

Distribuição dos genótipos do Papilomavírus Humano (HPV) em mulheres atendidas em clínica privada: implicações para estratégia do rastreamento do câncer do colo do útero

Distribution of Human Papillomavirus (HPV) genotypes in women attending a private clinic: Implications for cervical cancer screening strategy

Nayara Santos de Oliveira¹ , Renata Miriam Nunes Eleutério^{2,3} , Maria Natalice Lima da Silva³ , José Eleutério Junior³ 

1. Discente do Programa de Pós-Graduação em Patologia, Universidade Federal do Ceará (UFC), Fortaleza, CE, Brasil. 2. Docente do Curso de Biomedicina, Universidade Christus (Unichristus), Fortaleza, CE, Brasil. 3. Laboratório Professor Eleutério. Fortaleza, CE, Brasil. 4. Docente do Programa de Pós-Graduação em Patologia, Universidade Federal do Ceará (UFC), Fortaleza, CE, Brasil.

Resumo

Objetivo: avaliar a prevalência e a distribuição dos genótipos de HPV em mulheres atendidas em clínicas privadas no estado do Ceará, Brasil. **Métodos:** estudo transversal incluindo 3.920 amostras cervicais analisadas durante o ano de 2023, oriundas de várias clínicas privadas. As amostras foram analisadas usando kit Allplex™ HPV28 Detection (Seegene). Foram avaliadas a prevalência de casos positivos, de cada genótipo pesquisado e a associação entre os genótipos. **Resultados:** a prevalência geral de HPV foi de 29,2% (n=1.143). Entre as os casos de HPV detectado, 61,3% apresentaram detecção de um único genótipo, e 38,7% detecção de múltiplos genótipos. O DNA-HPV de alto risco foi identificado em 43,9% das amostras positivas, com destaque para HPV 54 (5,8%), HPV 53 (5,4%) e HPV 52 (5,2%). A maior proporção de resultados detectáveis para DNA-HPV foi observada entre mulheres com menos de 25 anos (45,8%), seguida pela faixa etária de 25 a 34 anos (37,1%). **Conclusão:** a alta prevalência de genótipos oncogênicos, especialmente o HPV-52, destaca a necessidade de vigilância epidemiológica contínua e de novos estudos correlacionando esses genótipos com o risco de lesão pré-invasiva e invasiva do colo uterino.

Palavras-chave: papilomavírus; câncer cervical; cenótipos; epidemiologia; molecular.

Abstract

Objective: to evaluate the prevalence and distribution of HPV genotypes in women from Ceará who were treated in private. **Methods:** a cross-sectional study including 3,920 cervical samples analyzed during the year 2023, from various private clinics. The samples were analyzed using the Allplex™ HPV28 Detection kit (Seegene). We assessed the prevalence of positive cases, each genotype detected, and genotype associations. **Results:** the overall prevalence of HPV was 29.2% (n = 1,143). Among HPV-positive cases, 61.3% showed single-genotype detection and 38.7% showed multiple-genotype detection. High-risk HPV DNA was identified in 43.9% of the samples, with higher frequencies for HPV 54 (5.8%), HPV 53 (5.4%), and HPV 52 (5.2%). The highest proportion of detectable HPV DNA results was observed in women under 25 years of age (45.8%), followed by those aged 25 to 34 years (37.1%). **Conclusion:** the high prevalence of oncogenic genotypes, especially HPV-52, highlights the need for continuous epidemiological surveillance and further studies correlating these genotypes with the risk of pre-invasive and invasive cervical lesions.

Keywords: human papillomavirus; cervical cancer; genotypes; molecular epidemiology.

INTRODUÇÃO

O câncer do colo do útero permanece um importante problema de saúde pública, especialmente em países de baixa e média renda, responsável por, aproximadamente, 662.301 novos casos e 348.874 óbitos anuais no mundo¹. No Brasil, o câncer do colo do útero ocupa a terceira posição entre os tumores mais incidentes na população feminina, com projeção de 17.010 novos casos anuais entre 2023 e 2025. Em 2021, a mortalidade associada à doença foi de 4,5 por 100 mil mulheres, com maior concentração de óbitos nas regiões Norte e Nordeste do país².

A infecção persistente por Papilomavírus humano (HPV) é fator causal central na carcinogênese cervical (3). Genótipos de alto risco, como HPV-16 e HPV-18, em estudos mundiais, estão associados a aproximadamente 70% dos casos de carcinoma escamoso, enquanto tipos de baixo risco, como HPV-6 e HPV-

11, estão associados a verrugas anogenitais^{4,5,6}.

Historicamente, o rastreamento do câncer de colo do útero no Brasil baseou-se no exame citológico (papanicolaou). Contudo, em 2024, o Ministério da Saúde iniciou o processo de incorporação dos testes moleculares de HPV reação de cadeia da polimerase (PCR) ao Sistema Único de Saúde (SUS), como método primário de rastreamento para mulheres de 25 a 64 anos⁵. Essa mudança se deve a maior sensibilidade diagnóstica do teste molecular e reforça a necessidade de conhecer a distribuição genotípica regional, subsidiando estratégias de prevenção e vacinação.

Este estudo teve como objetivo analisar a prevalência e a distribuição dos genótipos de HPV em mulheres atendidas em

Correspondente: Nayara Santos de Oliveira. E-mail: nayarasantos@gmail.com

Conflito de interesse: Os autores declaram não haver conflito de interesse

Recebido em: 30 Jan 2026; Revisado em: 26 Ago 2026; Aceito em: 4 Set 2026

2 Distribuição dos genótipos de HPV em mulheres atendidas em clínica privada

clínicas privadas no estado do Ceará.

MÉTODOS

Desenho do Estudo e População

Estudo transversal que incluiu todas as amostras cervicais de mulheres atendidas em clínicas privadas no estado do Ceará submetidas ao teste molecular para HPV entre janeiro e dezembro de 2023, em um laboratório de Fortaleza (CE). Foram excluídas gestantes, puérperas, mulheres hysterectomizadas, com histórico prévio de câncer, tratamento recente de patologia urogenital ou submetidas a procedimentos ablativos/excisionais nos últimos 12 meses.

Procedimentos Laboratoriais

A genotipagem foi realizada com o kit Allplex™ HPV28 Detection (Seegene Brazil), que identifica simultaneamente 28 genótipos (19 de alto risco: 16, 18, 26, 31, 33, 35, 39, 45, 51, 52, 53, 56, 58, 59, 66, 68, 69, 73 e 82; e 9 de baixo risco: 6, 11, 40, 42, 43, 44, 54, 61 e 70). As reações foram processadas em CFX96™ Real-Time PCR System (Bio-Rad), com análise pelo software Seegene Viewer.

Análise Estatística

Os dados foram analisados em frequências absoluta e relativa, abrangendo a estimativa da prevalência global, as proporções de detecções únicas e codetecções, além da distribuição dos genótipos conforme o risco oncogênico. Aspectos éticos

O estudo foi aprovado pelo Comitê de Ética em Pesquisa da Universidade Christus por meio do parecer nº 5.917.586.

RESULTADOS

Prevalência Geral

No total, 3.920 amostras foram analisadas no ano de 2023.

Entre as participantes a média de idade foi de 37,6 ± 10,8 anos.

Destas, 2.777 (70,8%) não apresentaram detecção de DNA-HPV, enquanto 1.143 (29,2%) foram positivas para o vírus. Entre as amostras positivas, 695 (60,8%) exibiram DNA-HPV de um único genótipo, e 448 (39,2%) apresentaram dois ou mais genótipos virais (tabela 1).

Tabela 1. Distribuição geral dos resultados da detecção do DNA-HPV nas amostras analisadas (n= 3.920).

Categoria	N	%
Não detectado	2.777	70,8
Detectado	1.143	29,2
Detectado um genótipo	695	60,8
Detectado ≥ 2 genótipos	448	39,2

Ao analisar a distribuição das amostras por faixa etária, observou-se que a maior proporção de resultados positivos para DNA-HPV ocorreu entre mulheres com menos de 25 anos (45,8%), seguida pelo grupo de 25 a 34 anos (37,1%). Em contraste, as menores frequências de detecção foram registradas nas faixas etárias de 45 a 54 anos (21,3%) e ≥55 anos (16,1%), indicando uma tendência de redução da positividade com o avanço da idade (tabela 2).

Entre as 1.143 amostras positivas para DNA-HPV, 502 (43,9%) apresentaram detecção exclusiva por genótipos de alto risco, enquanto 193 (16,9%) corresponderam a genótipos de baixo risco.

Genótipos Identificados

Na análise das amostras com detecção de apenas um genótipo de DNA-HPV, observou-se predominância de genótipos de alto risco oncogênico, com maior frequência do HPV-16, identificado em 54 amostras (4,7%), seguido pelos HPV-52 e HPV-54, ambos detectados em 50 amostras (4,37%) (tabela 3).

Tabela 2. Distribuição das amostras segundo faixa etária e detecção de DNA-HPV (n= 3.920)*

Faixa Etária	Não detectável	% Não detectável	Detectável	% Detectável
<25	150	54,20	127	45,80
25-34	724	62,90	428	37,10
35-44	781	75,80	249	24,20
45-54	380	78,70	103	21,30
>55	245	83,90	47	16,10

* 497 mulheres não tinham dados de idade.

3 Distribuição dos genótipos de HPV em mulheres atendidas em clínica privada

Tabela 3. Distribuição dos genótipos de HPV de alto risco oncogênico identificados nas amostras positivas (n = 1.143)

DNA - HPV	N	(%)
HPV 16	54	4,7
HPV 52	50	4,4
HPV 54	50	4,4
HPV 31	44	3,9
HPV 53	41	3,6
HPV 66	38	3,3
HPV 56	37	3,2
HPV 51	34	3,0
HPV 61	34	3,0
HPV 68	33	2,9
HPV 35	26	2,3
HPV 58	24	2,1
HPV 73	19	1,7
HPV 18	18	1,6
HPV 39	18	1,6
HPV 45	17	1,5
HPV 69	13	1,1
HPV 82	12	1,1
HPV 33	11	1,0
HPV 59	11	1,0
HPV 26	2	0,2

Os genótipos de baixo risco oncogênico apresentaram menor frequência relativa, sendo representados principalmente pelos HPV-6 e HPV-42, ambos detectados em 25 amostras (2,2%), seguidos pelo HPV-44, identificado em 20 amostras (1,7%) (tabela 4).

Tabela 4. Distribuição dos genótipos de HPV de baixo risco identificados nas amostras positivas (n = 1.143)

DNA - HPV	N	(%)
HPV 6	25	2,2
HPV 42	25	2,2
HPV 44	20	1,8
HPV 70	13	1,1
HPV 43	12	1,1
HPV 40	10	0,9
HPV 11	4	0,4

Do total de 1.143 amostras positivas para HPV, 448 (39,2%) apresentaram detecção de múltiplos genótipos. Considerando o total de positivos, a categoria mais frequente foi a codetecção envolvendo simultaneamente genótipos de alto e baixo risco

oncogênico, com 345 casos (30,2%), seguida por infecções compostas exclusivamente por múltiplos genótipos de alto risco, com 81 amostras (7%), e por infecções formadas apenas por genótipos de baixo risco, com 22 casos (2%). De modo geral, os genótipos de alto risco estiveram presentes na maior parte das codetecções, reforçando sua predominância epidemiológica e potencial relevância clínica.

DISCUSSÃO

O presente estudo revelou uma prevalência de DNA-HPV de 29,2% nas amostras analisadas. Em comparação, estudos realizados na região Nordeste do Brasil relataram valores superiores, o que pode ser parcialmente explicado por diferenças no perfil etário, na origem e nas características clínicas das populações estudadas. Nesse contexto, Farias e colaboradores identificaram uma taxa de detecção de 50% em mulheres que buscaram atendimento no SUS para avaliação ginecológica no estado de Alagoas, sendo o HPV-16 o genótipo mais prevalente (35,7%), seguido pelo HPV-58 (14,3%), o que evidencia a expressiva circulação de genótipos não contemplados pelas vacinas atualmente disponibilizadas pelo SUS. Em contrapartida, o HPV-18, apesar de incluído nas vacinas, apresentou baixa prevalência, sugerindo diferenças regionais na circulação viral ou possíveis lacunas na proteção vacinal (7). De forma semelhante, Miranda e colaboradores, ao avaliarem mulheres atendidas pelo SUS em Pernambuco com diagnóstico histopatológico confirmado de lesões cervicais, observaram uma prevalência de infecção por HPV de 57,3%, com 42,7% das amostras apresentando infecção única e 57,3% infecção múltipla, reforçando a elevada frequência de coinfeções em populações com alterações cervicais (8). Adicionalmente, uma metanálise demonstrou que variações regionais no comportamento sexual, na cobertura vacinal e no acesso aos programas de rastreamento podem influenciar, de forma significativa, as discrepâncias observadas entre estudos epidemiológicos, especialmente em diferentes contextos populacionais⁹.

Em estudo transversal realizado com mulheres submetidas ao rastreamento citológico de rotina em Belém, Pará, cuja população apresentou idade média de 37,5 anos, foi observada prevalência global de HPV de 17,3%, assemelhando-se aos nossos achados, com predomínio de genótipos de baixo risco (71,4%). Destaca-se, entretanto, a detecção de genótipos de alto risco em 8,2% das mulheres com citologia normal¹⁰.

Na Argentina, estudo conduzido com adolescentes não vacinadas, sexualmente ativas, com idades entre 15 e 17 anos, demonstrou elevada prevalência de infecção pelo HPV (56,3%), com 42,2% das detecções correspondendo a genótipos de alto risco, refletindo o pico da detecção viral logo após o início da vida sexual¹¹. Em contrapartida, uma investigação realizada no mesmo país, em uma população composta por mulheres com alterações citológicas e ampla faixa etária (15 a 73 anos),

4 Distribuição dos genótipos de HPV em mulheres atendidas em clínica privada

evidenciou prevalência progressivamente maior de HPV conforme a gravidade da lesão, sendo 48,2% nos casos de ASC-US (células escamosas atípicas de significado indeterminado), 66,5% nas LSIL (lesões intraepiteliais escamosas de baixo grau) e 82,6% nas HSIL (lesões intraepiteliais escamosas de alto grau). O HPV-16 foi o genótipo mais prevalente em todos os grupos analisados. Quanto às infecções múltiplas por HPV, essas foram observadas em 9,6% dos casos de ASC-US, 14,3% das LSIL e 11,4% das HSIL, indicando frequência relativamente constante desse padrão independentemente do grau da lesão¹².

No Chile, um estudo conduzido com mulheres sexualmente ativas, com idades entre 18 e 64 anos, recrutadas em serviços públicos de atenção primária durante consultas ginecológicas de rotina, identificou uma prevalência global de infecção por HPV de 11,1%, sendo 9,7% atribuída a genótipos de alto risco oncogênico e 3,2% a genótipos de baixo risco. A análise estratificada por faixa etária demonstrou maior prevalência da infecção em mulheres mais jovens, especialmente entre aquelas com ≤ 20 anos (19,5%) e 21–30 anos (22,9%), seguida por uma redução progressiva da positividade com o avanço da idade¹⁴. Esses achados são concordantes com os resultados observados no presente estudo, reforçando o padrão etário de maior exposição e susceptibilidade à detecção pelo HPV em mulheres jovens.

Eventuais diferenças refletem não apenas características demográficas distintas, mas também desigualdades no acesso aos programas de rastreamento, variações nas taxas de vacinação e diferenças nos métodos laboratoriais utilizados para a detecção do HPV (9), estudos de prevalência demonstram que a detecção do DNA-HPV em amostras cervicais apresenta variações significativas entre diferentes regiões geográficas¹⁵.

No presente estudo, a maior proporção de resultados detectáveis para DNA-HPV foi observada nas mulheres com menos de 25 anos (45,8%), seguida pela faixa de 25 a 34 anos (37,1%). A positividade reduziu progressivamente com o aumento da idade, atingindo 24,2% entre 35–44 anos, 21,3% entre 45–54 anos e 16,1% nas participantes com mais de 55 anos. Esse padrão indica uma tendência decrescente da detecção viral com o avanço da idade, comportamento amplamente descrito na literatura e compatível com a não detecção do HPV após determinado tempo¹⁶. Assim, considerar a possibilidade de latência viral, na qual o HPV pode persistir mesmo após a regressão clínica das lesões, permanecendo em células basais com expressão viral mínima e sem manifestações visíveis, podendo reativar-se posteriormente. Nesse contexto, a detecção do HPV em mulheres com idade acima de 55 anos pode refletir tanto novas infecções quanto a reativação de infecções latentes previamente adquiridas¹⁷.

A detecção de múltiplos genótipos do HPV ocorreu em 77% dos casos, evidenciando uma elevada frequência de codetecções na população avaliada. Estudos nacionais já haviam apontado taxas expressivas de detecção simultânea de múltiplos genótipos, como observado nas regiões Sul e Norte do Brasil,

com prevalências de 42% e 41,3%, respectivamente^{15,19}. A ocorrência de codetecções por diferentes tipos virais é um fenômeno comum em distintos contextos epidemiológicos, embora a natureza transversal deste estudo não permita estabelecer relações causais ou avaliar sua implicação direta na evolução clínica.

Nesta análise, a frequência de detecção de múltiplos genótipos de alto risco foi de 18,1%, reforçando a elevada circulação de variantes oncogênicas já observada em diferentes regiões^{11, 12, 13, 14, 20}. Achados similares foram descritos por Chagas e colaboradores em estudo realizados com mulheres submetidas ao rastreamento citológico, no qual foi observada prevalência geral de detecção do HPV de 62,3%. As múltiplas detecções estiveram presentes em 38,7% das mulheres avaliadas, sendo 15,7% compostas exclusivamente por genótipos de alto risco, enquanto os demais casos envolveram associações entre genótipos de alto e baixo risco. A análise por faixa etária demonstrou maior prevalência de HPV em mulheres mais jovens, especialmente naquelas com menos de 30 anos, tanto no grupo com citologia normal (62,7%) quanto nos grupos com LSIL (78,8%) e HSIL (89,5%), com redução progressiva da positividade nas faixas etárias mais avançadas, associação estatisticamente significativa ($p < 0,001$). Os autores também relataram predominância de genótipos oncogênicos, especialmente o HPV-16, tanto em infecções simples quanto múltiplas, associados à presença de LSIL e HSIL, configurando um cenário que demanda maior vigilância clínica em razão do potencial oncogênico envolvido²¹. Resultados ainda mais expressivos foram relatados em Manaus em que 54,9% das amostras apresentaram detecção de múltiplos genótipos de HPV²².

Considerando que evidências apontam possível sinergismo entre genótipos de alto risco, mecanismo que pode favorecer a persistência viral e aumentar a probabilidade de desenvolvimento de HSIL, esses achados ressaltam a necessidade de estratégias de vigilância contínua, especialmente em populações com maior risco de exposição ou com acompanhamento ginecológico irregular²³.

A segunda maior frequência dos genótipos HPV-52 e HPV-54 observada em nossa amostra é consistente com relatórios recentes que apontam o HPV-52 entre os tipos de maior circulação em diferentes contextos populacionais, inclusive no Brasil^{23,24}. Em estudo realizado em Vitória (ES) entre 2021 e 2022, os genótipos 58, 68 e 52 figuraram entre os mais prevalentes em mulheres atendidas pelo SUS, reforçando a relevância regional do HPV-52 para estratégias de vigilância epidemiológica e rastreamento molecular²⁵.

Em nível global, estudos de análises sistemáticas apontam o genótipo HPV52 associado à persistência e ao risco de HSIL, frequentemente ao lado de HPV 16, 31 e 35, o que demonstra sua importância e impacto clínico para a população feminina (26, 31). Estimativas atualizadas demonstram aumento da detecção do DNA-HPV de alto risco em nível mundial, com o

5 Distribuição dos genótipos de HPV em mulheres atendidas em clínica privada

HPV-16 ainda na liderança, mas com participação relevante de genótipos adicionais cobertos por vacinas ampliadas²⁷.

Em São Paulo, em um estudo com mulheres privadas de liberdade, o genótipo HPV-16 foi o mais frequente, seguido pelos tipos HPV-33 e HPV-52, o que reforça que o 16 continua predominando em populações vulneráveis²⁷. Na Europa, dados recentes provenientes de programas de rastreamento cervical, incluindo populações vacinadas contra o HPV, indicam que, apesar da redução substancial na circulação dos genótipos vacinais, o HPV-16 permanece como o principal genótipo associado às lesões intraepiteliais de alto grau, evidenciando sua supremacia oncogênica mesmo em cenários de elevada cobertura vacinal²⁸. Isso contrasta com o cenário asiático, em que os genótipos HPV-52/58 têm ganhado maior expressão²⁹. Como contraponto um, estudo realizado no México encontrou maior frequência de HPV-59, seguido pelos tipos HPV-31, HPV-16 e HPV-51 evidência clara de heterogeneidade geográfica relevante para a interpretação comparativa entre populações e para a modelagem do impacto vacinal³⁰.

O perfil dos genótipos mais prevalentes encontrados neste estudo tem implicações diretas para a prevenção, embora o SUS disponibilize rotineiramente a vacina quadrivalente (HPV-6, 11, 16, 18), a formulação nonavalente que inclui os genótipos HPV 31, 33, 45, 52 e 58 está aprovada pela Agência Nacional de Vigilância Sanitária e acessível na rede privada no Brasil, porém

ainda não incorporada ao programa nacional de imunização³¹. A circulação elevada do HPV-52 sugere que a ampliação do acesso à vacina nonavalente poderia agregar benefício incremental na prevenção de lesões relacionadas a genótipos não cobertos pela quadrivalente, no entanto são necessários estudos com identificação de HPV de alto risco entre mulheres com lesão intraepitelial escamosa de alto grau e carcinoma escamoso.

Com a incorporação dos testes de amplificação de ácido nucleico (NAAT) no rastreamento brasileiro, torna-se essencial compreender a distribuição dos genótipos regionais. Os dados apresentados reforçam a importância da tipagem molecular como ferramenta de estratificação de risco e apoio à tomada de decisão clínica, contribuindo para o uso racional de colposcopias e tratamentos invasivos.

CONCLUSÃO

O estudo revelou uma prevalência significativa de HPV (29,2%) na população avaliada, com destaque para a predominância do HPV-16, seguido pelo HPV-52 e 54. A alta taxa de múltiplas detecções de genótipos, especialmente com genótipos de alto risco, reforça a necessidade de vigilância contínua. Esses achados têm relevância direta para as novas diretrizes nacionais de rastreamento, que incorporam a NAAT, e para a avaliação do impacto da vacinação, subsidiando políticas públicas voltadas à prevenção do câncer do colo do útero no Brasil.

REFERÊNCIAS

1. GLOBOCAN. Cervical cancer: global incidence and mortality [Internet]. Lyon: International Agency for Research on Cancer; 2022 [cited 2026 Jun 16]. Available from: <https://gco.iarc.fr/today>.
2. Benício LB, Santos JG, Caldeira NM, Mendes LM, Carbogim FC, Gomes-Sponholz FA, et al. Descriptive analysis of cervical cytology coverage in Brazil: a study from 2018 to 2023. *Esc Anna Nery*. 2024;28. doi: 10.1590/2177-9465-EAN-2024-0072en.
3. Instituto Nacional de Câncer. Câncer do colo do útero [Internet]. Rio de Janeiro: INCA; 2022 [cited 2026 Jun 16]. Available from: <https://www.gov.br/inca/pt-br/assuntos/cancer/tipos/colo-do-uterio>.
4. Wolf J, Kist LF, Pereira SB, Quesada MA, Petek H, Pille A, et al. Human papillomavirus infection: epidemiology, biology, host interactions, cancer development, prevention, and therapeutics. *Rev Med Virol*. 2024May;34(3). doi: 10.1002/rmv.2537.
5. Brito BJS, Brito MS, Souza AM. Cobertura e efeitos da imunização contra o HPV pelo mundo: uma revisão de literatura. *Braz J Implantol Health Sci*. 2024Dec;6(12):2583-2589. doi: 10.36557/2674-8169.2024v6n12p2583-2589.
6. Bakir A, Alacam S, Karabulut N, Beka H, Ozluk Y, Yilmazbayhan D, et al. Evaluation of human papillomavirus genotype distribution in cervical samples. *J Cytol*. 2021Jan-Mar;38(1):44-49. doi: 10.4103/JOC.JOC_19_19.
7. Farias KF, Moura EL, Silva AF, Tanabe IS, Tanabe EL, Silva DM, et al. Prevalence of human papillomavirus genotypes in women treated by the Unified Health System in a population from Northeast Brazil. *Diversitas J*. 2020;5(4):2942-2947.
8. Miranda PJ, Chagas BS, Coelho MR, Silva JC Neto. Correlation between human papillomavirus infection and histopathological diagnosis of women in Northeast Brazil. *J Med Virol*. 2020Dec;92(12):3799-3806. doi: 10.1002/jmv.26101.
9. Colpani V, Falcetta FS, Bidinotto AB, Kops NL, Falavigna M, Hammes LS, et al. *J. Health Biol Sci*. 2026; 14(1): e6345
10. Monteiro JC, Tsutsumi MY, Carvalho DO, Costa EC, Feitosa RN, Laurentino RV, et al. Prevalence, diversity, and risk factors for cervical HPV infection in women screened for cervical cancer in Belém, Pará, Northern Brazil. *Pathogens*. 2022Sep;11(9):960. doi: 10.3390/pathogens11090960.
11. Wendland EM, Villa LL, Unger ER, Domingues CM, Benzaken AS, POP-Brazil Study Group. Prevalence of HPV infection among sexually active adolescents and young adults in Brazil: the POP-Brazil study. *Sci Rep*. 2020Mar;10(1):4920. doi: 10.1038/s41598-020-61582-2.
12. Balanda M, Quiero A, Vergara N, Espinoza G, San Martin H, Rojas G, et al. Prevalence of human papillomavirus infection among women presenting for cervical cancer screening in Chile, 2014-2015. *Med Microbiol Immunol*. 2016Dec;205(6):585-594. doi: 10.1007/s00430-016-0473-y.
13. González JV, Deluca GD, Liotta DJ, Correa RM, Basiletti JA, et al. Baseline prevalence and type distribution of human papillomavirus in sexually active non-vaccinated adolescent girls from Argentina. *Rev Argent Microbiol*. 2021Jan-Mar;53(1):11-19. doi: 10.1016/j.ram.2020.06.004.
14. Brebi P, Ili CG, Andana A, Menzel D, Lopez J, Guzman P, et al. Frequency of human papillomavirus in women attending cervical cancer screening program in Chile. *BMC Cancer*. 2017Aug;17:518. doi: 10.1186/s12885-017-3496-x.
15. Suehiro TT, Gimenes F, Souza RP, Taura SK, Cestari RC, Irie MM, et al. High molecular prevalence of HPV and other sexually transmitted infections in a population of asymptomatic women who work or study at a Brazilian university. *Rev Inst Med Trop Sao Paulo*. 2021Jan;63. doi: 10.1590/S1678-9946202163001.
16. Bruno A, Serravalle K, Travassos AG, Lima BG. Distribution of human papillomavirus genotypes in women from the state of Bahia, Brazil. *Rev Bras Ginecol Obstet*. 2014Sep;36(9):416-422. doi: 10.1590/S0100-

6 Distribuição dos genótipos de HPV em mulheres atendidas em clínica privada

720320140004995.

17. Doorbar J. The human papillomavirus twilight zone: latency, immune control and subclinical infection. *Tumour Virus Res.* 2023Dec;16:200268. doi: 10.1016/j.tvr.2023.200268.

18. Deluca GD, Marín HM, Blanco NS, Basiletti J, González JV, Merino AL, et al. Distribution of human papillomavirus genotypes in women with cervical alterations from North Argentina. *Indian J Med Microbiol.* 2013Apr-Jun;31(2):138-141.

19. Vieira RC, Monteiro JS, Manso EP, Santos MR, Tsutsumi MY, Ishikawa EA, et al. Prevalence of type-specific HPV among female university students from Northern Brazil. *Infect Agents Cancer.* 2015Jul;10:21. doi: 10.1186/s13027-015-0017-x.

20. Tsakogiannis D, Zografos E, Tzioga L, Zografos CG, Zagouri F, Bletsas G. Prevalence and genotype distribution of high-risk HPV genotypes among women in Greece: a retrospective analysis of 3500 women. *Cancers (Basel).* 2025Apr;17(8):1267. doi: 10.3390/cancers17081267.

21. Chagas BS, Comar M, Gurgel AP, Paiva S, Seraceni S, Freitas AC, et al. Association study between cervical lesions and single or multiple vaccine-target and non-vaccine target human papillomavirus (HPV) types in women from Northeastern Brazil. *PLoS One.* 2015Jul;10(7). doi: 10.1371/journal.pone.0132570.

22. Fantin C, Freitas JB, Teles HF, Oliveira BAS, Brito DV. High prevalence of HPV 18 and multiple infections with oncogenic HPV genotypes in women at risk of cervical cancer examined in Manaus, Brazil. *Braz J Med Biol Res.* 2023May;56. doi: 10.1590/1414-431X2023e12720.

23. Resende LS, Rabelo-Santos SH, Sarian LO, Alves RR, Ribeiro AA, Zeferino LC, et al. A portrait of single and multiple HPV type infections in Brazilian women of different age strata with squamous or glandular cervical lesions. *BMC Infect Dis.* 2014Apr;14:214. doi: 10.1186/1471-2334-14-214.

24. Volpini LP, Dias JA, Freitas LB, Silva MC, Miranda AE, Spano LC, et al. Viral

load and high prevalence of HR-HPV52 and 58 types in black women from rural communities. *BMC Infect Dis.* 2021Apr;21:362. doi: 10.1186/s12879-021-06042-6.

25. Rocha WP, Reuter T, Gaspar PC, Leitão FN, Barille G, Boldrini NA, et al. Prevalence and associated factors of high-risk human papillomavirus infection in women living with HIV/AIDS in a referral center: cross-sectional study, Vitória, Brazil, 2021-2022. *Epidemiol Serv Saude.* 2025;34.

26. Zhao M, Kang P, Zhu L, Zhou D, Cui M, Zhang M, et al. Global pattern of persistent human papillomavirus infection in female genital tract: an updated systematic review and meta-analysis. *iScience.* 2024Sep;27(10):110991. doi: 10.1016/j.isci.2024.110991.

27. Zonta MA, Liljander A, Roque KB, Schillert A, Kai M, Santo FA, et al. Prevalence of sexually transmitted infections and human papillomavirus in cervical samples from incarcerated women in São Paulo, Brazil: a retrospective single-center study. *Front Public Health.* 2024Jul;12:1353845. doi: 10.3389/fpubh.2024.1353845.

28. Nonboe MH, Napolitano GM, Kann C, Andersen B, Bennetsen MH, Christiansen S, et al. Screening outcome of HPV-vaccinated women: data from the Danish Trial23 cohort study. *PLoS One.* 2024Jun;19(6). doi: 10.1371/journal.pone.0306044.

29. Mai Q, Yang X, Cheng H, Wu G, Wu Z. Prevalence and genotype distribution of human papillomavirus among women with cervical lesions in Shenzhen city, China. *Hum Vaccin Immunother.* 2021Apr;17(4):965-971. doi: 10.1080/21645515.2020.1805993.

30. González-Yebra B, Mojica-Larrea M, Alonso R, González AL, Romero-Morelos P, Taniguchi-Ponciano K, et al. Profile of HPV infections in cervical lesions. *Gac Med Mex.* 2022;158(4):222-228. doi: 10.24875/GMM.M22000679.

31. Forman D, Martel C, Lacey CJ, Soerjomataram I, Lortet-Tieulent J, Bruni L, et al. Global burden of human papillomavirus and related diseases. *Vaccine.* 2012Nov;30(Suppl 5). doi: 10.1016/j.vaccine.2012.07.055.

Como citar este artigo/ How to cite this article:

Oliveira NS, Eleutério RM, Silva MNL, Eleutério J Júnior Distribuição dos Genótipos do Papilomavírus Humano (HPV) em mulheres atendidas em clínica privada: Implicações para estratégia do rastreamento do câncer do colo do útero. *J Health Biol Sci.* 2026; 14(1): e6345