %), mientras que Na et al. (2023) reportaron frecuencias del 2,95 % para VPH 52 y del 2,34 % para VPH 16. De manera similar, Hu et al. (2024) comunicaron valores del 2,61 % para VPH 52 y del 2,06 % para VPH 16, mientras que Li et al. (2022) identificaron VPH 16 con una frecuencia del 2,34 %. La coincidencia en la identificación de estos genotipos respalda su relevancia epidemiológica, aunque las diferencias de frecuencia podrían relacionarse con la composición de las muestras y los métodos diagnósticos empleados.

Por su parte, Qiu et al. (2024) reportaron frecuencias del 21,81 % para VPH 52, del 16,69 % para VPH 16 y del 10,98 % para VPH 58 en la población estudiada. Estos porcentajes fueron superiores a los comunicados en otras investigaciones chinas, aunque su interpretación requiere considerar las diferencias en los denominadores, la selección de participantes y los procedimientos de detección. La identificación recurrente de VPH 52 y 58 refuerza la necesidad de evaluar paneles moleculares que contemplen otros genotipos oncogénicos además de VPH 16 y 18, especialmente en poblaciones donde presentan frecuencias relevantes (Shen et al., 2025).

En Chile, Ili et al. (2024) identificaron frecuencias del 36,1 % para VPH 16 y del 12,0 % para VPH 18, mientras que Bruneau et al. (2026) reportaron valores del 21,43 % para VPH 16, del 9,16 % para VPH 31 y del 7,61 % para VPH 58. A diferencia de los estudios chinos, en estas investigaciones destacó la presencia del VPH 16, aunque las poblaciones y los criterios de análisis no fueron necesariamente equivalentes. Estos hallazgos respaldan la importancia de una caracterización molecular amplia, capaz de identificar otros genotipos de alto riesgo asociados con lesiones cervicales.

En conjunto, la evidencia epidemiológica examinada permitió reconocer que la diversidad genotípica constituye un elemento relevante para el diseño y la selección de pruebas moleculares. La presencia de VPH 16 en diferentes contextos y la identificación frecuente de VPH 52 y 58 en estudios asiáticos sugieren la conveniencia de considerar paneles de detección adaptados a las características de las poblaciones evaluadas. Sin embargo, la frecuencia de un genotipo no permite determinar directamente su contribución al desarrollo de cáncer ni establecer la superioridad de una prueba diagnóstica, debido a las diferencias entre infección, persistencia viral y enfermedad cervical.

Respecto a los fundamentos bioquímicos, las investigaciones evidenciaron que las técnicas de amplificación isotérmica ofrecen alternativas a los procedimientos moleculares que requieren ciclos sucesivos de temperatura. LAMP utiliza ADN polimerasas con actividad de desplazamiento de cadena, mientras que RPA emplea proteínas recombinasas, proteínas de unión a ADN monocatenario y ADN polimerasas para amplificar secuencias específicas. Estas diferencias permitieron identificar

ventajas operativas particulares, especialmente en los requerimientos térmicos y la complejidad del equipamiento, aunque su aplicación clínica depende de las condiciones de cada ensayo (Flores-Contreras et al., 2024; Kargar et al., 2024; Lamsisi et al., 2024).

LAMP presentó una mayor representación entre las investigaciones de desempeño diagnóstico incluidas en esta revisión. Li et al. (2024), Wormald et al. (2021), Barra et al. (2024), Thai et al. (2025) y Barra et al. (2025) utilizaron condiciones de amplificación cercanas a 63–65 °C, con tiempos generalmente comprendidos entre 30 y 50 minutos. La similitud de estos parámetros sugiere condiciones térmicas relativamente uniformes entre los ensayos examinados, aunque no garantiza resultados diagnósticos equivalentes. La diversidad de cebadores, regiones genéticas y procedimientos de lectura puede modificar el rendimiento de cada sistema.

Thai et al. (2025) evaluaron una variante de LAMP con indicadores SYBR Safe y ADN polimerasa Bst 2.0 WarmStart, mediante una reacción a 63 °C durante 45 minutos. La incorporación de sistemas de lectura visual o fluorescente representó una alternativa para simplificar la identificación de productos de amplificación y reducir la dependencia de procedimientos posteriores de laboratorio. Sin embargo, la aplicabilidad de estos métodos requiere considerar la estabilidad de los reactivos, la precisión de la lectura y la posibilidad de contaminación cruzada, factores que pueden afectar la confiabilidad de los resultados.

En relación con la amplificación multiplex, Barra et al. (2024) desarrollaron un ensayo LAMP orientado a la detección de los genotipos VPH 16, 18 y 45, junto con un control celular. La incorporación de múltiples objetivos moleculares en una misma reacción constituyó una ventaja para ampliar la capacidad de detección y comprobar la adecuación de la muestra. No obstante, la presencia de varios conjuntos de cebadores exige optimizar las condiciones de amplificación para reducir posibles interacciones, competencia por reactivos y resultados inespecíficos. Por tanto, la multiplexación debe valorarse tanto por su capacidad diagnóstica como por su reproducibilidad.

Por otra parte, Barra et al. (2025) desarrollaron un ensayo LAMP sin extracción convencional de ADN y evaluaron su aplicación en muestras clínicas de Mozambique. La investigación incluyó 191 muestras de Mozambique y 38 de Houston, Estados Unidos, y permitió examinar un procedimiento orientado a obtener resultados en menos de una hora. Este enfoque resulta relevante para establecimientos sanitarios con infraestructura limitada, debido a la posibilidad de simplificar la preparación de muestras. Sin embargo, su incorporación a programas de tamizaje requiere evaluar el desempeño en poblaciones más amplias y verificar su factibilidad operativa en condiciones rutinarias.

La evaluación del desempeño diagnóstico permitió identificar diferencias en la sensibilidad y especificidad de las técnicas isotérmicas. Li et al. (2024) comunicaron una sensibilidad del 97,35 % y una especificidad del 100 % mediante LAMP visual, mientras que Wormald et al. (2021) reportaron valores del 99,09 % y 88,9 %, respectivamente. Por su parte, Thai et al. (2025) presentaron una sensibilidad superior al 80 % y una especificidad del 96,20 %. Estas diferencias evidenciaron que un mismo principio de amplificación puede producir resultados distintos según el diseño del ensayo, las muestras analizadas y los métodos utilizados como referencia.

Desde una perspectiva clínica, una sensibilidad elevada favorece la identificación de infecciones por VPH, mientras que una especificidad adecuada contribuye a reducir los resultados falsamente positivos. Las diferencias observadas entre los estudios podrían relacionarse con la concentración del ADN viral, la selección de regiones genéticas, la preparación de muestras y los umbrales de detección. En consecuencia, la utilidad de LAMP para el tamizaje no debe establecerse únicamente a partir de los

porcentajes reportados, sino mediante una valoración conjunta de su exactitud, reproducibilidad y aplicabilidad en poblaciones representativas.

En contraste con los estudios basados en LAMP, Wongsamart et al. (2023) evaluaron la técnica de amplificación por polimerasa recombinasa multiplex (mRPA) en 130 muestras clínicas de Tailandia. El ensayo presentó una sensibilidad del 75 %, una especificidad del 100 % y una exactitud diagnóstica del 78 % frente al método de comparación. Estos resultados evidenciaron una elevada capacidad para identificar muestras negativas, aunque la menor sensibilidad indicó la posibilidad de resultados falsamente negativos. Esta limitación adquiere importancia en el tamizaje de infecciones por genotipos oncogénicos que requieren seguimiento clínico.

Hartanti et al. (2025) también evaluaron mRPA para detectar los genotipos VPH 16, 18 y 52, con sensibilidades del 100 %, 80 % y 60 %, respectivamente, y especificidades del 100 % para los tres genotipos. En comparación con Wongsamart et al. (2023), estos resultados evidenciaron diferencias en el rendimiento según el genotipo identificado y las características del ensayo. La variabilidad observada sugiere que la amplificación multiplex requiere una optimización específica para cada secuencia diana y una validación clínica suficiente antes de recomendar su aplicación generalizada.

La comparación entre LAMP y RPA permitió reconocer ventajas operativas diferentes, aunque la heterogeneidad metodológica impidió establecer una superioridad diagnóstica definitiva. LAMP presentó resultados elevados de sensibilidad y especificidad en varios estudios, mientras que RPA destacó por sus menores requerimientos térmicos y tiempos reducidos de amplificación. Sin embargo, la elección de una técnica para laboratorios de baja complejidad debe considerar también el costo total, la preparación de muestras, la estabilidad de los reactivos, el equipamiento y la capacitación necesaria, aspectos que influyen directamente en su implementación.

En términos generales, los hallazgos respaldaron el potencial de las técnicas isotérmicas para ampliar el acceso al diagnóstico molecular del VPH, particularmente en entornos con recursos limitados. No obstante, las diferencias en sensibilidad, especificidad y cobertura genotípica evidenciaron la necesidad de interpretar sus resultados según las condiciones particulares de cada investigación. La implementación clínica de LAMP y RPA requiere estudios de validación comparativa frente a métodos moleculares de referencia, con criterios estandarizados que permitan determinar su utilidad diagnóstica y viabilidad operativa.

Limitaciones

La revisión presentó limitaciones relacionadas con la heterogeneidad de los diseños metodológicos, el tamaño de las muestras, las características de las poblaciones y los procedimientos moleculares utilizados. La inclusión de estudios epidemiológicos y de exactitud diagnóstica permitió contextualizar la diversidad genotípica, pero restringió la comparación directa entre sus resultados. Además, el número limitado de investigaciones centradas específicamente en LAMP y RPA, junto con las diferencias en los métodos de referencia, dificultó establecer conclusiones generales sobre el desempeño clínico de ambas técnicas.

Otra limitación correspondió a la variabilidad en los indicadores reportados, debido a que algunos estudios presentaron resultados por genotipo y otros comunicaron estimaciones generales de sensibilidad y especificidad. Esta situación impidió integrar los hallazgos mediante una comparación cuantitativa uniforme y restringió la interpretación de las diferencias observadas. La ausencia de una síntesis metaanalítica también limitó la posibilidad de estimar valores conjuntos de exactitud

diagnóstica, por lo que los resultados se interpretaron mediante una síntesis cualitativa.

Las investigaciones futuras deberían priorizar estudios de exactitud diagnóstica con diseños metodológicos estandarizados, muestras representativas y métodos de referencia claramente definidos. Resultaría pertinente evaluar comparativamente LAMP y RPA en condiciones clínicas similares, mediante indicadores de sensibilidad, especificidad, valores predictivos, límites de detección y tiempo total hasta el resultado. También sería necesario ampliar la evaluación de genotipos oncogénicos, particularmente VPH 16, 18, 52 y 58, e incorporar análisis de costos y factibilidad operativa para determinar su aplicabilidad en entornos con recursos limitados.

5. Conclusiones

La revisión sistemática evidenció la importancia de la detección molecular y la caracterización de los genotipos del virus del papiloma humano (VPH) para fortalecer las estrategias de prevención del cáncer cervicouterino. Los estudios analizados mostraron una distribución genotípica variable entre las poblaciones, con una presencia recurrente del VPH 16 en diferentes regiones geográficas y una frecuencia destacada de los genotipos VPH 52 y 58 en investigaciones realizadas en China. Estos hallazgos respaldan la necesidad de considerar la diversidad genotípica en la selección de pruebas diagnósticas, de acuerdo con las características epidemiológicas de cada población.

Las técnicas de amplificación isotérmica LAMP, RPA y HDA presentaron características operativas favorables para la detección molecular del VPH, principalmente por su funcionamiento a temperatura constante, tiempos de reacción reducidos y menores requerimientos de equipamiento frente a métodos convencionales basados en termocicladores. LAMP fue la técnica con mayor representación en los estudios incluidos y destacó por sus posibilidades de detección visual, mientras que RPA presentó menores requerimientos térmicos. Estas características sugieren su potencial aplicación en laboratorios de baja complejidad y entornos con recursos limitados, aunque su implementación requiere considerar las condiciones técnicas y operativas de cada establecimiento.

En cuanto al desempeño diagnóstico, LAMP alcanzó sensibilidades de hasta el 99,09 % y especificidades de hasta el 100 % en los estudios evaluados, mientras que RPA, particularmente en su modalidad multiplex (mRPA), presentó especificidades del 100 % y sensibilidades variables entre el 60 % y el 100 %, según el genotipo analizado. Estos resultados evidenciaron un desempeño favorable de ambas técnicas, aunque la heterogeneidad metodológica impidió establecer una superioridad diagnóstica definitiva. Por tanto, se requieren estudios clínicos comparativos y estandarizados que permitan confirmar su exactitud, reproducibilidad y viabilidad para el diagnóstico del VPH en entornos con recursos limitados.

Referencias

Andersen, K., Holm, K., Tranberg, M., Pedersen, C., Bønløkke, S., Steiniche, T., Andersen, B., & Stougaard, M. (2022). Targeted Next Generation Sequencing for Human Papillomavirus Genotyping in Cervical Liquid-Based Cytology Samples. *Cancers*, *14*(3), 652. https://doi.org/10.3390/cancers14030652

Barra, M., Chang, M., Salcedo, M., Schmeler, K., Scheurer, M., Maza, M., Lopez, L., Alfaro, K., & Richards-Kortum, R. (2024). Single-tube four-target lateral flow assay detects human papillomavirus types associated with majority of cervical cancers. *Analytical Biochemistry*, *688*, 115480. https://doi.org/10.1016/j.ab.2024.115480

Barra, M., Wilkinson, A., Ma, A., Goli, K., Atif, H., Osman, N., Lorenzoni, C., Tivir, G., Lathrop, E., Castle, P., Guo, M., Montealegre, J., Baker, E., Salcedo, M., Schmeler, K., & Richards-Kortum, R. (2025). One-hour extraction-free loop-mediated isothermal amplification HPV DNA assay for point-of-care testing in Maputo, Mozambique. *Nature Communications*, *16*(1), 7295. https://doi.org/10.1038/s41467-025-62454-x

Bruneau, N., Balanda, M., San Martín, H., Roldán, F., Hernández, D., Fernández, J., Carrasco, C., Ramírez, E. (2026). Tendencias y Genotipos del VPH en Mujeres Chilenas e Inmigrantes: Estudio de Vigilancia de 10 Años (2014-2023). *Revista Médica de Chile*, *154*(3), 339–350. https://doi.org/10.4067/s0034-98872026000300339

Flores-Contreras, E., González-González, E., Trujillo-Rodríguez, G. de J., Rodríguez-Sánchez, I., Ancer-Rodríguez, J., Pérez-Maya, A., Alvarez-Cuevas, S., Martinez-Fierro, M., Marino-Martínez, I., & Garza-Veloz, I. (2024). Isothermal Technologies for HPV Detection: Current Trends and Future Perspectives. *Pathogens*, *13*(8), 653. https://doi.org/10.3390/pathogens13080653

González-González, E., Flores-Contreras, E., Trujillo-Rodríguez, G., Jiménez-Martínez, M., Rodríguez-Sánchez, I., Ancer-Arellano, A., Alvarez-Cuevas, S., Martinez-Fierro, M., Marino-Martínez, I., & Garza-Veloz, I. (2025). Development of a Microfluidic Point-of-Care Platform for HPV Detection Based on Helicase-Dependent Amplification. *Tropical Medicine and Infectious Disease*, *10*(9), 272. https://doi.org/10.3390/tropicalmed10090272

Hartanti, M., Amtha, R., Wratsangka, R., Rinanti, A., Djuana, E., Hizbulloh, I., Teguh, C., Kogoya, A., Subekti, D., Desem, M., Lestari, C. W., & Asmaria, T. (2025). Operational Feasibility and Performance of mRPA Versus PCR for the Detection of HPV Types 16, 18, and 52 in Clinical Samples: An Exploratory Study. *International Journal of Women's Health*, *17*, 955–964. https://doi.org/10.2147/ijwh.s496621

Hu, J., Wang, J., Li, Y., Feng, Y., Tian, C., Zhang, G., Chen, X., Liu, H., Yang, J., Fang, Z., Li, Y., Wu, Z., Zhu, R., Li, X., Xiong, Q., Gao, L., Ji, T., Zhang, J., Song, J., … Li, H. (2024). Prevalence and genotype distribution of human papillomavirus infection among 66000 women from 2014 to 2023 in the plateau region of Southwest China. *Virology Journal*, *21*(1), 176. https://doi.org/10.1186/s12985-024-02447-2

Ili, C., López, J., Reyes, M., Viscarra, T., Buchegger, K., Zanella, L., Aguayo, F., Brebi, P. (2024). Detección e integración del virus del papiloma humano de alto riesgo en lesiones pre-neoplásicas en mujeres del sur de Chile: un estudio transversal. *Revista Chilena de Infectología*, *41*(1), 27–35. https://doi.org/10.4067/s0716-10182024000100027

Kargar, F., Rahmati, M., Jamalidoust, M., Mortazavi, M., Savardashtaki, A., Milani, M., Vahedi, A. (2024). Human Papillomavirus (HPV16 and HPV18) Infection; Pathogenesis, Vaccination, and Detection by Loop-Mediated Isothermal Amplification with Lateral Flow Dipstick Tests: A Review. *Archives of Pediatric Infectious Diseases*, *12*(2), e140119. https://doi.org/10.5812/apid-140119

Kebede, S., Zeleke, S., Kassaw, A., Munye Aytenew, T., Kefale, D., & Asferie, W. (2024). Prevalence and distribution of human papillomavirus genotypes in women with abnormal cervical cytology in Ethiopia: a systematic review and meta-analysis. *Frontiers in Oncology*, *14*, 1384994. https://doi.org/10.3389/fonc.2024.1384994

Lamsisi, M., Benlghazi, A., Kouach, J., Laraqui, A., Ennaji, M., Chauleur, C., Bourlet, T., & Li, G. (2024).

Isothermal Nucleic Acid Amplification for Point-of-Care Primary Cervical Cancer Screening. *Viruses*, *16*(12), 1852. https://doi.org/10.3390/v16121852

Lewis, R., Laprise, J., Gargano, J., Unger, E., Querec, T., Chesson, H., Brisson, M., & Markowitz, L. (2021). Estimated Prevalence and Incidence of Disease-Associated Human Papillomavirus Types Among 15- to 59-Year-Olds in the United States. *Sexually Transmitted Diseases*, *48*(4), 273–277. https://doi.org/10.1097/olq.0000000000001356

Li, H., Tan, H., Lv, X., Han, Z., Wang, Y., Gao, S., Zhang, R., Shen, X., Ma, X., & Tie, Y. (2024). Field-Applicable Loop-Mediated Isothermal Amplification for the Detection of Seven Common Human Papillomavirus Subtypes. *Tropical Medicine and Infectious Disease*, *9*(10), 240. https://doi.org/10.3390/tropicalmed9100240

Li, X., Xiang, F., Dai, J., Zhang, T., Chen, Z., Zhang, M., Wu, R., & Kang, X. (2022). Prevalence of cervicovaginal human papillomavirus infection and genotype distribution in Shanghai, China. *Virology Journal*, *19*(1), 146. https://doi.org/10.1186/s12985-022-01879-y

Martínez, J., Ortega, V., & Muñoz, F. (2016). El diseño de preguntas clínicas en la práctica basada en la evidencia. Modelos de formulación. *Enfermería Global*, *15*(3), 431–438. https://doi.org/10.6018/eglobal.15.3.239221

Na, J., Li, Y., Wang, J., Wang, X., Lu, J., & Han, S. (2023). The correlation between multiple HPV infections and the occurrence, development, and prognosis of cervical cancer. *Frontiers in Microbiology*, *14*, 1220522. https://doi.org/10.3389/fmicb.2023.1220522

Nie, L., Qin, H., Li, S., Yu, Z., Huang, W., Zhang, L., & Zhao, J. (2024). The establishment of a multiplex fluorescent polymerase chain reaction coupled with capillary electrophoresis analysis technology enables the simultaneous detection of 16 genotypes of human papillomavirus. *Journal of Clinical Laboratory Analysis*, *38*(1–2), e24996. https://doi.org/10.1002/jcla.24996

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*, n71. https://doi.org/10.1136/bmj.n71

Palmer, M., Katanoda, K., Saito, E., Acuti Martellucci, C., Tanaka, S., Ikeda, S., Sakamoto, H., Machelek, D., Brotherton, J., & Hocking, J. (2022). Genotype prevalence and age distribution of human papillomavirus from infection to cervical cancer in Japanese women: A systematic review and meta-analysis. *Vaccine*, *40*(41), 5971–5996. https://doi.org/10.1016/j.vaccine.2022.07.052

Qiu, B., Jiang, N., Jiang, J., Mao, X., & Wang, X. (2024). The prevalence and genotype distribution of high-risk human papillomaviruses among women in Xianning, China. *Virology Journal*, *21*(1), 140. https://doi.org/10.1186/s12985-024-02413-y

Ruland, R., Prugger, C., Schiffer, R., Regidor, M., & Lellé, R. (2006). Prevalence of human papilloma virus infection in women in rural Ethiopia. *European Journal of Epidemiology*, *21*(9), 727–729. https://doi.org/10.1007/s10654-006-9055-4

Shen, Y., Zhang, Z., Shi, S., Zhang, C., Wang, C., & Chen, Y. (2025). Genotype distribution and risk factors for human papillomavirus infection. *Journal of Gynecologic Oncology*, *37*(1), e7. https://doi.org/10.3802/jgo.2026.37.e7

Tadele, S., Yilema, A., Woldesemayat, B., Zealiyas, K., Admas, A., Abebe, T., Gebeyehu, A., Tadesse, G., Tollera, G., Berhe, N., & Kebede, N. (2026). High-risk human papillomavirus genotype distribution, cytological abnormalities, and associated factors among Ethiopian women: a multicenter study. *Microbiology Spectrum*, *14*(4), e03154-25. https://doi.org/10.1128/spectrum.03154-25

Thai, D., Liu, J., Ruiz, A., Zhang, Y., Walther-Antonio, M., & Liu, Y. (2025). Triple-mode point-of-care diagnostics for high-risk human papillomavirus in urine. *Biosensors and Bioelectronics: X*, *26*, 100658. https://doi.org/10.1016/j.biosx.2025.100658

Wang, D., Yan, X., Yang, L., & Zhang, L. (2024). Prevalence and Genotype Distribution of Human Papillomavirus Infection Among Women in Wuhan, China: A Retrospective Study. *Infection and Drug Resistance*, *17*, 3677–3688. https://doi.org/10.2147/idr.s471176

Wang, W., Zhang, J., Mei, C., Dai, Q., Cai, Y., Wei, X., & Li, Y. (2026). Prevalence and genotype distribution of human papillomavirus infection among women in Chengdu, China between 2020 and 2024. *Frontiers in Public Health*, *13*, 1740177. https://doi.org/10.3389/fpubh.2025.1740177

Wongsamart, R., Bhattarakasol, P., Chaiwongkot, A., Wongsawaeng, D., Okada, P., Palaga, T., Leelahavanichkul, A., Khovidhunkit, W., Dean, D., & Somboonna, N. (2023). Multiplex recombinase polymerase amplification for high-risk and low-risk type HPV detection, as potential local use in single tube. *Scientific Reports*, *13*(1), 829. https://doi.org/10.1038/s41598-023-28038-9

Wormald, B., Rodriguez-Manzano, J., Moser, N., Pennisi, I., Ind, T., Vroobel, K., Attygalle, A., Georgiou, P., & deSouza, N. (2021). Loop-Mediated Isothermal Amplification Assay for Detecting Tumor Markers and Human Papillomavirus: Accuracy and Supplemental Diagnostic Value to Endovaginal MRI in Cervical Cancer. *Frontiers in Oncology*, *11*, 747614. https://doi.org/10.3389/fonc.2021.747614

Transparencia

Conflicto de interés

Los autores declaran que no existen conflictos de interés de naturaleza alguna como parte de la presente investigación.

Fuente de financiamiento

Los autores financiaron completamente la investigación.

Contribución de autoría

Joselyn Karina Salguero Abarca: Conceptualización, metodología, análisis formal, investigación, gestión de datos, visualización, redacción - preparación del borrador original, redacción - revisión y edición, financiamiento, administración del proyecto, recursos.

Yisela Carolina Ramos Campi: Conceptualización, metodología, validación, análisis formal, investigación, gestión de datos, visualización, redacción-preparación del borrador original, redacción-revisión y edición, financiamiento, administración del proyecto, supervisión.