·儿少卫生与妇幼保健·

佛山市南海区女性宫颈 HPV 感染及基因型分布的研究

黄翠芳[1,2],周宁[1],吴清华[1],肖维威[1],沈晨光[1],张宝[1],朱利[1],赵卫[1]
1.南方医科大学公共卫生学院广东省热带病研究重点实验室 BSL-3 实验室,广东 广州 510515;
2.南方医科大学第七附属医院,广东 佛山 528244

摘要:目的　了解佛山市南海区女性宫颈人乳头瘤病毒(human papillomavirus,HPV)感染情况,阐明不同宫颈病变中 HPV 基因型的分布规律。**方法**　收集 2020—2024 年在南方医科大学第七附属医院体检或就诊的 28 592 例女性宫颈 HPV 分型结果,统计分析 HPV 亚型感染情况、年龄及临床诊断情况。**结果**　2020—2024 年佛山市南海区女性 HPV 感染呈现显著的年龄"U"型分布(≤20 岁和≥61 岁组感染率高),且以高危型感染为主。高危型 HPV 52、16、58 是本地区宫颈病变的主要致病型别,其中 HPV16 感染率随病变严重程度显著升高。九价疫苗可覆盖本地区 78.26%的宫颈癌相关 HPV 基因型,但预防总体 HPV 感染覆盖率为 42.80%。**结论**　2020—2024 年佛山市南海区女性 HPV 感染模式具有明显的年龄差异,五年感染率呈 U 型演变,建议加强适龄人群筛查与宣教、加强监测与疫苗推广,并持续监测非疫苗覆盖高危型别(如 HPV51、68、39)的流行趋势。

关键词:HPV;基因亚型;感染率;宫颈病变;疫苗接种策略
中图分类号:R737.33　　**文献标志码**:A　　**文章编号**:1003-8507(2025)21-3928-07
DOI:10.20043/j.cnki.MPM.202505199

Prevalence and genotype distribution of cervical HPV infection among females in Nanhai District, Foshan City

HUANG Cui-fang*, ZHOU Ning, WU Qing-hua, XIAO Wei-wei, SHEN Chen-guang, ZHANG Bao, ZHU Li, ZHAO Wei
BSL-3 Laboratory, Key Laboratory of Tropical Disease Research of Guangdong Province, School of Public Health, Southern Medical University, Guangzhou, Guangdong 510515, China

Abstract: Objective To investigate the prevalence of human papillomavirus (HPV) infection among females in Nanhai District, Foshan City, and elucidate the distribution patterns of HPV genotypes across different cervical lesions. **Methods** HPV genotyping results from 28 592 female patients who underwent physical examinations or medical consultations at the Seventh Affiliated Hospital of Southern Medical University between 2020 and 2024 were collected. Statistical analyses were conducted on HPV subtype infection status, age distribution, and clinical diagnosis. **Results** From 2020 to 2024, HPV infection among females in Nanhai District, Foshan City, exhibited a distinct U-shaped age distribution (higher infection rates in the ≤20 and ≥61 age groups), with high-risk types predominating. High-risk HPV types 52, 16, and 58 were identified as the primary pathogenic variants in this region, with HPV16 infection rates showing a significant increase correlating with lesion severity. The 9-valent vaccine could cover 78.26% of cervical cancer-associated HPV genotypes in this region, but its overall HPV infection coverage rate was 42.80%. **Conclusion** The HPV infection pattern among females in Nanhai District, Foshan City from 2020 to 2024 demonstrated significant age-related disparities, with a U-shaped infection rate trend over the five-year period. It is recommended to enhance screening and education for age-eligible populations, strengthen surveillance and vaccine promotion, and continuously monitor the epidemiological trends of non-vaccine-covered high-risk types (e.g., HPV 51, 68, 39).

Keywords: HPV; Genotype; Infection rate; Cervical lesion; Vaccination strategy

宫颈癌位居全球女性恶性肿瘤第四位,2022 年全球新增确诊病例 66.10 万例,相关死亡 34.82 万例[1]。2022 年我国宫颈癌新发病例 15.07 万例,占女性生殖系统恶性肿瘤的 63.8%,年死亡病例达 5.57 万例[2],且年轻化态势显著,发病率与死亡率均上升,防控形势严峻[3]。人乳头瘤病毒(human papillomavirus,HPV)持续感染是诱发宫颈上皮内瘤变(cervical intraepithelial neoplasia,CIN)及宫颈癌的主要原因[4],而 HPV 的感染状况和基因亚型存在地域和人群差

基金项目:国家自然科学基金(32370146);广东省科技计划项目(2021B1212030014);广东省特支计划项目(0720240122);广东省基础与应用基础研究基金(2024A1515010995);广州市基础研究计划项目(2023A03J0810)
作者简介:黄翠芳(1985—),女,本科,副主任技师,研究方向:病原微生物
通信作者:赵卫,E-mail: zhaowei@smu.edu.cn;朱利,E-mail: zhuli@smu.edu.cn;赵卫与朱利为共同通信作者

异，分布情况与民族、生活习惯、环境、文化水平、健康意识等相关[5-6]。我国大陆女性 HPV 总体感染率波动于 15.5%～24.3%区间，不同地域和群体的感染率差异显著[7-10]。本研究统计分析 2020—2024 年佛山市南海地区女性 HPV 感染数据，旨在了解该地区 HPV 的感染现状及基因型分布情况，分析基因型与宫颈病变的关系，以期为该地区宫颈癌防控和疫苗接种策略的制定提供科学依据。

1　资料与方法

1.1　资料来源　收集 2020 年 1 月—2024 年 12 月在南方医科大学第七附属医院接受 HPV 基因分型检测的女性健康体检及就诊人群的临床信息和 HPV 检测结果。纳入标准：居住地为佛山市南海区的女性，有性生活史，自愿接受并首次进行宫颈癌筛查。排除标准：月经期、妊娠期、哺乳期；接受宫颈手术、子宫切除术的患者，或接受下腹部、盆腔内放射治疗患者；接受免疫抑制治疗的患者；合并其他肿瘤疾病或精神类疾病，导致无法采集样本的患者。本研究已获得南方医科大学第七附属医院伦理委员会的审查批准，批件号为（2025）-0013。鉴于数据采用匿名分析，伦理委员会豁免了对患者知情同意的要求。

1.2　HPV 基因分型检测　利用基因扩增技术对宫颈分泌物进行 37 种 HPV 基因分型检测，包括高危型（high-risk human papillomavirus, HR-HPV）14 种（HPV16/18/31/33/35/39/45/51/52/56/58/59/66/68），中危型（intermediate-risk human papillomavirus,IR-HPV）4 种（HPV26/53/73/82），低危型（low-risk human papillomavirus,LR-HPV）19 种（HPV6/11/34/40/42/43/44/54/55/57/61/67/69/70/71/72/81/83/84）。检测试剂包括核酸提取试剂、PCR 扩增试剂和杂交检测试剂（粤潮械备 20140023 号、粤潮械备 20150019 号、国械注准 20143402188），实验过程严格按试剂盒说明书进行。

1.3　宫颈组织病理学诊断　对怀疑宫颈病变的 HPV 感染者行阴道镜检查并取多点活检进行病理组织学检查，按照病理组织学诊断标准分为：（1）炎症组；（2）低级别鳞状上皮内瘤变Ⅰ级（CIN1 组）；（3）高级别鳞状上皮内瘤变Ⅱ级（CIN2 组）；（4）高级别鳞状上皮内瘤变Ⅲ级（CIN3 组）；（5）宫颈癌组（鳞癌、腺癌）。

1.4　统计学处理　采用 Microsoft Excel 进行数据整理，使用 SPSS 25.0 软件进行统计分析。计数资料以例数（n）和率（%）表示，组间阳性率的比较采用 χ^2 检验。分析不同年份间 HPV 感染率、基因型构成比差异，以及不同年龄组的感染率，检验水准 α=0.05。

2　结　果

2.1　HPV 的总体感染情况　纳入 28 592 例女性，共检出 HPV 感染者 4 284 例，总体感染率为 14.98%，其中高危型 HPV 感染者 2 410 例，占阳性者 56.26%，其次为低危型感染者，占 24.70%。HPV 感染者中，单一基因型感染者占 75.47%；三重以上感染者 317 例，占 7.40%。随基因感染重数的增加，感染率明显下降。见表 1、2。

表 1　HPV 患者感染类型情况

Table 1　HPV patient infection type status

感染类型	感染人数	阳性构成比（%，n=4 284）	感染率（%，n=28 592）
高危型感染	2 410	56.26	8.43
中危型感染	197	4.60	0.69
低危型感染	1 058	24.70	3.70
中、低危混合型	41	0.96	0.14
高、中、低危混合型	578	13.49	2.02
合计	4 284	100.00	14.98

注：高、中、低危混合型为高危型与中危型、低危型分别混合，或者三者混合感染。

表 2　4 284 例感染者的总体感染情况

Table 2　Overall infection status of 4 284 cases

基因感染情况	感染人数	阳性构成比（%，n=4 284）	感率（%，n=28 592）
单一基因型感染	3 232	75.44	11.30
二重基因型感染	735	17.16	2.57
三重基因型感染	215	5.02	0.75
四重基因型感染	70	1.63	0.25
五重基因型感染	18	0.42	0.06
六重及以上基因型感染*	14	0.33	0.05
合计	4 284	100.00	14.98

注：*六重及以上基因型感染；六重基因型有 8例，七、八重基因型分别有 2 例，九、十一重基因型分别有 1 例。

2.2　不同年份 HPV 感染率的比较　2020—2024 年 HPV 感染率呈 U 型演变，2022 年的感染率最低，为 11.75%。体检人群中 2022 年感染率最低，为 7.92%，2020 年最高，为 14.16%；而门诊和住院人群 2021 年的感染率最低，为 12.44%，2023 年最高，为 25.65%；两组人群不同年份感染率差异显著（χ^2 分别为 63.171、234.540，P <0.05）。体检人群感染率为 10.73%，明显低于门诊及住院人群的感染率（19.66%），两者比较差异具有统计学意义（χ^2=445.941，P<0.05）。见图 1。2020—2024 年各年份均以单一基因感染为主，阳性构成比分别为 73.68%、74.77%、80.36%、74.13%、74.86%。

2.3　不同年龄组间 HPV 感染率的比较　HPV 总体感染率也呈 U 型年龄分布，总体人群统计，不同年龄组感染率差异显著（χ^2=119.469，P<0.05），31～40 岁组感染率最低，为14.04%，与 41～50岁、51～60 岁组无统计学差异（χ^2=1.093，P>0.05），但与≤20岁、21～30岁、≥61 岁组差异显著（χ^2=113.216，P<0.05）。体检

人群中≤20 岁组感染率最高，为27.27%，≥61 岁组次之，为 15.40%，不同年龄组感染率差异显著（χ^2=23.474，P<0.05）。门诊及住院人群≤20 岁组感染率最高，为41.94%，不同年龄组感染率更为显著（χ^2=65 921.819，P<0.05）。各年龄组单一基因感染明显高于多重基因感染，且均以高危型感染为主。见图 2。

2.4　HPV 基因型分布情况　检测 37 种 HPV 基因型，总检出频数为 5 815 次，高、中、低危型检出频数分别为 3 618（62.22%）、346（5.95%）和 1 851 次（31.83%），不同年份 HPV 基因的检出占比有所波动，其中高危和低危型差异显著（χ^2 分别为 48.388、67.703，P<0.05）。感染的 HPV 亚型中，HPV 52 感染最常见（16. 15% ），其次是 HPV16（8.13%）、HPV58（7.34%）。近五年 HPV16、58、33 构成比呈逐年递减趋势，而 HPV59、40 呈逐年上升趋势。见图 3、4。

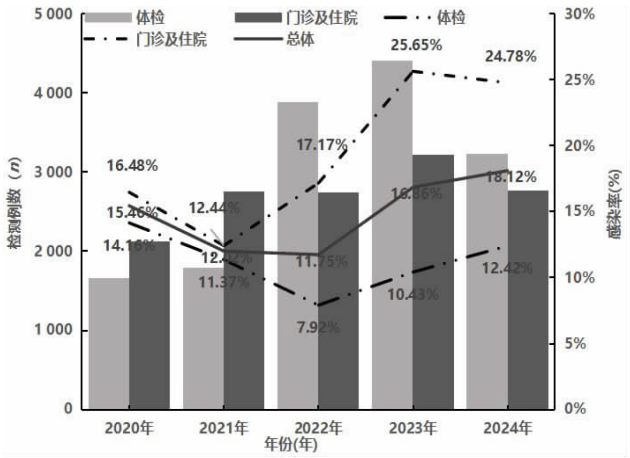
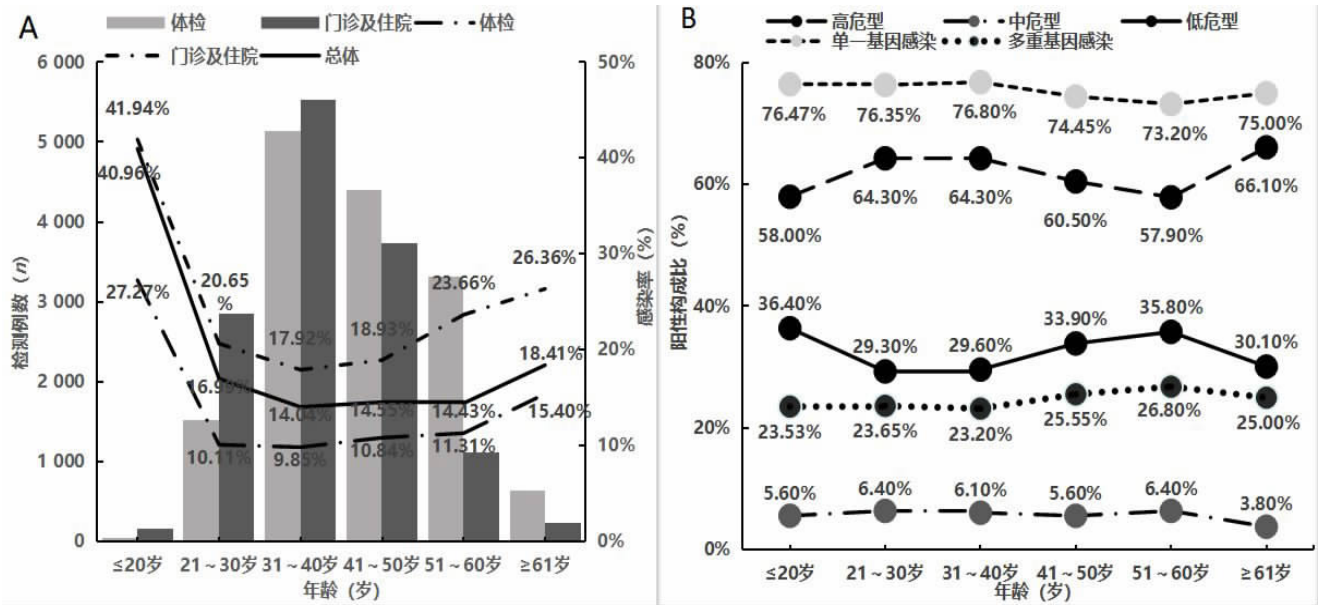


图 1　不同年份间 HPV 感染情况

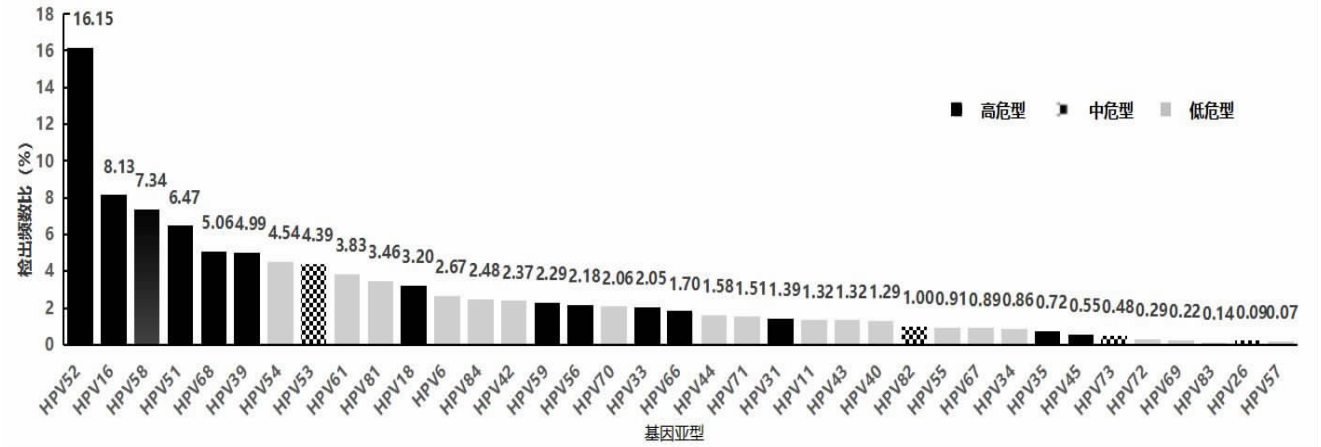
Figure 1　HPV infection status across different years



注：图 A 不同年龄组 HPV 的感染率；图 B 不同年龄组 HPV 阳性构成比；HPV 感染按基因感染个数分单一基因感染和多基因感染，按感染风险分为高危型、中危型和低危型。

图 2　不同年龄组 HPV 的感染情况

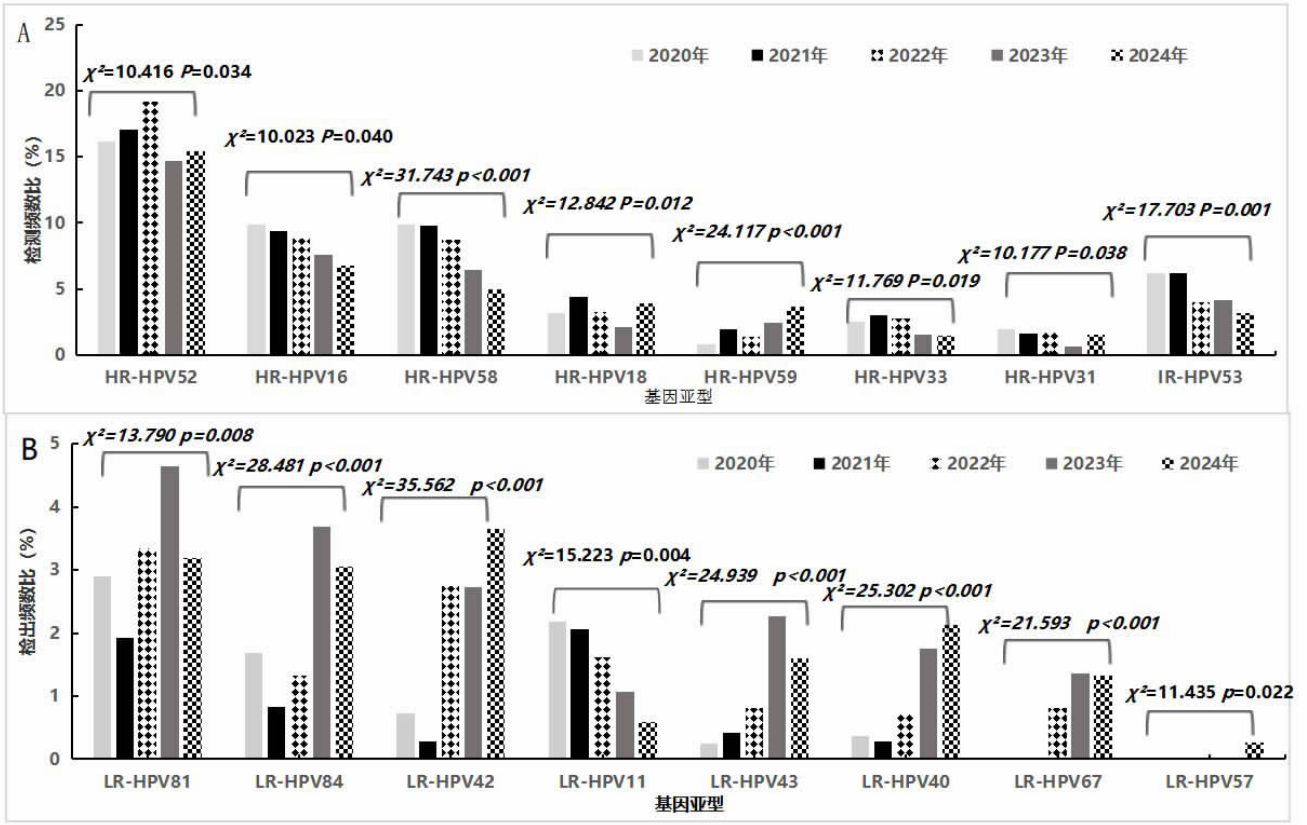
Figure 2　HPV infection status across different age groups



注：检出频数比为各基因亚型占总检出频数的比值（%）。

图 3　HPV 各基因亚型的分布情况

Figure 3　Distribution of HPV gene subtypes



注：检出频数比为各基因亚型占年份总检出频数的比值%；A 不同年份高、中危型检出频数比有差异的基因；B 不同年份低危型检出频数比有差异的基因。

图 4　不同年份 HPV 基因检出频数比的变化趋势

Figure 4　Trend of detection frequency ratios of HPV genotypes across different years

2.5　不同宫颈病变组中 HPV 的感染情况　916 例 HPV 感染者病理活检显示，高危型 HPV 占宫颈病变群体的 86.03%，CIN3 组占比最高，为 97.94%。各病变组别均以单一基因感染为主，宫颈癌组占比最高，为 84.21%，与其他组比较有统计学差异（χ^2=13.891，P<0.05）。见表 3。

表 3　不同宫颈病变中 HPV 感染特点

Table 3　Characteristics of HPV infection in different cervical lesions

组别	例数	感染类型			感染基因重数	
		高危型感染	中危型感染	低危型感染	单一基因感染	多重基因感染
炎症组	488	398(81.56)	28(5.74)	62(12.70)	359(73.57)	129(26.43)
CIN1 组	182	153(84.07)	7(3.85)	22(12.09)	110(60.44)	72(39.56)
CINI2 组	130	124(95.38)	4(3.08)	2(1.54)	93(71.54)	37(28.46)
CIN3 组	97	95(97.94)	0(0.00)	2(2.06)	64(65.98)	33(34.02)
宫颈癌组	19	18(94.74)	0(0.00)	1(5.26)	16(84.21)	3(15.79)
合计	916	788(86.03)	39(4.26)	89(9.72)	642(70.09)	274(29.91)

注：括号内数值表示占本组总例数的百分比。

在宫颈病变患者，HPV 基因的总检出频数为 1 271 次，高危型基因占 75.68%，随着宫颈病变程度加重，高危型基因占比逐渐增加，而低危型基因则相反。宫颈病变以 HPV 52、16、58、51、18、53、39 亚型感染为主，其中 HPV 52、16、58、33、67、51、11 在不同宫颈病变组有统计学差异（P<0.05）。随着宫颈病变程度加重，HPV16 感染率呈显著上升趋势（χ^2=80.687，P<0.05）。见表 4。

2.6　与目前上市的疫苗相关的基因型分析　目前上市的 HPV 疫苗主要包括二价（HPV16+18）、四价（HPV6+11+16+18）和九价疫苗（HPV6+11+16+18+31+33+45+52+58）。本地区二价疫苗覆盖基因型检出率为 11.33%，四价为 15.32%，而九价显著提升至 42.80%。在宫颈癌患者组中，HPV 九价疫苗覆盖基因

型检出率高达 78.26%。见表 5。

表 4 不同宫颈病变中 HPV 基因型分布情况

Table 4 Distribution of HPV genotypes in different cervical lesions

基因亚型	炎症组	CINI 组	CINII 组	CINIII 组	宫颈癌组	合计	χ^2 值	P 值
高危型								
HPV52	103(15.58)	50(18.73)	45(24.73)	22(15.94)	0(0.00)	220(17.31)	17.518	<0.05
HPV16	84(12.71)	25(9.36)	40(21.98)	45(32.61)	14(60.87)	208(16.37)	80.687	<0.05
HPV58	58(8.77)	23(8.61)	17(9.34)	26(18.84)	0(0.00)	124(9.76)	18.849	<0.05
HPV51	50(7.56)	28(10.49)	10(5.49)	4(2.90)	0(0.00)	92(7.24)	12.448	<0.05
HPV18	34(5.14)	14(5.24)	6(3.30)	3(2.17)	3(13.04)	60(4.72)	5.865	>0.05
HPV39	38(5.75)	11(4.12)	4(2.20)	3(2.17)	0(0.00)	56(4.41)	7.250	>0.05
HPV68	26(3.93)	13(4.87)	8(4.40)	0(0.00)	1(4.35)	48(3.78)	6.917	>0.05
HPV33	14(2.12)	5(1.87)	6(3.30)	10(7.25)	0(0.00)	35(2.75)	13.865	<0.05
HPV56	14(2.12)	7(2.62)	2(1.10)	4(2.90)	0(0.00)	27(2.12)	2.473	>0.05
HPV59	14(2.12)	3(1.12)	3(1.65)	2(1.45)	1(4.35)	23(1.81)	1.498	>0.05
HPV31	7(1.06)	7(2.62)	4(2.20)	3(2.17)	1(4.35)	22(1.73)	4.682	>0.05
HPV66	16(2.42)	7(2.62)	3(1.65)	1(0.72)	0(0.00)	27(2.12)	2.709	>0.05
HPV35	7(1.06)	2(0.75)	2(1.10)	2(1.45)	1(4.35)	14(1.10)	2.196	>0.05
HPV45	7(1.06)	0(0.00)	2(1.10)	0(0.00)	0(0.00)	9(0.71)	4.394	>0.05
总计	472(71.41)	195(73.03)	152(83.52)	122(88.41)	21(91.30)	962(75.68)	28.456	<0.05
中危型								
HPV53	36(5.45)	14(5.24)	5(2.75)	1(0.72)	0(0.00)	56(4.41)	8.915	>0.05
HPV82	3(0.45)	2(0.75)	0(0.00)	1(0.72)	0(0.00)	6(0.47)	1.756	>0.05
HPV73	2(0.30)	1(0.37)	1(0.55)	0(0.00)	1(4.35)	5(0.39)	8.607	>0.05
HPV26	0(0.00)	0(0.00)	0(0.00)	0(0.00)	0(0.00)	0(0.00)	0.000	>0.05
总计	41(6.20)	17(6.37)	6(3.30)	2(1.45)	1(4.35)	67(5.27)	7.743	>0.05
低危型								
HPV81	29(4.39)	6(2.25)	2(1.10)	2(1.45)	0(0.00)	39(3.07)	8.161	>0.05
HPV54	19(2.87)	6(2.25)	2(1.10)	2(1.45)	0(0.00)	29(2.28)	2.983	>0.05
HPV61	16(2.42)	5(1.87)	4(2.20)	2(1.45)	0(0.00)	27(2.12)	1.063	>0.05
HPV6	7(1.06)	8(3.00)	2(1.10)	1(0.72)	0(0.00)	18(1.42)	7.237	>0.05
HPV84	5(0.76)	3(1.12)	0(0.00)	2(1.45)	0(0.00)	10(0.79)	3.033	>0.05
HPV70	12(1.82)	3(1.12)	3(1.65)	0(0.00)	0(0.00)	18(1.42)	3.117	>0.05
HPV42	8(1.21)	1(0.37)	5(2.75)	2(1.45)	0(0.00)	16(1.26)	5.286	>0.05
HPV44	8(1.21)	4(1.50)	0(0.00)	0(0.00)	0(0.00)	12(0.94)	4.784	>0.05
HPV11	5(0.76)	7(2.62)	1(0.55)	0(0.00)	0(0.00)	13(1.02)	10.268	<0.05
HPV71	6(0.91)	1(0.37)	1(0.55)	1(0.72)	0(0.00)	9(0.71)	0.909	>0.05
HPV43	8(1.21)	5(1.87)	0(0.00)	1(0.72)	0(0.00)	14(1.10)	4.309	>0.05
HPV40	10(1.51)	0(0.00)	2(1.10)	1(0.72)	0(0.00)	13(1.02)	4.396	>0.05
HPV55	5(0.76)	1(0.37)	2(1.10)	0(0.00)	0(0.00)	8(0.63)	2.036	>0.05
HPV67	1(0.15)	1(0.37)	0(0.00)	0(0.00)	1(4.35)	3(0.24)	15.424	<0.05
HPV34	5(0.76)	1(0.37)	0(0.00)	0(0.00)	0(0.00)	6(0.47)	2.677	>0.05
HPV69	0(0.00)	2(0.75)	0(0.00)	0(0.00)	0(0.00)	2(0.16)	8.084	>0.05
HPV72	3(0.45)	1(0.37)	0(0.00)	0(0.00)	0(0.00)	4(0.31)	1.488	>0.05
HPV83	1(0.15)	0(0.00)	0(0.00)	0(0.00)	0(0.00)	1(0.08)	0.878	>0.05
合计	148(22.39)	55(20.60)	24(13.19)	14(10.14)	1(4.35)	242(19.05)	18.685	<0.05

注：括号内数值表示各基因亚型占本组别总检出频数的比值。

表 5　HPV 疫苗相关基因型的检出情况

Table 5　Detection of HPV vaccine-related genotypes

基因亚型	检出频数	占总检出频数的比例(%)	在所有检出频数中的排位	在宫颈癌中的检出频数	占宫颈癌组检出频数的比例(%)
HPV 52	939	16.15	1	0	0
HPV 16	473	8.13	2	14	60.87
HPV 58	427	7.34	3	0	0
HPV 18	186	3.20	11	3	13.04
HPV 6	155	2.67	12	0	0
HPV 33	119	2.05	18	0	0
HPV 31	81	1.39	22	1	4.35
HPV 11	77	1.32	23	0	0
HPV 45	32	0.55	31	0	0
合计	2489	42.80		18	78.26

注：总检出频数为 5 815；宫颈癌组检出频数为 23。

3　讨　论

HPV 持续感染是宫颈癌的主要诱因，其感染状况受地域等多种因素影响[4-6]，研究本地 HPV 感染情况对宫颈癌防控意义重大。本研究显示南海区 HPV 总体感染率（14.98%）低于全国大部分地区的平均水平（15.5%～24.3%）[7-10]及佛山既往数据（20.86%）[11]。这种差异可能由多种因素共同导致：来源区域不同导致生活习惯、环境、经济等差异；人群构成不同，研究时间段的差异以及筛查普及度变化也可能产生影响[5-6]。本地高危型 HPV 感染占阳性比例的 56.26%，且以单一基因感染为主，与多数地区研究结果一致[12-14]。

2020—2024 年 HPV 感染率呈 U 型演变，其中 2022 年的总体感染率最低，为 11.75%。观察到的感染率下降恰逢 COVID-19 大流行高峰期，尽管疫情期间实施的严格社交限制、减少聚集等措施并非直接针对 HPV 传播，但可能间接影响了人群社交和性行为模式，从而暂时降低了 HPV 暴露和传播机会[14]。随着疫情防控措施调整，感染率在 2023—2024 年出现反弹。这提示，维持长期有效的宫颈癌防控措施至关重要，不能仅依赖外部环境变化带来的短暂影响。

本研究中，HPV 感染有明显的年龄分布特点，≤20 岁和 ≥61 岁的女性感染率较高。≤20 岁年轻女性 HPV 阳性率达 40.96%，除样本量较少这一因素外，还可能因免疫系统尚未成熟、过早开始性生活、性健康卫生意识不足、伴侣不固定以及不良生活习惯等导致感染风险上升[15]。≥61 岁的女性 HPV 感染率也较高（18.41%）。这部分人群超出了当前 HPV 疫苗推荐接种的核心年龄范围（通常为 9～45 岁），且在其年轻时期 HPV 疫苗尚未问世或可及性极低，几乎未从疫苗接种中获益。此外，免疫衰老可能增加新发感染或潜伏感染再激活的风险[16]。因此，不同年龄段有必要实施针对性预防策略，提升各年龄段女性对 HPV 的认知，从而有效降低感染风险。

了解当地流行的 HPV 基因型分布对于评估现有 HPV 疫苗的保护效果和优化疫苗接种策略至关重要。近五年来，本地最为常见的 HPV 亚型分别为 HPV 52、16、58、51、68，这与 Wenbo H 等人[17]报道的广东省北部常见的 HPV 感染型别（HPV 52、16、58、53、68）以及我国正常女性中最常见 HPV 型别（HPV 52、16、58、18、33）略有差异[6]，这些差异对各地疫苗接种策略的制定具有关键的参考价值。同时 HPV16、58、33 占比呈逐年递减趋势，而 HPV59、40 呈逐年上升趋势，这些数据可以为本地的 HPV 的科学防治提供数据基础。

既往研究对多重 HPV 基因型感染与宫颈病变风险的关联报道不一[18-20]。本研究中，不同宫颈病变组多重基因型感染比例未随病变级别升高而增多，提示多重基因型感染在宫颈病变过程中，未比单一基因型感染有更强的促进作用。本研究中各宫颈病变组以高危型 HPV 感染为主，且以 HPV 52、16、58 为主，这与梁丽仪[21]的研究一致。这些结果提示 HPV 高危型感染者（无论单一或多重感染）均需重视。随着宫颈病变级别的升高，HPV16 的感染率在逐渐升高，差异显著，这可能与 HPV16 更易黏附于上皮细胞且不易清除，容易造成持续感染有关。本研究宫颈病变患者中 HPV52 的感染率最高，但在宫颈癌组 HPV52 型没有检出，这与宫颈癌病例较少有关，HPV52 的致癌能力还需要收集更多的宫颈癌病例进一步研究。

本研究显示，九价疫苗可覆盖本地区 78.26%的宫颈癌相关 HPV 基因型，表明其对预防宫颈癌具有重要价值。然而，该疫苗在预防 HPV 感染（总体感染覆盖率 42.80%）方面的效果相对有限。这主要是因为九价疫苗未能覆盖本地区一些高流行度的高危型别，如 HPV51（总检出率 6.46%，排第四）、HPV68（5.06%，排第五）和 HPV39（4.99%，排第六），这些未覆盖型别的高感染率需在防控策略中予以重视。Yuan 等人[22]

的研究同样指出，HPV-CP8304（低危型）在本地感染中占较高比例，提示未来疫苗研发需结合区域特异性基因型分布。

综上所述，研究分析佛山南海地区女性 HPV 感染情况以及基因型分布特点，有助于了解该地区 HPV 感染的现状，为 HPV 相关疾病防治、筛查及疫苗预防接种工作提供了指导与依据。本研究基于单个医院且收集信息有限，一定程度影响结果的外推性，有待后续扩大采样范围与多维度信息收集开展进一步研究。

利益冲突声明 本研究不存在任何利益冲突

参考文献

[1] Bray F, Laversanne M, Sung H, et al. Global cancer statistics 2022: GLOBOCAN estimates of incidence and mortality worldwide for 36 cancers in 185 countries [J]. CA-A Cancer Journal for Clinicians, 2024, 74(3): 229-263.

[2] 郑荣寿，陈茹，韩冰峰，等. 2022 年中国恶性肿瘤流行情况分析[J]. 中华肿瘤杂志，2024，46(3)：221-231.
Zheng RS, Chen R, Han BF, et al. Analysis of the prevalence of malignant tumors in China in 2022 [J]. Chinese Journal of Oncology, 2024, 46(3): 221-231.(In Chinese)

[3] 王瑾瑶，张年萍，白志强，等. 1993—2017 年中国宫颈癌发病率和死亡率长期趋势的年龄－时期－队列模型分析[J]. 中国全科医学，2022，25(13)：1564-1568.
Wang JY, Zhang NP, Bai ZQ, et al. Age-Period-Cohort analysis of secular trends of cervical cancer incidence and mortality in China, 1993—2017 [J]. Chinese General Practice, 2022, 25 (13): 1564-1568.(In Chinese)

[4] 闫美辰，刘丽丽. 宫颈癌流行病学及发病因素研究进展[J]. 锦州医科大学学报，2023，44(6)：103-107, 112.
Yan MC, Liu LL. Progress in the study of the epidemiology and pathogenic factors of cervical cancer [J]. Journal of Liaoning Medical University, 2023, 44(6): 103-107, 112.(In Chinese)

[5] Yang XH, Li YY, Tang Y,et al.Cervical HPV infection in Guangzhou, China: an epidemiological study of 198,111 women from 2015 to 2021[J]. Emerging Microbes & Infections, 2023, 12(1): e2176009.

[6] ICO/IARC.Human papillomavirus and related diseases report, World [EB/OL]. [2025-09-15]. https://hpvcentre.net/statistics/reports/XWX.pdf.

[7] Zeng Z, Austin RM, Wang L, et al. Nationwide prevalence and genotype distribution of high-risk human papillomavirus infection in China: analysis of 2,458,227 test results from 29 Chinese Provinces [J]. American Journal of Clinical Pathology, 2022, 157(5): 718-723.

[8] Li KM, Li QL, Song L, et al. The distribution and prevalence of human papillomavirus in women in mainland China [J]. Cancer, 2019, 125(7): 1030-1037.

[9] Tao X, Zhang HN, Wang SN, et al. Prevalence and carcinogenic risk of high-risk human papillomavirus subtypes in different cervical cytology: a study of 124,251 cases from the largest academic center in China[J]. Journal of the American Society of Cytopathology, 2021, 10(4): 391-398.

[10] Liao GD, Jiang XY, She B, et al. Multi-Infection patterns and co-infection preference of 27 human papillomavirus types among 137,943 gynecological outpatients across China [J]. Frontiers in Oncology, 2020, 10: 449.

[11] 刘建雷，何春梅，薛家权，等. 佛山地区女性人乳头状瘤病毒感染的分子流行病学研究[J]. 广东医学，2025，46(1)：107-112.
Liu JL, He CM, Xue JQ, et al. Molecular epidemiology of human papillomavirus infection among women in Foshan [J]. Guangdong Medical Journal, 2025, 46(1): 107-112.(In Chinese)

[12] Ding HL, Jin H, Tang YS. HPV genotype distribution and cervical lesions in Chongqing: a comprehensive analysis of 229,770 females (2015?2023)[J]. BMC Infectious Diseases, 2025, 25(1): 760.

[13] Zhang JY, Zha TZ, Wang XM, et al. Prevalence and genotype distribution of HPV infections among women in Chengdu,China[J]. Virology Journal, 2024, 21(1): 52.

[14] Ma YM, Xia XY, Zheng W, et al. HPV prevalence and genotype distribution among women in eastern China during the Covid-19 pandemic [J]. Human Vaccines & Immunotherapeutics, 2023, 19(1): 2212571.

[15] 常婧伊，王云. 30 岁以下年轻女性 HPV 感染特点分析[J]. 临床医学，2022，42(2)：8-11.
Chang JY, Wang Y. Characteristics of HPV infection in young women under 30 years old[J]. Clinical Medicine, 2022, 42(2): 8-11.(In Chinese)

[16] Ellwanger JH, Kulmann-Leal B, Ziliotto M, et al. HIV infection, chromosome instability, and micronucleus formation [J]. Viruses, 2023, 15(1): 155.

[17] Huang WB, Xu HY, Hu HB, et al. The prevalence of human papillomavirus among women in northern Guangdong Province of China[J]. Scientific Reports, 2022, 12(1): 13353.

[18] Gong P, Shi BW, Cong X, et al. Multiple infections containing the top five prevalent HPV genotypes and their impact on cervical lesions in Changzhou, China [J]. Human Vaccines & Immunotherapeutics, 2023, 19(2): 2245723.

[19] Zhong F, Wang T, Li W, et al. Associations of single versus multiple human papillomavirus infections with the prevalence of cervical intraepithelial neoplasia 2/3 and squamous cell carcinoma lesions: human papillomavirus type-specific attribution [J]. Laboratory Investigation, 2024, 104(4): 100328.

[20] Ni XY, Hu JM, Huang Y, et al. Higher clearance rates of multiple HPV infections May explain their lower risk of HSIL: A retrospective study in Wenzhou, China [J]. Journal of Medical Virology, 2023, 95 (2): e28526.

[21] 梁丽仪，黄金智，殷鹤轩，等. 佛山市顺德区高危型人乳头瘤病毒类别分布及其与宫颈病变的关系 [J]. 广东医科大学学报，2023，41(6)：663-669.
Liang LY, Huang JZ, Yin HX, et al. Genotype distribution of high-risk human papillomavirus in Shunde District, Foshan City and its correlation with cervical lesions[J]. Journal of Guangdong Medical College, 2023, 41(6): 663-669.(In Chinese)

[22] Yuan XW, Li YJ, Qiu Q, et al. Prevalence and genotype distribution of human papillomavirus among 9945 women from the Nanhai area of Foshan[J]. BMC Infectious Diseases, 2019, 19(1): 71.

收稿日期：2025-05-13