Check for updates

https://doi.org/10.47993/gmb.v49i1.1254

Prevalencia del Virus del Papiloma Humano en diferentes sitios anatómicos de hombres que tienen sexo con hombres en Cochabamba, Bolivia

Prevalence of Human Papillomavirus in different anatomical sites of men who have sex with men in Cochabamba, Bolivia

Amílcar A. Flores Leon[1], Tania Vargas Rivero[2], Wendy Riess Soria Galvarro[3], Gustavo Allende Larrain[4]

Resumen

Objetivo: estimar la prevalencia y caracterizar la distribución de genotipos de alto riesgo (VPH-AR) en diferentes sitios anatómicos en HSH en la ciudad de Cochabamba, Bolivia. **Métodos**: se realizó un estudio cuantitativo, observacional y descriptivo de tipo transversal con 323 participantes. La detección de VPH-AR se llevó a cabo mediante RT-PCR Anyplex en muestras obtenidas de las regiones anal, peneana y oral, según la conducta sexual de los sujetos. **Resultados**: los hallazgos revelaron una elevada carga de infección, con variaciones significativas según la localización anatómica. La región anal presentó la mayor positividad (60,6%), seguida de la región peneana (35,3%) y la cavidad oral (4,1%). El VPH-AR 51 fue el genotipo más frecuente en las tres regiones evaluadas. En el canal anal predominaron las infecciones multiples (62,8%), mientras que en pene y boca prevalecieron las infecciones unicas (58,4% y 100%, respectivamente). La infección anal fue predominante en el grupo etario de 18–22 años y la peneana en el de 23–27 años. **Conclusión**: existe una alta prevalencia de VPH-AR en la población de HSH estudiada, con un marcado predominio en la región anal y una presencia notable del genotipo 51. Estos datos subrayan la urgencia de fortalecer la vigilancia epidemiológica y las estrategias de prevención primaria y secundaria en esta población vulnerable en Bolivia.

Palabras claves: boca, canal anal, genotipo, HSH, pene, infección del virus papiloma humano.

Abstract

Objective: to estimate the prevalence and characterize the distribution of high-risk genotypes (HR-HPV) at different anatomical sites among MSM in the city of Cochabamba, Bolivia. **Methods**: a quantitative, observational, descriptive cross-sectional study was conducted with 323 participants. HR-HPV detection was performed using Anyplex RT-PCR on samples collected from the anal, penile, and oral regions, according to the participants' sexual behavior. **Results**: the findings revealed a high burden of infection, with significant variations according to anatomical location. The anal region showed the highest positivity rate (60.6%), followed by the penile region (35.3%) and the oral cavity (4.1%). HPV-51 was the most frequent genotype in all three evaluated regions. Multiple infections predominated in the anal canal (62.8%), whereas single infections were more common in the penis and oral cavity (58.4% and 100%, respectively). Anal infection was most prevalent in the 18–22-year age group, while penile infection predominated in the 23–27-year age group. **Conclusion**: there is a high prevalence of HR-HPV in the studied MSM population, with a marked predominance in the anal region and a notable presence of genotype 51. These findings highlight the urgent need to strengthen epidemiological surveillance and primary and secondary prevention strategies for this vulnerable population in Bolivia.

Keywords: anal canal, genotype, MSM, mouth, papillomavirus infections, penis.

Recibido el
24 de febrero de 2026
Aceptado
25 de mayo de 2026

[1]Laboratorio de Virología – LABIMED, Facultad de Medicina, UMSS Cochabamba Bolivia.
https://orcid.org/0009-0006-8118-4631
amilcarfloresleon@gmail.com.
[2]Facultad de Medicina Universidad Mayor de San Simón, Cochabamba, Bolivia.
https://orcid.org/0009-0004-1362-7811
tani.varg@gmail.com
[3]Centro Comunitario Igualdad (Cochabamba – Bolivia)
https://orcid.org/0009-0009-6499-0465
dra.wprsg@gmail.com
[4]IIBISMED, Facultad de Medicina, Universidad Mayor de San Simón (Cochabamba- Bolivia).
https://orcid.org/0009-0005-1353-1980
gustavomarzo24@gmail.com
***Correspondencia:**
Amílcar Flores León
Correo electrónico:
amilcarfloresleon@gmail.com

DOI:
https://doi.org/10.47993/gmbv49i1.1254

La infección por el virus del papiloma humano (VPH) es una enfermedad de transmisión sexual muy frecuente[1]. Los papilomavirus, pertenecientes a la familia Papillomaviridae, se caracterizan por ser virus de pequeño tamaño (diámetro de 52 a 55 nm), carente de envoltura y poseen un genoma constituido por ADN circular de doble cadena[2]. Se han identificado más de 200 genotipos de VPH[3] y aproximadamente 15 de ellos han demostrado ser potencialmente oncogénicos y se asocian con la carcinogénesis en humanos[2]. La mayoría de las personas sexualmente activas la adquirirán en algún momento de su vida, generalmente sin presentar síntomas[1].

La presencia del VPH es frecuente en la zona genital de hombres y mujeres, independientemente de que presenten o no lesiones visibles [4]. Diversos estudios han demostrado que el ADN del VPH está relacionado con múltiples cánceres anogenitales distintos al cervical, como los que afectan a la vulva, vagina, ano, pene, cabeza, cuello y orofaringe[4,5,6].

El VPH tiene la capacidad de infectar las células epiteliales basales tanto de la piel como de las mucosas internas, clasificándose en genotipos cutáneos y mucosos. Los genotipos cutáneos presentan tropismo por la epidermis, afectando principalmente la

piel de manos y pies, mientras que los genotipos mucosos comprometen el epitelio de la cavidad oral, la faringe, el tracto respiratorio y la región anogenital. Los genotipos del VPH también se clasifican según su potencial oncogénico en tipos de bajo y alto riesgo. Entre los genotipos de bajo riesgo se incluyen los tipos 6, 11, 42, 43 y 44, mientras que los genotipos de alto riesgo más frecuentes comprenden: 16, 18, 31, 33, 35, 39, 45, 51, 52, 56, 58, 59, 66 y 68 entre otros[7].

Los hombres que tienen sexo con hombres (HSH) constituyen una población con elevada vulnerabilidad a las infecciones de transmisión sexual, destacándose la infección por el VPH por su alta frecuencia[8]. Un meta-análisis realizado el 2023 por Bruni y colaboradores, donde se analizaron 65 estudios que incluyeron a 44 769 hombres, muestran una prevalencia global de la infección genital por VPH de 31% por algún tipo de VPH, mientras que el 21% presenta infección con tipos de VPH-AR. La mayor prevalencia de infección se observó en adultos jóvenes, con un pico entre los 25 a 29 años[9].

Un estudio de revisión publicado el 2022, toma en cuenta la prevalencia global agrupada de infección por VPH donde fue más elevada a nivel anal, alcanzando el 78,4%, seguida por la infección peneana con un 36,2%, en cuanto a otros sitios anatómicos, la infección oral presentó una prevalencia del 17,3%, mientras que la uretral fue del 15,4%[10]. En relación con la infección oral por VPH, un estudio de revisión y metaanálisis realizado el 2016, basado en datos de cinco estudios que incluyeron a HSH, reportó que la prevalencia conjunta de VPH- AR de 9,1%[11].

Según un estudio de revisión de Baba y colaboradores (2025), el cáncer de pene esta asociado al VPH-AR en un 60%, mientras que el cáncer anal, tanto en mujeres como en varones, presenta una asociación del 90%[12]. En contraste, la contribución del VPH-AR a los cánceres orofaríngeos es del 70%[12,13].

Estos datos ponen en manifiesto la necesidad urgente de incorporar a la población masculina en estrategias preventivas contra el VPH-AR, con el fin de disminuir la carga de morbilidad y mortalidad atribuible a esta infección y de aportar, de forma indirecta, a la eliminación de enfermedades como el cáncer asociadas al VPH-AR[9,14,15]. No obstante, de acuerdo con los reportes del centro de información de VPH y cáncer ©ICO/IARC (2023), en Bolivia no se dispone de datos epidemiológicos sobre la prevalencia del VPH en pene, ano y cavidad oral en varones[16], que evidencia una brecha significativa de información y resalta la necesidad de fortalecer la investigación y la vigilancia epidemiológica en el país.

Esta situación adquiere especial relevancia si se considera que la población masculina, en particular los HSH, presentan una mayor exposición al VPH-AR, asociada a prácticas sexuales que incrementan la probabilidad de transmisión[17,18]. Considerando lo anterior, el estudio tiene como objetivo estimar la prevalencia y caracterizar la distribución de los genotipos del VPH-AR en diferentes sitios anatómicos en HSH de la ciudad de Cochabamba, Bolivia.

Material y métodos

El estudio realizado fue cuantitativo, observacional, descriptivo y de diseño transversal, donde se enrolaron un total de 323 HSH a través de un muestreo no probabilístico en el Centro Comunitario Igualdad de la ciudad de Cochabamba – Bolivia, en el periodo de diciembre del 2023 a marzo del 2024.

Fueron incluidos hombres ≥ 18 años VIH seronegativos, que aceptaron participar del estudio voluntariamente y firmaron consentimiento informado. El estudio se realizó conforme a la Declaración de Helsinki, Código de Núremberg y aprobado por el Comité de Bioética de la Facultad de Medicina de la UMSS.

Se recolectaron muestras biológicas de las regiones anal (N=213), peneana (N=320) y bucal (N=319) en función a su actividad sexual reportado por cada participante. Las muestras biológicas fueron tomadas mediante un hisopo estéril, conservadas y transportadas en un tubo colector con medio líquido.

Posteriormente estas muestras fueron procesadas en el Laboratorio de Virología del LABIMED de la Facultad de Medicina - UMSS. La extracción de ADN viral se efectuó mediante el método de perlas magnéticas (kit Abbott), siguiendo protocolos estandarizados. La detección y genotipificación del VPH-AR se realizó mediante PCR en tiempo real mediante el kit Anyplex™ II HPV HR (Seegene), que identifica 14 genotipos de alto riesgo (16, 18, 31, 33, 35, 39, 45, 51, 52, 56, 58, 59, 66 y 68), en un sistema PCR en tiempo real CFX96™ (Bio-Rad).

El análisis de los datos se llevó a cabo mediante estadística descriptiva, empleando los programas Microsoft Excel y la plataforma en línea de Estadísticas epidemiológicas de código abierto para Salud Pública (OpenEpi Versión 3.01).

Resultados

La población de estudio estaba conformado por 323 HSH con un promedio de edad de 26,9 años, que asistieron al Centro Comunitario Igualdad entre noviembre del 2023 a marzo del 2024.

Distribución de VPH-AR según las regiones anatómicas (ano, pene y boca)

Los casos positivos y negativos para VPH-AR de acuerdo a la región anatómica. Se evidencio, que en la región anal se presentó la mayor proporción de resultados positivos de VPH-AR, con 129 casos (60,6%; IC 95%: 53,7–67,2) de un total de 213 muestras, seguido de la región peneana, con 113 resultados positivos de VPH-AR (35,3%; IC 95%: 30,1–40,8) de un total de 320 muestras. Por su parte, la región bucal presentó la menor frecuencia de VPH-AR, con 13 casos positivos (4,1%; IC 95%: 2,2–6,9) de un total de 319 muestras analizadas (Tabla 1).

Tabla 1. Distribución de resultados de la prueba de VPH-AR positivos y negativos para las diferentes regiones anatómicas con intervalos de confianza del 95%.

Sitio Anatómico	Prueba VPH-AR				
	Positivo		Negativo		Total
	n (%)	(IC 95%)	n (%)	(IC 95%)	N (100%)
Anal	129 (60,6)	53,7 -67,2	84 (39,4)	32,8 -46,3	213 (100)
Pene	113 (35,3)	30,1 -40,8	207 (64,7)	59,2 -69,9	320 (100)
Bucal	13 (4,1)	2,2 -6,9	306 (95,9)	93,1 -97,8	319 (100)

Distribución de los genotipos de VPH-AR detectados según la región anatómica (anal, peneano y bucal)

Las frecuencias individuales de los genotipos de VPH-AR se presentan en la Tabla 2 distribuidas según las diferentes regiones anatómicas. En región anal (n=213), los genotipos más frecuentes fueron VPH 51 con una prevalencia de 15,5% (IC 95%: 10,9–21,1), seguido del VPH 59 con 14,1% (IC 95%: 9,7-19,5) y VPH 68 con 13,1% (IC 95%: 8,9-18,4). Los otros genotipos de VPH estuvieron presentes con prevalencias inferiores.

Tabla 2. Tasa de positividad específica por genotipo (14 VPH-AR) según región anatómica. (n=número de participantes para cada genotipo VPH-AR, más sus intervalos de confianza al 95%)

Genotipo	VPH Anal (N=213) n(%) [IC95%]	VPH Pene (N=320) n (%) [IC95%]	VPH Boca (N=319) n (%) [IC95%]
VPH 16	18 (8,5) [5,1-13,0]	18 (5,6) [3,4-8,7]	1 (0,3) [0,008-1,7]
VPH 18	12 (5,6) [2,9-9,6]	5 (1,6) [0,5-3,6]	0 (0,0)
VPH 31	16 (7,5) [4,4-11,9]	13 (4,1) [2,2-6,8]	0 (0,0)
VPH 33	21 (9,9) [6,2-14,7]	9 (2,8) [1,3-5,3]	0 (0,0)
VPH 35	9 (4,2) [2,0-7,9]	4 (1,3) [0,3-3,2]	0 (0,0)
VPH 39	18 (8,5) [5,1-13,0]	12 (3,8) [2,0-6,5]	2 (0,6) [0,08-2,2]
VPH 45	19 (8,9) [5,5-13,6]	16 (5,0) [2,9-8,0]	1 (0,3) [0,008-1,7]
VPH 51	33 (15,5) [10,9-21,1]	31 (9,7) [6,7-13,5]	4 (1,3) [0,3-3,2]
VPH 52	23 (10,8) [7,0-15,8]	11 (3,4) [1,7-6,1]	0 (0,0)
VPH 56	22 (10,3) [6,6-15,2]	17 (5,3) [3,1-8,4]	3 (0,9) [0,2-2,7]
VPH 58	21 (9,9) [6,2-14,7]	6 (1,9) [0,7-4,0]	0 (0,0)
VPH 59	30 (14,1) [9,7-19,5]	14 (4,4) [2,4-7,2]	0 (0,0)
VPH 66	24 (11,3) [7,4-16,3]	20 (6,3) [3,9-9,5]	2 (0,6) [0,08-2,2]
VPH 68	28 (13,1) [8,9-18,4]	13 (4,1) [2,2-6,8]	0 (0,0)

Tabla 3. Número de genotipos detectados en las diferentes regiones anatómicas

Número de genotipos	VPH Anal n (%)	VPH Pene n (%)	VPH Boca n (%)
1 Genotipo	48 (37,2)	66 (58,4)	13 (100,0)
2 Genotipos	32 (24,8)	27 (23,9)	0
≥3 Genotipos	49 (38,0)	20 (17,7)	0
Total	**129 (100)**	**113 (100)**	**13 (100)**

En la región peneana (n=320), el genotipo predominante fue VPH 51 con una prevalencia de 9,7% (IC 95%: 6,7–13,5), seguido de VPH 66 con 6,3% (IC 95%: 3,9-9,5) y VPH 16 con una prevalencia de 5,6%.

A nivel de la región bucal (n=319), se observó un menor porcentaje de detección de genotipos de VPH-AR comparado con las otras regiones anatómicas. El genotipo más frecuente fue VPH 51 con una prevalencia de 1,3% (IC 95%: 0,3-3,2), seguido del VPH 56 con 0,9%. Varios genotipos no fueron identificados en este tipo de muestra, como se detalla en la tabla 2.

Infección única e infección múltiple por VPH-AR según región anatómica

La distribución del número de genotipos de VPH-AR detectados según la región anatómica (ano, pene y boca) tuvo variaciones según el sitio evaluado. En muestras anales positivas (n=129), se observó una mayor presencia de infecciones múltiples con tres o más genotipos (38,0%), seguida por los que presentaron dos genotipos (24,8%) mientras que las infecciones únicas representaron el 37,2% de los casos (Tabla 3).

En las muestras peneanas positivas (n=113) para VPH-AR, predominó la detección de un solo genotipo en el 58,4% de los casos, mientras que el 23,9% presentó dos genotipos y el 17,7% mostró infección por tres o más genotipos (Tabla 3).

Por otro lado, en las muestras bucales positivas (n=13) para VPH-AR, todas corresponden a infecciones con un único genotipo (100%), sin registrarse infecciones con dos, tres o más genotipos en esta área anatómica (Tabla 3).

La distribución de los tipos de infección por el VPH-AR según la región anatómica evidencio patrones contrastantes entre la comparación de infecciones únicas y las infecciones múltiples. La cavidad oral (boca) presentó la mayor prevalencia de infecciones únicas con un 100% (n=13). Por el contrario, en el sitio anal, la tendencia se invirtió significativamente: las infecciones múltiples fueron predominantes, alcanzando un 62,8% (n=81) de los casos, frente a un 37,2% (n=48) de infecciones únicas. En cuanto a la región peneana, se observó una distribución más equilibrada, aunque con una ligera predominancia de las infecciones únicas con un 58,4% (n=66) sobre las infecciones múltiples con 41,6% (n=47) (Figura 1).

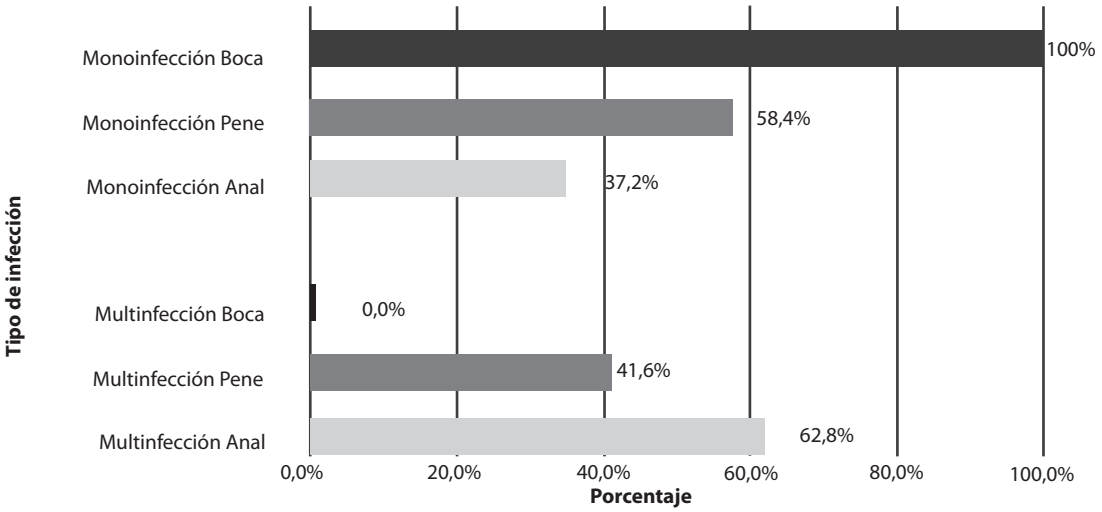


Figura 1. Tipo de infección única (un genotipo de VPH-AR) e infección múltiple (dos o más genotipos de VPH-AR)

Tabla 4. Presencia de VPH-AR en región anal, pene y boca según la edad agrupada.

Grupo etario (años)	Nº Anal	VPH anal Positivo n(%)	VPH anal Negativo n(%)	Nº Pene	VPH pene Positivo n(%)	VPH pene Negativo n(%)	Nº Boca	VPH boca Positivo n(%)	VPH boca Negativo n(%)
18-22	84	60 (71,4)	24 (28,6)	107	28 (26.2)	79 (73,8)	107	2 (1,9)	105 (98,1)
23-27	57	34 (59,6)	23 (40,4)	94	45 (47.9)	49 (52,1)	93	5 (5,4)	88 (94,6)
28-32	38	18 (47,4)	20 (52,6)	63	24 (38,1)	39 (61,9)	63	3 (4,8)	60 (95,2)
33-37	17	7 (41,2)	10 (58,8)	29	11 (37,9)	18 (62,1)	29	3 (10,3)	26 (89,7)
38-42	7	5 (71,4)	2 (28,6)	10	2 (20,0)	8 (80,0)	10	0 (0,0)	10 (100)
43-47	4	2 (50,0)	2 (50,0)	8	3 (37,5)	5 (62,5)	8	0 (0,0)	8 (100)
48-52	5	3 (60,0)	2 (40,0)	6	0 (0,0)	6 (100)	6	0 (0,0)	6 (100)
53-57	0	0 (0,0)	0 (0,0)	1	0 (0,0)	1 (100)	1	0 (0,0)	1 (100)
58-62	1	0 (0,0)	1 (100)	2	0 (0,0)	2 (100)	2	0 (0,0)	2 (100)
TOTAL	213	129 (60,6)	84 (39,4)	320	113 (35,3)	207 (64,7)	319	13 (4,1)	306 (95,9)

Positividad de VPH-AR según región anatómica por grupos etarios

En relación con el VPH anal (n=213), se observó una mayor proporción de resultados positivos en los grupos etarios más jóvenes, particularmente en el grupo de 18 a 22 años (71,4%), seguido del grupo de 23 a 27 años (59,6%) (Tabla 4).

Respecto al VPH-AR peneano (n=320), la mayor positividad se registró en el grupo etario de 23 a 27 años (47,9%), seguido del grupo de 28 a 32 años (38,1%) (Tabla 4).

En cuanto al VPH-AR bucal (n=319), la positividad fue baja en relación a las otras regiones anatómicas oscilando entre 1,9% y 10,3%, siendo los grupos etarios de entre 23-27 años y 33-37 años con mayor porcentaje de casos positivos 5.4% y 10.3% respectivamente (Tabla 4).

Discusión

En nuestro estudio se evidenció una elevada prevalencia de VPH-AR en HSH sin VIH en la ciudad de Cochabamba - Bolivia, con prevalencias significativamente diferentes según el sitio anatómico evaluado. La región anal fue la que presento la mayor carga de infección (60,6%) seguida por la región peneana (35,3%) y en menor medida, la región bucal (4,1%). Un hallazgo significativo es la alta frecuencia de infecciones múltiples en la región anal (62,8%), donde predominó la presencia de tres o más genotipos simultáneos. El genotipo VPH-AR 51 se constituyó como el más prevalente en los tres sitios evaluados (ano 15,5%, pene 9,7% y boca 1,3%). Por otro lado, el VPH-AR 16 se encuentra en tasas intermedias relevantes (ano 8,5%, pene 5,6 %, boca, 0,3%). En general se observó picos significativos de la infección de VPH-AR en adultos jóvenes en las tres áreas anatómicas estudiadas.

Nuestros resultados muestran una prevalencia anal de VPH-AR 60,6% (IC 95%: 53,7-67,2) valor similar al 63,8% (CI 95%:59.3%–68.1%), reportado en un metaanálisis global (HSH sin VIH)[17]. En contraste, la prevalencia peneana de VPH-AR observada en el estudio fue de 35,3% (IC 95%: 30,1-40,8) donde se observó un valor levemente superior al promedio de 28,6% (IC 95%: 19.4%–39.9%) descrito previamente. En cuanto a la región bucal, nuestra detección (4,1%; IC 95%: 2,2-6,9) fue notablemente menor al 14,5% (IC 95%: 9.0%–22.4%), descrito en este metaanálisis[17], sin embargo, un metaanálisis centrado exclusivamente en la infección por VPH-AR en esta misma población de estudio, reportó una prevalencia del 9,1 % (IC del 95 %: 4,0-14,2 %)[11].

En relación con los genotipos de VPH-AR de mayor prevalencia, la literatura internacional indica que, a nivel global, el VPH-AR 16 constituye el genotipo de alto riesgo más predominante en la región anal con una prevalencia del 19,9% (IC 95%: 17,7%-22,4%)[17], sin embargo, nuestros resultados no siguen esta tendencia, ya que en la región anal se observa como el genotipo más frecuente al VPH-AR 51, alcanzando una prevalencia del 15,5% (IC 95%: 10,9-21,1) seguido de otros genotipos como el VPH-AR 59 con 14,1% (IC 95%: 9,7-19,5) y el VPH-AR 68 con 13,1% (IC 95%: 8,9-18,4), los cuales también evidenciaron una frecuencia genotípica especifica relevante en esta región anatómica. No obstante, este mismo metaanálisis reportó al

VPH-AR 51 como el segundo genotipo más frecuente con 10,5% (IC 95% 8,7%-12,6%)[17]. En relación con las regiones oral y peneana, diversos estudios reportan al VPH-AR 16 como el genotipo más prevalente en estas localizaciones anatómicas[14,15,17]. En contraste, en nuestro estudio se observó que tanto en la región peneana como en la región oral (de manera similar a lo hallado en la región anal) predomino del VPH-AR 51.

Los hallazgos del presente estudio revelan un patrón de distribución diferencial del VPH-AR 16 según la región anatómica evaluada. Las tasas de positividad del genotipo VPH-AR 16 variaron según la región anatómica: 8,5% (IC 95%: 5,1-13,0) en la región anal, 5,6% (IC 95%: 3,4-8,7) en la región peneana y 0,3% (IC95%: 0,008-1,7) en la región bucal. Estos hallazgos reflejan una variabilidad en la distribución del genotipo en los diferentes sitios anatómicos. La importancia de identificar portadores de este genotipo es crucial ya que el VPH-AR 16 ha sido ampliamente reconocido en la literatura como uno de los principales causantes de lesiones preneoplásicas en las regiones mencionadas[19–21].

La marcada variabilidad de positividad VPH-AR entre los sitio anal, peneano y bucal podría atribuirse por el tropismo del virus por el epitelio escamoso de la región anal que presenta una zona de transformación similar a la del cuello uterino[22,23]. La evidencia obtenida en la presente investigación indica que el pico de infección de VPH-AR se encuentra en adultos jóvenes alcanzando un 71,4 % en el rango de edad de 18-22 años en la región anal y un 47,9% en el rango de edad 23-27 años en la región peneana, con una tendencia a disminuir conforme aumenta la edad. Estos hallazgos sugieren que la adquisición del virus ocurre tempranamente tras el inicio de la vida sexual activa, en ese mismo sentido un estudio de revisión reporto que el VPH-AR anal aumento desde un 24,4% en edades de 15-18 años hasta 43,9% en el rango de edad de 23-24 años en HSH VIH negativos, sin observarse diferencias significativas en los grupos de 25-34 años y ≥55 años[24]. Por otro lado, otro estudio que evaluó la infección anogenital en HSH VIH negativos constató una alta prevalencia de VPH-AR (infecciones múltiples) en menores de 20 años (60%) sin embargo, también se observó un pico de prevalencia alta después de los 50 años del 75% (curva bimodal)[25].

Un hallazgo significativo fue la alta frecuencia de infecciones múltiples en la región anal de 62,8%(IC 95%: 53,8-71,1), este hallazgo es importante ya que estudios previos han reportado una mayor frecuencia de alteraciones celulares asociadas a infecciones múltiples tanto en ano y cuello uterino[26,27].

Este estudio destaca por ser una de las investigaciones pioneras en Bolivia en documentar la distribución de genotipos de VPH-AR en tres áreas anatómicas de hombres que tienen sexo con hombres VIH negativos, aportando información científica significativa en un escenario previamente caracterizado por una limitada disponibilidad de datos. El estudio evidenció una alta prevalencia de VPH de alto riesgo en hombres que tienen sexo con hombres, con una distribución heterogénea según la región anatómica y el grupo etario. La región anal presentó la mayor frecuencia de infección y un predominio de infecciones múltiples, lo que resalta su relevancia epidemiológica, mientras que la región genital y oral mostraron prevalencias menores y un predominio de infección única. El genotipo VPH-AR 51 fue el más frecuente en los distintos sitios anatómicos evaluados, lo que sugiere su circulación predominante en esta población. Asimismo, la mayor prevalencia observada en edades jóvenes refuerza la importancia de implementar estrategias de prevención (vacunación), detección temprana y vigilancia epidemiológica focalizadas en estas poblaciones a riesgo.

Agradecimientos

Se agradece la participación a los individuos que aportaron información personal y muestras biológicas para la realización del estudio; al equipo del Centro comunitario de la ciudad de Cochabamba. También se agradece a las dras: Jhaneth Torrez Llanos, Noelia Quiñones Cossio, Tatiana Quiroga Ríos y al PhD. Gonzalo Duran Pacheco.

Conflicto de intereses

Los autores declaramos que no existe ningún conflicto de intereses financiero o personal que pudiera haber influido inapropiadamente en el desarrollo de esta investigación o en la redacción de este artículo.

Uso de IA

Durante la preparación de este trabajo, los autores utilizaron ChatGPT, Consensus con el fin de optimizar la búsqueda de literatura académica y verificar la estructura formal del manuscrito.

Referencias bibliográficas

1. Papilomavirus humano y cáncer [Internet]. [citado 10 de febrero de 2025]. Disponible en: https://www.who.int/es/news-room/fact-sheets/detail/human-papilloma-virus-and-cancer

2. Xia C, Li S, Long T, Chen Z, Chan PKS, Boon SS. Current Updates on Cancer-Causing Types of Human Papillomaviruses (HPVs) in East, Southeast, and South Asia. Cancers (Basel). 30 de mayo de 2021;13(11):2691. doi: 10.3390/cancers13112691.

3. HPV reference clones – International Human Papillomavirus Reference Center [Internet]. [citado 30 de diciembre de 2025]. Disponible en: https://www.hpvcenter.se/human_reference_clones/

4. Giuliano AR, Tortolero-Luna G, Ferrer E, Burchell AN, de Sanjose S, Kjaer SK, Muñoz N, Schiffman M, Bosch FX. Epidemiology of Human Papillomavirus Infection in Men, Cancers other than Cervical and Benign Conditions. Vaccine. 19 de agosto de 2008;26:K17-28. doi: 10.1016/j.vaccine.2008.06.021

5. Giuliani M, Gheit T, Rollo F, Tommasino M, Latini A, Benevolo M, et al. Predictors of Oral Infection by Mucosal and Cutaneous Human Papillomaviruses in HIV-Infected and Uninfected Men Who Have Sex with Men of the OHMAR Study. J Clin Med. 25 de junio de 2021;10(13):2804. doi: 10.3390/jcm10132804.

6. Chaturvedi AK, Anderson WF, Lortet-Tieulent J, Curado MP, Ferlay J, Franceschi S, et al. Worldwide Trends in Incidence Rates for Oral Cavity and Oropharyngeal Cancers. J Clin Oncol. 20 de diciembre de 2013;31(36):4550-9. doi: 10.1200/JCO.2013.50.3870.

7. Burd EM. Human Papillomavirus and Cervical Cancer. Clin Microbiol Rev. enero de 2003;16(1):1-17. doi: 10.1128/CMR.16.1.1-17.2003.

8. Prétet JL, Baraquin A, Barret AS, Bercot B, Rahib D, Lydié N, et al. Anal and oropharyngeal HPV distribution in HIV-negative multipartner MSM using self-sampling kits for HIV and sexually transmitted infection screening. J Med Virol. septiembre de 2023;95(9):e29068. doi: 10.1002/jmv.29068.

9. Bruni L, Albero G, Rowley J, Alemany L, Arbyn M, Giuliano AR, et al. Global and regional estimates of genital human papillomavirus prevalence among men: a systematic review and meta-analysis. Lancet Glob Health. 1 de septiembre de 2023;11(9):e1345-e1362. doi: 10.1016/S2214-109X(23)00305-4.

10. Meites E, Wilkin TJ, Markowitz LE. Review of human papillomavirus (HPV) burden and HPV vaccination for gay, bisexual, and other men who have sex with men and transgender women in the United States. Hum Vaccines Immunother. 18(1):2016007. doi: 10.1080/21645515.2021.2016007.

11. King EM, Oomeer S, Gilson R, Copas A, Beddows S, Soldan K, et al. Oral Human Papillomavirus Infection in Men Who Have Sex with Men: A Systematic Review and Meta-Analysis. PLOS ONE. 6 de julio de 2016;11(7):e0157976. doi: 10.1371/journal.pone.0157976.

12. Baba SK, Alblooshi SSE, Yaqoob R, Behl S, Al Saleem M, Rakha EA, et al. Human papilloma virus (HPV) mediated cancers: an insightful update. J Transl Med. 29 de abril de 2025;23:483. doi: 10.1186/s12967-025-06470-x.

13. Szymonowicz KA, Chen J. Biological and clinical aspects of HPV-related cancers. Cancer Biol Med. 15 de noviembre de 2020;17(4):864-78. doi: 10.20892/j.issn.2095-3941.2020.0370.

14. Mooij SH, Boot HJ, Speksnijder AGCL, Stolte IG, Meijer CJLM, Snijders PJF, et al. Oral human papillomavirus infection in HIV-negative and HIV-infected MSM. AIDS. 24 de agosto de 2013;27(13):2117-28. doi: 10.1097/QAD.0b013e328362395c.

15. van Aar F, Mooij SH, van der Sande MAB, Speksnijder AGCL, Stolte IG, Meijer CJLM, et al. Anal and penile high-risk human papillomavirus prevalence in HIV-negative and HIV-infected MSM. AIDS. 28 de noviembre de 2013;27(18):2921-31. doi: 10.1097/01.aids.0000432541.67409.3c.

16. HPV INFORMATION CENTRE [Internet]. [citado 29 de enero de 2026]. Disponible en: https://hpvcentre.net/datastatistics.php

17. Farahmand M, Monavari SH, Tavakoli A. Prevalence and genotype distribution of human papillomavirus infection in different anatomical sites among men who have sex with men: A systematic review and meta-analysis. Rev Med Virol. noviembre de 2021;31(6):e2219. doi: 10.1002/rmv.2219.

18. One in three men worldwide are infected with genital human papillomavirus [Internet]. [citado 3 de febrero de 2026]. Disponible en: https://www.who.int/news/item/01-09-2023-one-in-three-men-worldwide-are-infected-with-genital-human-papillomavirus?utm_source

19. Palefsky JM. HPV Infection in Men. Dis Markers. enero de 2007;23(4):261-72. doi: 10.1155/2007/159137.

20. Garolla A, Graziani A, Grande G, Ortolani C, Ferlin A. HPV-related diseases in male patients: an underestimated conundrum. J Endocrinol Invest. 2024 Feb;47(2):261-74. doi: 10.1007/s40618-023-02192-3.

21. Lin C, Franceschi S, Clifford GM. Human papillomavirus types from infection to cancer in the anus, according to sex and HIV status: a systematic review and meta-analysis. Lancet Infect Dis. febrero de 2018;18(2):198-206. doi:10.1016/S1473-3099(17)30653-9.

22. Egawa N, Egawa K, Griffin H, Doorbar J. Human Papillomaviruses; Epithelial Tropisms, and the Development of Neoplasia. Viruses. 16 de julio de 2015;7(7):3863-90. doi:10.3390/v7072802.

23. Assarzadegan N, Brooks E, Voltaggio L. HPV-driven anal neoplasia: review and recent developments. Pathology. 2022 Mar;54(2):184-194. doi: 10.1016/j.pathol.2021.07.003.

24. Wei F, Gaisa MM, D'Souza G, Xia N, Giuliano AR, Hawes SE, et al. Epidemiology of anal human papillomavirus infection and high-grade squamous intraepithelial lesions in 29 900 men according to HIV status, sexuality, and age: a collaborative pooled analysis of 64 studies. Lancet HIV. 30 de julio de 2021;8(9):e531-43. doi:10.1016/S2352-3018(21)00108-9.

25. Liu H, Duan S, Chu W, Yang R, Wei L, Zhang S. Age-specific prevalence of multiple human papillomavirus infections in a clinical cohort of men: a cross-sectional study in Shenzhen, China. Emerg Microbes Infect. 15(1):2608402. doi:10.1080/22221751.2025.2608402.

26. Kim SY, Hwang KA, Ann JH, Kim JH, Nam JH. Next-generation sequencing for typing human papillomaviruses and predicting multi-infections and their clinical symptoms. Microbiol Immunol. 2021;65(7):273-8. doi:10.1111/1348-0421.12891.

27. Cheng SH, Liao KS, Wang CC, Cheng CY, Chu FY. Multiple types of human papillomavirus infection and anal precancerous lesions in HIV-infected men in Taiwan: a cross-sectional study. BMJ Open. 27 de enero de 2018;8(1):e019894. doi:10.1136/bmjopen-2017-019894.