



**AVALIAÇÃO DA CONCORDÂNCIA DA PCR EM TEMPO REAL
(qPCR) FRENTE A METODOLOGIAS COMERCIAIS NA
IDENTIFICAÇÃO DE HPV DOS TIPOS 16, 18, 31 E 33.**

¹Silva, J. G. S. A; ²Freitas; F. B; ³Ferreira, L. S. S; ⁴Lima; E. C. S; ⁵Reis, R. M; ⁶Pereira, T.
F; ⁷Rocha, J. D. S. C; ⁸Oliveira, E. V. G; ⁹Odorizzi, A. N; ¹⁰Silvestre, R. V. D.

¹Discente de Biomedicina. Universidade da Amazônia (UNAMA).
joagabisouzaas@gmail.com. ²Doutorado no Programa de Pós-Graduação em Biologia de
Agentes Infecciosos e Parasitários. Instituto Evandro Chagas (IEC). ³Mestre em
Epidemiologia e Vigilância em Saúde. Instituto Evandro Chagas (IEC). ⁴Discente de
Fisioterapia, Universidade Estadual do Pará (UEPA). ⁵Graduado em Biologia, Instituto
Evandro Chagas (IEC). ⁶Discente de Biomedicina, Universidade da Amazônia (UNAMA).
⁷Discente de Biomedicina, Universidade da Amazônia (UNAMA). ⁸Discente de
Biomedicina, Universidade da Amazônia (UNAMA). ⁹Discente de Biomedicina,
Universidade da Amazônia (UNAMA). ¹⁰Doutor em Biologia Celular, Instituto Evandro
Chagas.

Linha de pesquisa: Virologia.



Resumo

Introdução: A infecção pelo Papilomavírus Humano (HPV) é considerada a infecção sexualmente transmissível mais prevalente no mundo. Cerca de 80% das mulheres sexualmente ativas são predispostas a adquirir a infecção por HPV ao longo da vida. Atualmente, aproximadamente 291 milhões de mulheres em todo mundo estão infectadas, das quais 32% apresentam os subtipos 16, 18 ou ambos, esses sendo considerados os tipos com maior capacidade oncogênica do vírus, conforme descrito na literatura. Testes diagnósticos com alta sensibilidade para detecção do HPV têm potencial para identificar pacientes infectados ou com lesões pré-malignas, especialmente em estágios iniciais, mesmo quando a citologia se apresenta negativa. **Objetivo (s):** Avaliar a concordância entre um teste de diagnóstico molecular (qPCR) e metodologias comerciais utilizadas para a genotipagem do HPV na identificação dos tipos 16, 18, 31 e 33, classificados como de alto risco oncogênico. **Material e Métodos:** Trata-se de um estudo transversal e comparativo. Para a realização deste projeto foram utilizadas inicialmente 95 amostras de DNA provenientes de espécimes do colo uterino. Em seguida, as amostras foram submetidas à genotipagem por meio de kits comerciais, como *HPV Genotyping Test* (Roche), *INNOLipa Genotyping Extra II* (Fujirebio), *Captura Híbrida* (Qiagen) e PCR-RFLP. Posteriormente, essas amostras foram submetidas a metodologia de qPCR com o intuito de comparar a genotipagem anteriormente realizada com os resultados adquiridos por meio da reação da qPCR. **Resultados:** Segundo o valor do teste Kappa, a concordância na detecção dos alvos quando comparada todas as metodologias e as reações realizadas por meio da PCR em tempo real foi de 75,5% o que pode ser considerado como uma boa concordância entre as metodologias. Além disso, a qPCR também foi comparada individualmente a cada uma das metodologias comercial utilizadas para a genotipagem inicial apresentado valores de $k=0,0073$ na comparação ao InnoLipa, $k=0,060$ com a captura híbrida, $k=0,6899$ com o Linear Array e $k=0,719$ com a PCR-RFLP. Além disso, os tipos mais observados nas amostras foram os HPV do tipo 16 (35.48%); e 18 (15.05%) **Conclusão:** Os resultados indicaram que a qPCR apresentou boa concordância em relação às metodologias comerciais tradicionalmente utilizadas para a genotipagem do HPV, sugerindo uma alta confiabilidade dessas metodologias e da qPCR para a detecção dos genótipos de alto risco oncogênico como os HPV's 16, 18, 31 e 33. Além disso, observou-se, maior concordância da qPCR com a metodologia PCR-RFLP. Quanto à distribuição dos tipos virais, os genótipos mais prevalentes nas amostras foram o HPV-16 e o HPV-18, reforçando sua importância na vigilância epidemiológica e no rastreamento de lesões precursoras do câncer cervical.

Palavras-chave: HPV; Biologia Molecular; Detecção; PCR.