Özgün Araştırma/Original Article *Mikrobiyol Bul 2026;60(4):467-479*/doi: 10.5578/mb.202604100

Geliş Tarihi (Received): 29.08.2025 • Kabul Ediliş Tarihi (Accepted): 07.08.2026

Azerbaycan'da HPV Testi Yapılan Kadınlarda Yüksek Riskli HPV Genotiplerinin Dağılımının Çok Merkezli Retrospektif Araştırılması

A Multicenter Retrospective Investigation of the Distribution of High-Risk HPV Genotypes Among Women Who Underwent HPV Testing in Azerbaijan

Lale KAZIMOVA[1](ID), Rugiyya SAMADZADE[2](ID), Müslim HANELİBEYLİ[3](ID), Yaver HACISOY[1](ID), Ramin BAYRAMLI[1](ID)

[1] Azerbaycan Tıp Üniversitesi, Tıbbi Mikrobiyoloji ve İmmünoloji Anabilim Dalı, Bakü, Azerbaycan.
[1] *Azerbaijan Medical University Department of Medical Microbiology and Immunology, Baku, Azerbaijan.*

[2] Azerbaycan Cumhuriyeti Sağlık Bakanlığı V. Y. Ahundov Adına Ulusal Bilimsel Araştırma Tıbbi Profilaksi Enstitüsü, İmmünoloji Bölümü, Bakü, Azerbaycan.
[2] *Ministry of Health of the Republic of Azerbaijan, V.Y. Akhundov National Scientific Research Medical Prophylactic Institute, Department of Immunology, Baku, Azerbaijan.*

[3] İnci Laboratuvarları Merkez Şubesi, Bakü, Azerbaycan.
[3] *Inci Laboratories, Central Branch, Baku, Azerbaijan.*

Makale Atıfı: *Kazımova L, Samadzade R, Hanelibeyli M, Hacısoy Y, Bayramlı R. Azerbaycan'da HPV testi yapılan kadınlarda yüksek riskli HPV genotiplerinin dağılımının çok merkezli retrospektif araştırılması. Mikrobiyol Bul 2026;60(4):467-479.*

ÖZ

Bu çalışmada, insan papilloma virüsü [human papillomavirus (HPV)] testi yapılan kadınlardan elde edilen laboratuvar verileri kullanılarak yüksek riskli HPV (YR-HPV) genotiplerinin dağılımını belirlemek ve moleküler bulguların yaş ve bölgesel dağılım açısından değerlendirilmesi amaçlanmıştır. Çalışmaya 01.01.2023–01.01.2025 tarihleri arasında Azerbaycan'ın farklı bölgelerinden laboratuvarımıza gönderilmiş servikal sürüntü örnekleri dahil edilmiştir. Viral DNA izolasyonu yapıldıktan sonra gerçek zamanlı polimeraz zincir reaksiyonu yöntemiyle 14 yüksek risk için HPV genotiplendirilmesi yapılmıştır. Toplam 835 kadın hastanın 315'inde (%37.7) HPV-DNA pozitifliği saptanmış, bunların 261'inde (%31.3) en az bir yüksek riskli HPV genotipi tespit edilmiştir. Toplam HPV pozitif bireylerin ise %82.9'unda yüksek riskli genotipler bulunmuştur. En sık saptanan yüksek riskli genotipler sırasıyla; HPV 16 (%21.9), HPV 52 (%13.7) ve HPV 66 (%12.4) olmuştur. HPV 16 en çok Gence-Tovuz (%50) ve Sumgayıt (%25.7) bölgelerinde görülürken, HPV 52 ve HPV 66 da benzer şekilde Bakü (%14; %11.4) Sumgayıt (%12.9; %15.7) ve Gence-Tovuz (%11.1; %16.7) bölgelerinde yüksek oranlarda saptanmıştır. Farklı yaş gruplarına bakıldığında ise en yüksek YR-HPV pozitifliği 18–20 yaş grubunda (%50) tespit edilmiştir. Ayrıca, YR-HPV pozitifliği 21–30 yaş grubunda %31.7; 31–40 yaş grubunda %32.4; 41–50 yaş grubunda %28.5 olarak bulunmuş, 51 yaş üstü kadınlardaysa bu oran %20'nin altına düşmüştür. Özellikle 31–40 yaş grubu hem en kalabalık hasta grubunu oluşturmuş, hem de ikinci en yüksek pozitiflik oranıyla (%32.4) dikkat çekmiştir. Çalışma sonuçları, HPV testi yapılan kadınlar arasında yüksek riskli HPV genotiplerinin özellikle genç yaş gruplarında daha sık saptandığını göstermiştir. Ayrıca, çalışma örnekleminde HPV16, HPV52 ve HPV66'nın en sık saptanan yüksek riskli genotipler olduğu belirlenmiştir. Sonuç olarak bu çalışma, laboratuvar temelli

İletişim (Correspondence): *Dr. Lale Kazımova, Azerbaycan Tıp Üniversitesi, Tıbbi Mikrobiyoloji ve İmmünoloji Anabilim Dalı, Bakü, Azerbaycan.* ***Tel (Phone):*** *+994 50 862 22 55,* ***E-posta (E-mail):*** *lalekazimova304@gmail.com*

bir örneklemde yüksek riskli HPV genotiplerinin dağılımına ilişkin güncel veriler sunmaktadır. Elde edilen bulgular, gelecekte toplum temelli ve klinik verilerle desteklenen geniş ölçekli çalışmaların planlanmasına katkı sağlayabilir. Ayrıca bu çalışma, Azerbaycan'dan bildirilen ilk geniş çaplı yüksek riskli HPV genotip verisi olduğundan literatürde önemli bir boşluğu dolduracaktır.

Anahtar kelimeler: *Azerbaycan, İnsan papilloma virüsü; HPV 16; HR-HPV genotipleri; kadın; servikal kanser.*

ABSTRACT

The aim of this study was to determine the distribution of high-risk human papillomavirus (HR-HPV) genotypes using laboratory data obtained from women who underwent HPV testing and to evaluate the molecular findings according to age and regional distribution. Cervical swab specimens submitted to our laboratory from different regions of Azerbaijan between January 1, 2023 and January 1, 2025 were included in this study. Following viral DNA extraction, genotyping of 14 HR- HPV genotypes was performed using a real-time polymerase chain reaction assay. A total of 835 women were included in the study. HPV DNA positivity was detected in 315 (37.7%) women, of whom 261 (31.3%) harbored at least one high-risk HPV genotype. Overall, high-risk genotypes were identified in 82.9% of all HPV-positive cases. The most frequently detected high-risk genotypes were HPV16 (21.9%), HPV52 (13.7%) and HPV66 (12.4%). HPV16 was most frequently detected in the Ganja–Tovuz (50.0%) and Sumgait (25.7%) regions, whereas HPV52 and HPV66 were similarly most common in Baku (14.0% and 11.4%), Sumgait (12.9% and 15.7%) and Ganja–Tovuz (11.1% and 16.7%), respectively. According to age groups, the highest HR-HPV positivity rate was observed in women aged 18–20 years (50.0%). HR-HPV positivity rates were 31.7% in the 21–30-year age group, 32.4% in the 31–40-year age group and 28.5% in the 41–50-year age group, while the positivity rate decreased to below 20% in women older than 50 years. Notably, the 31–40-year age group represented the largest proportion of the study population and exhibited the second-highest HR-HPV positivity rate (32.4%). The study findings demonstrated that high-risk HPV genotypes were detected more frequently among younger women undergoing HPV testing. In addition, HPV16, HPV52 and HPV66 were identified as the most prevalent high-risk genotypes in the study population. This laboratory-based study provides updated data on the distribution of HR-HPV genotypes. The findings may contribute to the design of future large-scale, population-based studies supported by clinical data. Furthermore, as the first large-scale report on the distribution of high-risk HPV genotypes from Azerbaijan, this study fills an important gap in the existing literature.

Keywords: *Azerbaijan; human papillomavirus; HPV16; high-risk HPV genotypes; women; cervical cancer.*

GİRİŞ

İnsan papilloma virüsü [human papillomavirus (HPV)], Papillomaviridae ailesine ait, zarfsız yapıda olan ve çift sarmallı DNA genomu taşıyan bir virüstür. Hücre proliferasyonunu etkileyerek epitel dokularda enfeksiyonlara neden olur ve bazı tipleri onkojenik potansiyele sahiptir. HPV'nin bazı yüksek riskli tipleri genital siğillere ve/veya kansere neden olabilir. İnsanların %90'ında immün sistem HPV enfeksiyonlarını kendiliğinden kontrol altına alır. Yüksek riskli HPV [high risk (HR-HPV)] tipleri kalıcı (persistan) enfeksiyonlara sebep olur. HR-HPV tipleri serviks kanserinin başlıca nedenidir. Ayrıca, HR-HPV tipleri vulva, vajina, ağız/boğaz, penis ve anüs kanserleriyle de sık ilişkilidir[1].

Genital bölgeyi enfekte eden HPV tipleri, onkojenik potansiyellerine göre iki ana gruba ayrılır: yüksek riskli (HR-HPV) ve düşük riskli [low risk (LR-HPV)] tipler. HR-HPV tipleri: HPV16, 18, 31, 33, 35, 39, 45, 51, 52, 56, 58, 59, 66, 68'i; düşük riskli tipleri ise: HPV 6, 11, 40, 42, 43, 44, 54, 61, 70, 72 ve 81'i kapsamaktadır[2]. HPV enfeksiyonunun uzun süreli persiste olması ve viral DNA'nın epitel hücre genomuna entegrasyonu ve yüksek

dereceli displazi gelişimi invaziv kansere ilerleme riskinin başlıca faktörlerindendir[3].

HPV, enfeksiyon dinamikleri ve hastalık seyri diğer cinsel yolla bulaşan enfeksiyon (CYBE) etkenlerinden önemli ölçüde etkilenebilir. Bakteriyel vajinoz, *Chlamydia trachomatis* gibi cinsel yolla bulaşan etkenlerle birlikte görülebilir. Ancak *Chlamydia trachomatis* bakteriyel vajinozun doğrudan nedeni değildir. HPV ile çeşitli CYBE etkenlerinin eşlik ettiği koinfeksiyonlar, hastalığın bulaşması ve klinik seyri açısından klinik olarak daha ağır sonuçlar doğurmaktadır[4].

Rahim ağzı (serviks) kanseri, dünya genelinde kadınlar arasında en sık görülen dördüncü kanser türüdür[5]. Dünya Sağlık Örgütü tarafından 2022 yılında dünya genelinde serviks kanseri sebepli yaklaşık 660.000 yeni vaka ve 350.000 ölüm bildirilmiştir[1]. Özellikle düşük ve orta gelirli ülkelerde ciddi bir halk sağlığı sorunu olmaya devam etmektedir. "Düşük" ve "orta gelirli" kategorisindeki ülkelerde, sağlık sistemlerindeki yetersizlikler, tarama programlarının sınırlılığı ve halkın farkındalık düzeyinin düşüklüğü nedeniyle servikal kanser insidansı ve mortalite oranları oldukça yüksektir[6]. Azerbaycan'da ise her yıl yaklaşık olarak 256 kadın serviks kanserinden hayatını kaybetmektedir[7].

Serviks kanseri, Azerbaycan'da kadınlarda kansere bağlı ölümler arasında altıncı sırada yer alırken, 15–44 yaş grubundaki kadınlarda kansere bağlı ölüm nedenleri arasında üçüncü sırada bulunmaktadır[7].

Uzun vadeli en etkili korunma stratejisi olan aşılama programları ile HPV testlerine dayalı tarama yöntemlerinin bir araya gelmesi, HPV ile ilişkili kanserlerin prevalansını köklü bir şekilde değiştirebilir[8]. Halihazırda dünya genelinde kullanılan üç tip aşı bulunmaktadır: bivalan aşı (HPV 16 ve 18'e karşı), kuadrivalan aşı (HPV 16, 18, 6 ve 11'e karşı) ve dokuzvalan aşı (HPV 6, 11, 16, 18, 31, 33, 45, 52 ve 58'e karşı koruma sağlar). Yapılan çalışmalarda aşılama sonrasında, özellikle HPV 16 ve 18 gibi aşıyla hedeflenen genotiplerin prevalans oranlarında belirgin bir azalma gözlemlenmiştir[9].

Gerçek zamanlı polimeraz zincir reaksiyonu [real-time polymerase chain reaction; RT-PCR)], HPV genotiplerinin tespitinde yüksek düzeyde duyarlılık ve özgüllük sağlayarak doğru tanı konulmasına yardımcı olur. Bu nedenle RT-PCR erken tanı, maliyet ve iş yükünde azalma, etkili takip ve uygun tedavi planlamasında kritik bir rol oynamaktadır[10]. Türkiye ve dünya genelinde HR-HPV genotiplerinin prevalansına dair çeşitli çalışmalar mevcut olmasına rağmen, Azerbaycan'da bu konuda yapılmış kapsamlı ve laboratuvar doğrulamalı araştırmalar oldukça sınırlıdır.

Bu çalışmada, HPV testi yapılan kadınlardan elde edilen laboratuvar verileri kullanılarak yüksek riskli HPV genotiplerinin dağılımını belirlemek ve moleküler bulguların yaş ile bölgesel dağılım açısından değerlendirilmesi amaçlanmıştır.

GEREÇ ve YÖNTEM

Bu çalışma, İnci Laboratuvarları Etik Kurulu (Bakü, Azerbaycan) tarafından onaylandı (Tarih: 20.05.2025).

Bu çalışmaya, 01.01.2023–01.01.2025 tarihleri arasında Azerbaycan'ın Bakü, Gence, Sumgayıt ve Tovuz gibi büyük şehirlerinde ve bu şehirlerin çevre bölgelerinde yaşayan 18 yaş ve üzeri kadınlar dahil edildi. Kadınlardan jinekolojik muayene sırasında servikal fırça ile alınan örnekler çalışma amacıyla laboratuvarlarımıza uygun transport koşulları altında ulaştırıldı. Çalışmaya yalnızca rutin kontrol amacıyla başvuran ve örnek kalitesi yeterli olan kadınlar dahil edildi. Eksik demografik veriye sahip olan veya internal kontrol amplifikasyonu başarısız olan örnekler çalışma dışı bırakıldı.

Çalışmaya dahil edilen kadınlar rutin jinekolojik kontrol amacıyla başvuran bireyler olup herhangi bir spesifik klinik yakınma temelinde seçilmedi. Servikal örnekler jinekolojik muayene sırasında steril, tek kullanımlık servikal fırça ile alındı ve AmpliSens transport kiti (InterLabService Ltd., Rusya) kullanılarak üretici firmanın önerdiği koşullarda transport tüplerine aktarıldı. Örnekler 2–8 °C'de saklanarak uygun soğuk zincir koşulları altında 24 saat içerisinde laboratuvara ulaştırıldı.

Servikal sürüntü örneklerinden viral DNA izolasyonu, Bosphore Nucleic Acid Extraction Versatile Spin Kiti (Anatolia Geneworks, Türkiye) kullanılarak manuel spin-kolon yöntemiyle yapıldı. Tüm örneklerde HPV HRLR saptanması için Bosphore HPV HRLR Genotyping v1 (Anatolia Geneworks, Türkiye) kiti kullanıldı. Bu kit, hem HR-HPV hem de LR-HPV olmak üzere toplam 25 farklı HPV genotipini tespit edebilmektedir.

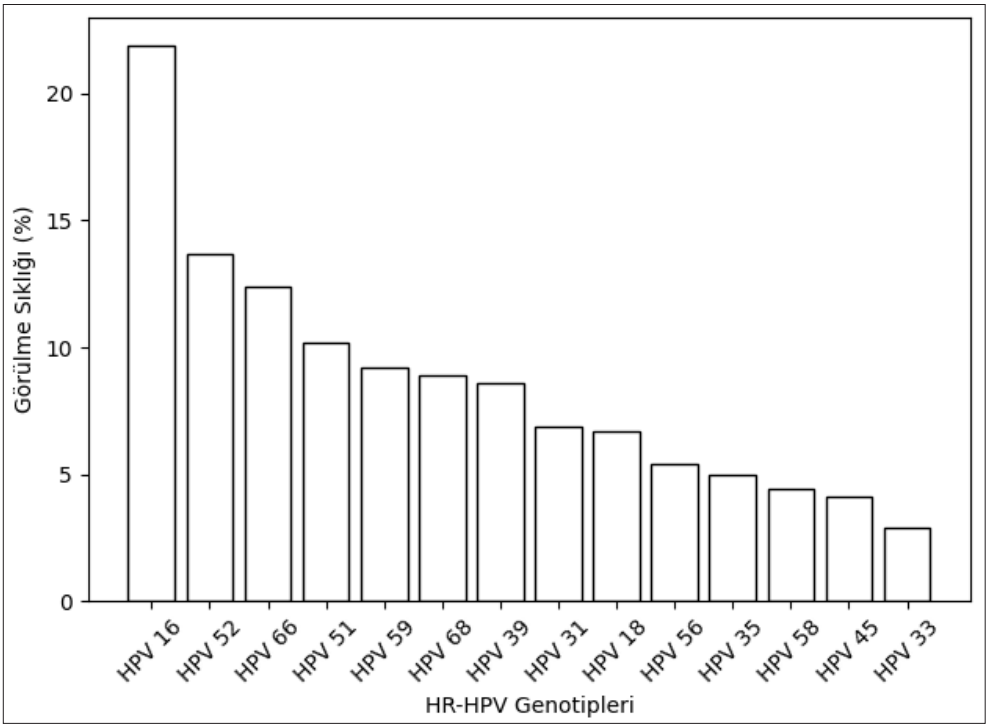
Amplifikasyon işlemleri, multipleks RT-PCR yöntemi ile BIO-RAD CFX96 (ABD) cihazında çalışıldı. HPV-DNA analizi üretici firmanın önerileri doğrultusunda internal kontrol içerecek şekilde gerçekleştirildi.

Çalışma sonuçları laboratuvar otomasyonu üzerinden retrospektif olarak incelendi ve anonimleştirilmiş olarak veriler toplandı. İstatistik analiz, SPSS version XX (IBM Corp., ABD) kullanılarak yapıldı. Kategorik veriler sayı ve yüzde olarak ifade edildi. Gruplar arası karşılaştırmalarda ki-kare testi kullanıldı ve $p< 0.05$ istatistiksel olarak anlamlı kabul edildi. Araştırmada yalnızca yüksek riskli HPV genotipleri değerlendirildi.

BULGULAR

Çalışma kapsamında değerlendirilen toplam 835 kadının 315'inde (%37.7) HPV-DNA pozitifliği saptanmıştır. HPV pozitifliği saptanmış kadınların 261'inde (%31.3) yüksek risk grubuna ait en az bir HPV genotipi tespit edilmiştir. En sık saptanan HR-HPV genotipleri: HPV 16; 69 kadında (%21.9), HPV 52; 43 kadında (%13.7) ve HPV 66; 39 kadında (%12.4) olmuştur. Bu bulgular, HPV 16'nın bölgede baskın onkojenik tip olduğunu gösterirken, HPV 52 ve HPV 66 gibi diğer yüksek riskli türlerin de prevalansının yüksek olduğunu ortaya çıkarmıştır (Şekil 1).

Çalışmaya dahil edilen örneklerin bölgesel dağılımı değerlendirildiğinde, HPV pozitifliği en yüksek Sumgayıt (%91.4), Gence (%83.3), Bakü (%80.7) ve Tovuz (%66.7) kaynaklı örneklerde saptanmıştır. HPV16 en sık Gence (%50.0), Sumgayıt (%25.7) ve Bakü (%19.7) kaynaklı örneklerde belirlenmiştir. Ancak bölgeler arasında HR-HPV taşıma oranları açısından istatistiksel olarak anlamlı bir fark bulunmamıştır ($\chi^2= 4.87$, $p= 0.18$).



Şekil 1. *HPV-DNA pozitif kadın hastalarda HR-HPV genotiplerinin dağılımı.*

HPV 52; Bakü (%14), Sumgayıt (%12.9) ve Gence (%11.1) bölgelerinde benzer oranlarda görülmüştür. Üçüncü yüksek sıklıkta bulunan genotip HPV 66 ise en çok Gence (%16.7), Sumgayıt (%15.7) ve Bakü (%11.4) bölgelerinde tespit edilmiştir. Bunlar dışında saptanan diğer HR-HPV genotipleri Tablo I'de verilmiştir.

Çalışmaya dahil edilen kadınların yaş gruplarına göre HR-HPV genotip oranları incelendiğinde, en yüksek pozitiflik oranı %50 ile 18–20 yaş grubunda saptanmıştır. Bu yaş aralığında değerlendirilen 20 örneğin 10'unda HR-HPV genotipi bulunmuştur (Şekil 2). Ayrıca, 21–30 yaş grubunda toplam 287 kadının 91'inde (%31.7), 31–40 yaş grubunda ise 364 kadının 118'inde (%32.4) yüksek riskli genotipler tespit edilmiştir. Özellikle 31–40 yaş aralığının, hem hasta sayısı bakımından en büyük grubu oluşturduğu hem de HR-HPV pozitifliği açısından dikkat çekici bir orana (%32.4) sahip olduğu belirlenmiştir. 41-50 yaş grubunda pozitiflik oranı %28.5 olarak saptanırken (123 örnekten 35'i), 51–60 yaş grubunda bu oran %20'ye (30 örnekten altısı), 60 yaş üzeri kadınlarda ise %18.2'ye (11 örnekten ikisi) kadar düşmüştür. Şekil 2'de farklı yaş gruplarına göre HR-HPV genotiplerinin görülme oranları verilmiştir. Yaş grupları ile HR-HPV pozitifliği arasındaki ilişki Pearson ki-kare testi ile değerlendirildiğinde gruplar arasında istatistiksel olarak anlamlı bir fark saptanmamıştır (χ^2= 6.59, df= 5, p= 0.25).

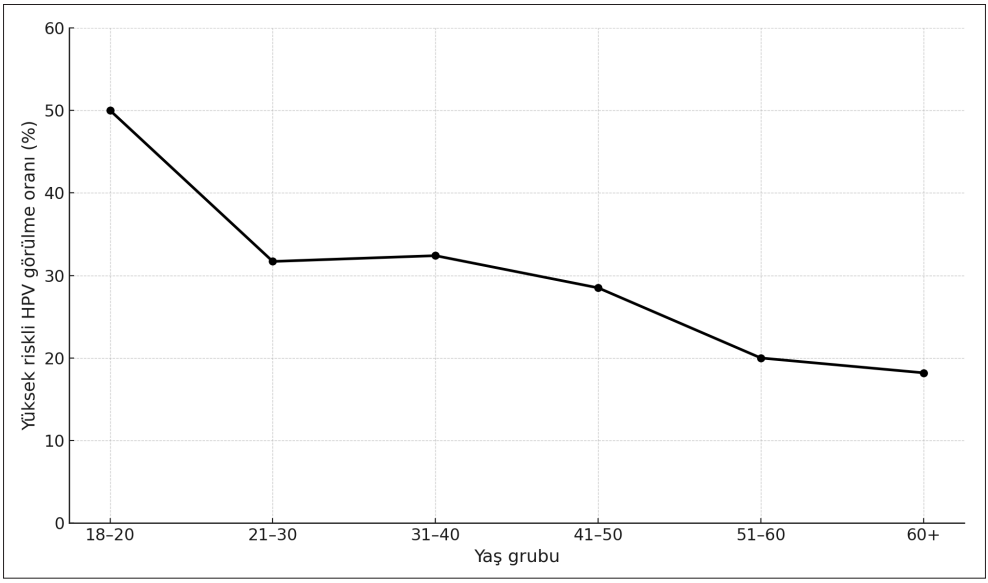
Tablo I. Azerbaycan'ın Bölgelerine Göre HR-HPV Genotip Dağılımı

Genotip	Toplam Sayı	HPV-DNA Pozitif Kadınlarda Görülme Sıklığı (%)	Bakü (%) (n)	Sumgayıt (%) (n)	Gence (%) (n)	Tovuz (%) (n)
HPV 16	69	%21.9	%19.7 (45)	%25.7 (18)	%22.2 (2)	%50 (3)
HPV 18	21	%6.7	%7 (16)	%8.6 (6)	%11.1 (1)	–
HPV 31	22	%6.9	%4.8 (11)	%12.8 (9)	–	%33.3 (2)
HPV 33	9	%2.9	%2.2 (5)	%4.3 (3)	–	%16.7 (1)
HPV 35	16	%5.0	%4.8 (11)	%4.3 (3)	–	%33.3 (2)
HPV 39	27	%8.6	%8.8 (20)	%7.1 (5)	%11.1 (1)	–
HPV 45	13	%4.1	%3.9 (9)	%5.7 (4)	–	–
HPV 51	32	%10.2	%10.1 (23)	%12.9 (9)	–	–
HPV 52	43	%13.7	%14.0 (32)	%12.9 (9)	%11.1 (1)	–
HPV 56	17	%5.4	%5.7 (13)	%5.7 (4)	–	–
HPV 58	14	%4.4	%4.4 (10)	%5.7 (4)	–	–
HPV 59	29	%9.2	%8.8 (20)	%10.0 (7)	%22.2 (2)	–
HPV 66	39	%12.4	%11.4 (26)	%15.7 (11)	–	%16.7 (1)
HPV 68	28	%8.9	%9.2 (21)	%10 (7)	–	–
Yüksek riskli genotip taşıyan hasta sayısı	261	%82.9	%80.7 (184)	%91.4 (64)	%66.7 (6)	%83.3 (5)
Toplam HPV pozitif hasta sayısı	315	%100	228	70	9	6

Ayrıca, veriler literatürde kullanılan yaş grupları ile karşılaştırılabilmesi amacıyla 21–29, 30–64 ve 65 yaş ve üzeri olarak yeniden gruplandırıldığında, 21–29 yaş grubunda yer alan 216 kadının 70'inde (%32.4), 30–64 yaş grubunda yer alan 614 kadının 191'inde (%31.1) en az bir yüksek riskli HPV genotipi saptanmıştır. Altmış beş yaş ve üzeri grupta yer alan beş kadının hiçbirinde HR-HPV genotipi belirlenmemiştir.

TARTIŞMA

HR-HPV genotiplerinin servikal kanser gelişimindeki merkezi rolü, tarama ve aşılama stratejilerinin önemini artırmaktadır. Ancak, bu önleyici stratejiler farklı ülkelerde eşit biçimde uygulanmamaktadır. Yüksek gelirli ülkelerde servikal kanser insidans ve mortalite



Şekil 2. *Yaş gruplarına göre HR-HPV genotip dağılımı.*

oranlarında belirgin düşüşler gözlenirken, geçiş sürecindeki ülkelerde bu oranlar halen endişe verici düzeydedir. Azerbaycan'da ise en son güncellenen Haziran 2023 verilerine göre ve günümüz itibarıyla, HPV aşısı ülkede herhangi bir ulusal aşılama programına dahil edilmemiştir ve yalnızca özel sağlık kuruluşlarında erişilebilir durumdadır[11]. Bu durum sağlık hizmetlerine erişim, tarama programlarının yaygınlığı ve aşılama oranlarıyla doğrudan ilişkilidir. Servikal kanserin neredeyse tamamen önlenebilir olması, aşı ve tarama programlarının etkinliğini ortaya koymakta ve bu alanlarda eksikliklerin giderilmesinin aciliyetini göstermektedir[5].

Bu çalışma toplum temelli bir tarama çalışması olmayıp rutin jinekolojik kontrol amacıyla başvuran kadınlardan elde edilen laboratuvar verilerine dayanmaktadır. Bu nedenle elde edilen HR-HPV pozitiflik oranları genel toplum prevalansını yansıtmamaktadır. Sonuçlar yalnızca çalışmaya dahil edilen laboratuvar başvurularına ait verileri temsil etmektedir. Ayrıca, farklı çalışmalarda örneklerin özellikleri, örnek alma yöntemleri ve kullanılan moleküler tanı teknikleri değişkenlik gösterebildiğinden, sonuçlar yalnızca benzer metodolojiye sahip çalışmalar ile karşılaştırıldığında daha anlamlı yorumlanabilir.

HR-HPV genotiplerinin dünya genelinde yaygınlığını belirlemek, servikal kanser riskinin değerlendirilmesi açısından büyük önem taşımaktadır. HPV'nin genotip dağılımı, coğrafi bölgelere göre farklılık gösterebildiğinden, ülkeye özgü epidemiyolojik veriler sağlık politikalarının şekillendirilmesinde önemli bir rol oynamaktadır.

Çalışmamızda, Azerbaycan'ın farklı bölgelerinden laboratuvarımıza gönderilen servikal sürüntü örneklerinden elde edilen veriler kullanılarak yüksek riskli HPV genotiplerinin dağılımı değerlendirilmiştir. Çalışma sonuçlarına göre genel HPV pozitiflik oranı %37.7

Tablo II. *Farklı Ülkelerde Kadınlarda Bildirilen HPV ve HR-HPV Prevalansı, En Sık Saptanan Genotipler ve Yaş Dağılımının Karşılaştırılması*

Yazar (yıl)	Ülke/ Bölge	Genel HPV (%)	HR-HPV (%)	En sık görülen yüksek riskli genotipler	En yüksek prevalans yaş grubu
Vinodhini ve arkadaşları, 2012	Çok kıtalı	32.1	-	HPV16 (9.5), HPV18 (6.2)	-
Alacam ve arkadaşları, 2021	Türkiye (İstanbul)	36.3	40.7	HPV16 (30.9), HPV39 (14.6), HPV51 (14.2)	17–34 yaş
Fındık ve arkadaşları, 2012	Türkiye (Konya)	19.2	-	HPV16 (18.7), HPV30+50 (12.5)	-
Tsakogiannis ve arkadaşları, 2025	Yunanistan	8.8	-	HPV16 (20.8), HPV31 (16.3), HPV66 (11.7), HPV56 (11.1)	-
Butsashvili ve arkadaşları, 2016	Gürcistan	12.5	-	HPV6 (39.2), HPV16 (25.6), HPV18 (18.8)	-
Kulmala ve arkadaşları, 2007	Rusya / Belarus / Letonya	33.4 / 27.5 / 26.2	-	HPV16 (16.5), HPV18/45 (6.3), HPV31 (4.8)	-
Derbie ve arkadaşları, 2023	Etiyopya	-	53	HPV16 (50.4), HPV31 (9.7), HPV33 (8.5), HPV39 (5.8)	-
Chen ve arkadaşları, 2022	Çin (Putian)	-	9.6	HPV16, HPV52, HPV58 (1.2; 4.1; 1.8)	60-70 yaş
Liu ve arkadaşları, 2024	Çin (Jingzhou)	-	-	-	≤20 ve ≥61 yaş
Tsakogiannis ve arkadaşları, 2021	Yunanistan	-	25.5 (31–35 yaş)	-	31–35 yaş
Ardekan ve arkadaşları, 2025	İran (Rey)	-	54 (25–34 yaş)	-	25–34 yaş
Gupta ve arkadaşları, 2023	Hindistan	-	7.1	HPV16	15–29 yaş
Pista ve arkadaşları, 2011	Portekiz	-	19.4	-	18–24 yaş

olarak saptanmış, hastaların %31.3'ünde en az bir yüksek riskli HPV genotipi tespit edilmiştir.

Türkiye'nin İstanbul şehrinde yapılan çalışmada HPV genotiplerinin genel pozitiflik oranı bizim çalışmamıza benzer olmasına karşın (%36.3), HR- HPV genotip oranı (%40.7) daha yüksek saptanmıştır[12]. Konya'da yapılan çalışmadaysa HPV'nin genel pozitiflik oranı daha düşük (%19.2) saptanmış saptanmış ve pozitif saptanan hastaların sadece %11.6'da HR-HPV genotipi tespit edilmiştir[13]. Tablo II'de dünya ülkelerinde kadınlar üzerinde yapılmış farklı çalışmalarda HPV ve HR-HPV genotip oranları karşılaştırılmıştır.

HPV enfeksiyonunun küresel yaygınlığı ve bölgesel farklılıkları, hastalığın dinamiklerini anlamak ve etkili koruyucu sağlık stratejileri geliştirmek açısından kritik bir öneme sahiptir. American Society for Colposcopy and Cervical Pathology (ASCCP)'nin 2019 kılavuz önerilerine göre, HR- HPV genotipine sahip bir kadında yıllık HPV testi ile birlikte altı ay aralıklarla sitoloji takibi veya üç yılda bir HPV testi ile birlikte yılda bir kez sitoloji takibi yapılması önerilmektedir. Ayrıca, bu hasta grubuna servikal intraepitelyal neoplazi ve servikal kanserin önlenmesine katkı sağlamak amacıyla dokuz bileşenli HPV aşısı uygulanması tavsiye edilmektedir[14].

Vinodhini ve arkadaşları tarafından[15] yapılan ve farklı kıtalardan 576.281 kadının dahil edildiği kapsamlı çalışmada genel HPV prevalansı %32.1 olarak bildirilmiştir. Bölgesel dağılıma bakıldığında, en yüksek yaygınlık oranının %57.7 ile Doğu Asya'da olduğu belirtilmiştir. Ayrıca, gelişmekte olan ülkelerde HPV yaygınlığı %42.2 iken, gelişmiş ülkelerde bu oran %22.6 olarak saptanmıştır[15]. Bu meta-analizde HPV prevalansının özellikle genç yaş gruplarında daha yüksek olduğu ve yaş ilerledikçe azalma eğilimi gösterdiği bildirilmiştir. Çalışmamızda da benzer şekilde HR-HPV pozitifliği en yüksek 18–20 yaş grubunda (%50) saptanmış, 51 yaş ve üzerindeki kadınlarda ise %20'nin altına düşmüştür. Chen ve arkadaşları tarafından[16] yapılan, Çin'in Putian bölgesinde 40.693 kadını kapsayan toplum temelli tarama çalışmasında genel HPV pozitifliği %9.6 olarak bildirilmiş; yaş gruplarına göre HPV pozitiflik oranlarının 30–39 yaş grubunda %8.2, 40–49 yaş grubunda %8.6, 50–59 yaş grubunda %10.0 ve 60–70 yaş grubunda %12.3 olduğu ve yaşla birlikte kademeli olarak arttığı gösterilmiştir. Çalışmamızda ise HR-HPV genotipleri değerlendirildiğinden, doğrudan karşılaştırma yapmak mümkün olmamakla birlikte, en yüksek HR-HPV pozitifliği 18–20 yaş grubunda (%50) saptanmış, bunu 31–40 yaş (%32.4) ve 21–30 yaş (%31.7) grupları izlemiştir. İleri yaş gruplarında ise HR-HPV pozitifliği azalma eğilimi göstermiştir.[16] Kulmala ve arkadaşları'nın[17] Rusya, Belarus ve Letonya'da yaptığı çalışmada pozitiflik oranları ise sırasıyla %33.4, %27.5 ve %26.2 olarak bildirilmiştir. Bizim yaptığımız çalışmada saptanan genel HPV pozitiflik oranı (%37.7) Azerbaycan'ın yerleştiği coğrafi bölgenin epidemiyolojik verileri ile uyum göstermektedir.

Dünya genelinde yapılmış bazı araştırmalarda ise HPV prevelansının daha düşük olduğu gözlemlenmiştir. Çünkü HPV prevalansı bölgesel, sosyoekonomik ve tarama uygulamalarına bağlı olarak değişkenlik gösterebilir. Komşu ülkelerden Gürcistan'da gerçekleştirilen bir çalışmada genel HPV pozitifliği %12.5 olarak bildirilmiş olup, bu oran araştırmamızda saptanan HPV prevalansından daha düşüktür.[18] Yunanistan'da yapılmış bir çalışmada ise genel HPV prevalans oranı %8.8 olarak saptanmıştır[19].

Araştırmamızda en çok saptanan yüksek riskli genotipler olan HPV 16, HPV 52 ve HPV 66 (sırasıyla; %21.9, %13.7, %12.4), dünya genelinde yapılan benzer çalışmalarda da en çok görülen yüksek riskli genotiplerdir (Tablo II). Farklı bölgelerde dominant HR-HPV genotiplerinin dağılımı değişkenlik gösterse de bazı genotiplerin küresel ölçekte yaygın olması dikkat çekicidir. Çin'in Putian bölgesinde yapılan çalışmada HPV-16, HPV-52 ve HPV-58 (%1.2, %4.1, %1.8) yüksek riskli genotipleri daha çok saptanmıştır ki bu bizim

çalışmamızda en çok görülen genotipler olan HPV-16 ve HPV-52 (%21.9 ve %13.7) ile uyumludur[16]. Ayrıca, hem bizim çalışmamızda hem de Putian örneğinde HPV-52'nin dikkat çekici bir sıklıkla görülmesi, bu genotipin Asya bölgesinde öneminin giderek arttığını göstermektedir. Genotip dağılımındaki bu farklılıklar, bölgesel aşı geliştirme stratejilerinde yerel verilerin göz önünde bulundurulması gerekliliğini de ortaya koymaktadır. Ayrıca, dünya genelinde HPV enfeksiyonlarında belirli genotiplerin öne çıkması ise tarama testlerinin hedeflenmesi ve aşı geliştirme stratejileri açısından önemli ipuçları vermektedir.

Afrika gibi yüksek servikal kanser insidansına sahip bölgelerde, HPV genotip dağılımının detaylı incelenmesi, bölgesel sağlık stratejilerinin oluşturulması açısından kritik öneme sahiptir. Derbie ve arkadaşları[20] Etiyopya'da yaptıkları araştırmada HPV 16 (%50.4), HPV 31 (%9.7) HPV 33 (%8.5) ve HPV 39 (%5.8) en yüksek sıklıkla saptanan yüksek riskli genotipler olmuştur. Vinodhini ve arkadaşlarının[15] çok kıtalı meta-analizinde HPV16 (%9.5) ve HPV18 (%6.2) dünya genelinde en sık bildirilen yüksek riskli genotipler olarak rapor edilmiştir. Ancak bu çalışma farklı yaş gruplarını ve farklı çalışma tasarımlarını içeren geniş kapsamlı bir derleme olduğundan sonuçlar doğrudan karşılaştırılabilir değildir. Buna rağmen çalışmamızda da HPV16'nın en sık görülen yüksek riskli genotip olması literatürle uyumludur. Çalışmamızda da her iki çalışmaya uyumlu olarak HPV16'nın (%21.9) Azerbaycan'da dominant HR-HPV genotipi olduğu tespit edilmiştir.

HPV genotiplerinin yaş gruplarına göre dağılımı, özellikle genç yaşlarda enfeksiyon riskinin daha yüksek olduğunu ortaya koyarak tarama ve aşı politikalarının hedeflenmesi açısından önemli veriler sunmaktadır. Çalışmamızda, HR-HPV genotiplerinin özellikle genç yaşta olan kadınlarda yaygın olduğu bulunmuştur (18-40 yaş). Sonuçlara göre 18–20 yaş grubunda HR-HPV prevalansı %50 gibi oldukça yüksek bir oranla dikkat çekmiş, bunu 31–40 yaş grubu (%32.4) ve 21–30 yaş grubu (%31.7) izlemiştir. Bu durum, cinsel aktivitenin başladığı erken yaşların HPV enfeksiyon riskini artırdığına dair literatürle uyum göstermektedir[21].

Tablo II'de dünya genelinde yapılan birkaç araştırmada HR-HPV genotiplerinin yaş gruplarına göre dağılımı karşılaştırılmıştır. Farklı ülkelerde yapılan çalışmalarda da genç yaş grubunun HR-HPV enfeksiyonları açısından en duyarlı dönem olduğu tespit edilmiştir. Hindistan'da Gupta ve arkadaşları[22] tarafından yapılan bir çalışmada da 15–29 yaş aralığı HPV açısından en riskli dönem olarak bildirilmiştir. Alacam ve arkadaşlarının[12] Türkiye'de yaptıkları çalışmada ise HR-HPV enfeksiyonları en sık 17–34 yaş grubunda tespit edilmiştir.

Yaşa bağlı HR-HPV dağılımı, ülkeler arasında farklılık gösterse de bazı çalışmalarda enfeksiyonun iki farklı yaş grubunda zirve yaptığı görülmüştür. Bu durum, hem cinsel aktivite başlangıcı, hem de bağışıklık sistemindeki yaşa bağlı değişikliklerle ilişkilendirilebilir. İran'da Ardekan ve arkadaşlarının yaptığı çalışmada[23] en yüksek HR-HPV oranı 25–34 yaş grubunda (%54) gözlemlenmiştir. Çin'de Liu ve arkadaşları[24] tarafından yapılan bir araştırmada ise hem 20 yaş altı hem de 61 yaş üzeri kadınlarda HR-HPV pozitifliğinin benzer şekilde yüksek olması (%20 civarı) bimodal dağılımı göstermektedir. Bu bulgular, HPV

tarama programlarının sadece üreme çağındaki kadınlara değil, aynı zamanda menopoz sonrası dönemdeki kadınlarda da yaygınlaştırılması gerektiğine işaret etmektedir.

Pista ve arkadaşları[25] Portekizli kadınlar arasında HPV yayılımını inceledikleri çalışmalarında, 18–24 yaş aralığındaki kadınlarda (18-20 yaşlarında %27, 20-24 yaşlarında %28.8) prevalansın en yüksek olduğunu bildirmişlerdir. Bu durum, HPV enfeksiyonlarının cinsel aktivitenin başlangıç döneminde daha yaygın olduğunu göstermektedir. Benzer şekilde, mevcut çalışmamızda da 18–20 yaş aralığındaki kadınlarda yüksek riskli HPV genotiplerinin daha sık saptanması (%50), bu yaş grubunun HPV açısından en duyarlı gruplardan biri olduğunu ve korunma stratejilerinin bu yaş aralığına yöneltilmesinin önemini ortaya koymaktadır.

Karşılaştırılan çalışmaların büyük bölümü servikal sürüntü örneklerinde PCR tabanlı HPV genotiplendirmesi yapan laboratuvar temelli araştırmalardır.

Azerbaycan'ın farklı coğrafi bölgelerinde HPV prevalansındaki farklılıklar; bölgesel sağlık politikaları, kültürel faktörler ve HPV aşılaması gibi faktörlerin etkisini yansıtmaktadır. HPV genotiplerinin dağılımının belirlenmesi, enfeksiyonun onkojenik potansiyelinin ve bölgesel risk profilinin belirlenmesinde önemli bir göstergedir. Sonuçlar, özellikle Azerbaycan'da HPV-16'nın en sık rastlanan yüksek riskli tip olduğunu ortaya koyarken, HPV-52 ve HPV-66'nın da dikkat çeken oranlarda saptandığını göstermiştir. Özellikle bivalan aşıda yer alan HPV-18 genotipinin çalışmamızda ilk sıralarda yer almaması ve HPV66'nın dikkat çekici sıklıkta saptanması, ülkemizdeki genotip dağılımının izlenmesinin ve gelecekteki aşılama stratejilerinin yerel epidemiyolojik veriler ışığında değerlendirilmesinin önemini göstermektedir. HPV-16 ve HPV-18'e karşı mevcut aşılarla korunma sağlanabilmesine rağmen, diğer yüksek riskli genotiplerin ilerleyen süreçte önemli bir halk sağlığı sorunu yaratma tehlikesi vardır. Çalışma bulguları, Azerbaycanlı kadınlar arasında HPV'ye bağlı serviks kanseri riskinin özellikle genç yaş gruplarında yüksek olduğunu ve koruyucu önlemlerin küçük yaşlardan hayata geçirilmesi gerekliliğini göstermektedir.

Bu çalışmanın bazı sınırlılıkları bulunmaktadır. Çalışma retrospektif ve laboratuvar temelli olduğu için katılımcıların jinekolojik muayene bulguları, eşlik eden vajinal enfeksiyonları, diğer cinsel yolla bulaşan etkenlerle ilgili verilere ulaşılamamıştır. Bu nedenle elde edilen sonuçlar yalnızca moleküler HPV genotip dağılımı açısından değerlendirilmiştir.

Ayrıca çalışmamız laboratuvara başvuran kadınlardan elde edilen verilerle sınırlı olup toplum temelli örneklem içermemektedir. Bu nedenle sonuçlar Azerbaycan genel kadın popülasyonunun prevalansını temsil etmemektedir.

Çalışma tasarımı moleküler HPV genotiplendirme sonuçlarına odaklanmıştır. Sitolojik ve histopatolojik veriler araştırma kapsamına dahil edilmediğinden, HPV genotipleri ile servikal lezyonlar arasındaki ilişki değerlendirilememiştir.

Çalışmamızın metodolojisinin daha iyi anlaşılabilmesi açısından belirtmek isteriz ki; bu araştırma, farklı kamu ve özel sağlık kuruluşlarından moleküler HPV analizi amacıyla laboratuvarımıza gönderilen servikal örneklerin sonuçlarına dayanan, özel bir referans

laboratuvarında yürütülmüş laboratuvar temelli retrospektif bir çalışmadır. Laboratuvarımıza yalnızca analiz amacıyla örnek gönderildiğinden, hastaların başvuru nedenleri, jinekolojik muayene bulguları, sitolojik inceleme sonuçları ve klinik takip verileri laboratuvar bilgi yönetim sisteminde yer almamaktadır.

Toplumun HPV ve servikal kanser konusunda bilinçlendirilmesi, sağlık personelinin bu alandaki bilgi ve becerilerinin artırılması ve tarama-aşılama hizmetlerinin erişilebilirliğinin sağlanması, uzun vadede hastalık yükünü azaltmada kritik rol oynayacaktır. Bu yönde atılacak adımlar, yalnızca bireysel sağlığı değil, aynı zamanda toplumun genel refahını da koruyacak ve güçlendirecektir.

ETİK KURUL ONAYI

Bu çalışma, İnci Laboratuvarları Etik Kurulu (Bakü, Azerbaycan) tarafından onaylanmıştır (Tarih: 20.05.2025).

ÇIKAR ÇATIŞMASI

Yazarlar bu makale ile ilgili herhangi bir çıkar çatışması bildirmemişlerdir.

KAYNAKLAR

1. World Health Organization (WHO). Human papillomavirus and cancer. Update. 2024. Erişim adresi: https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/human-papilloma-virus-and-cancer (Erişim tarihi: 24.10.2026).
2. Siegler E, Reichman Y, Kugelman N, Mackuli L, Lavie O, Ostrovsky L, et al. Low-risk human papillomavirus types in cervical intraepithelial neoplasia 2-3 and in invasive cervical cancer patients. J Low Genit Tract Dis 2019; 23(4): 248-52. https://doi.org/10.1097/LGT.0000000000000486
3. Luhn P, Walker J, Schiffman M, Zuna RE, Dunn ST, Gold MA, et al. The role of co-factors in the progression from human papillomavirus infection to cervical cancer. Gynecol Oncol 2012; 128(2): 265-70. https://doi.org/10.1016/j.ygyno.2012.11.003
4. Akbari E, Milani A, Seyedinkhorasani M, Bolhassani A. HPV co-infections with other pathogens in cancer development: A comprehensive review. J Med Virol 2023; 95(11): e29236. https://doi.org/10.1002/jmv.29236
5. Sung H, Ferlay J, Siegel RL, Laversanne M, Soerjomataram I, Jemal A, et al. Global Cancer Statistics 2020: GLOBOCAN Estimates of incidence and mortality worldwide for 36 cancers in 185 countries. CA Cancer J Clin 2021; 71(3): 209-49. https://doi.org/10.3322/caac.21660
6. Hull R, Mbele M, Makhafola T, Hicks C, Wang S, Reis RM, et al. Cervical cancer in low and middle-income countries. Oncol Lett 2020; 20(3): 2058-74. https://doi.org/10.3892/ol.2020.11754
7. HPV Information Centre. Human papillomavirus and related diseases report: Azerbaijan. Erişim adresi: https://hpvcentre.net/statistics/reports/AZE.pdf (Erişim tarihi: 10.03.2023).
8. Schiffman M, Castle PE, Jeronimo J, Rodriguez AC, Wacholder S. Carcinogenic human papillomavirus infection. Nat Rev Dis Primers 2016; 2: 16086. https://doi.org/10.1038/nrdp.2016.86
9. Drolet M, Bénard É, Boily M, Ali H, Baandrup L, Bauer H, et al. Population-level impact and herd effects following human papillomavirus vaccination programmes: a systematic review and meta-analysis. Lancet Infect Dis 2015; 15: 565-80. https://doi.org/10.1016/S1473-3099(14)71073-4
10. Moreau F, Fetouchi R, Micalessi I, Brejeon V, Bacon N, Jannes G, et al. Detection and genotyping of human papillomavirus by real-time PCR assay. J Clin Virol 2013; 56(3): 244-9. https://doi.org/10.1016/j.jcv.2012.11.003

11. Davies P, Aluloski I, Arifdjanova D, Maksumic AD, Umarzoda SG, Gutu V, et al. Update on HPV vaccination policies and practices in 17 Eastern European and Central Asian countries and territories. Asian Pac J Cancer Prev 2023; 24(12): 4227-35. https://doi.org/10.31557/APJCP.2023.24.12.4227
12. Alacam S, Bakir A. Human papillomavirus prevalence and genotype distribution in cervical swab samples in Istanbul, Turkey. J Infect Dev Ctries 2021; 15(8): 1190-6. https://doi.org/10.3855/jidc.14663
13. Fındık D, Türk Dağı H, Arslan U, Fındık Y. Servikal örneklerde human papillomavirus sıklığı ve genotip dağılımı. Genel Tıp Derg 2012; 22(4): 116-20.
14. Perkins RB, Guido RS, Castle PE, Chelmow D, Einstein MH, Garcia F, et al. 2019 ASCCP risk-based management consensus guidelines for abnormal cervical cancer screening tests and cancer precursors. J Low Genit Tract Dis 2020; 24(2): 102-31. https://doi.org/10.1097/LGT.0000000000000525
15. Vinodhini K, Shanmughapriya S, Das BC, Natarajaseenivasan K. Prevalence and risk factors of HPV infection among women from various provinces of the world. Arch Gynecol Obstet 2012; 285(3): 771-7. https://doi.org/10.1007/s00404-011-2155-8
16. Chen Z, Lin H, Zheng J, Cai L, Chen Z, Li J, et al. Epidemiological study of HPV infection in 40,693 women in Putian: a population study based on screening for high-risk HPV infection. BMC Infect Dis 2022; 22: 893. https://doi.org/10.1186/s12879-022-07893-3
17. Kulmala SA , Shabalova İP, Petrovitchev N, Syrjänen KJ, Gyllensten UB, Johansson BC, et al. Type-specific persistence of high-risk human papillomavirus infections in the New Independent States of the former Soviet Union Cohort Study. Cancer Epidemiol Biomarkers Prev 2007; 16(1): 17-22. https://doi.org/10.1158/1055-9965.EPI-06-0649
18. Butsashvili M, Kajaia M, Kochlamazashvili M, Zarandia M, Gagua T, Meskhishvili D, et al. Genotypic distribution of HPV among women of reproductive age in Georgia. Georgian Med News 2016; (258): 40-3.
19. Tsakogiannis D, Zografos E, Tzioga L, Zografos CG, Zagouri F, Bletsa G. Prevalence and genotype distribution of high-risk HPV genotypes among women in Greece: a retrospective analysis of 3500 women. Cancers 2025; 17(8): 1267. https://doi.org/10.3390/cancers17081267
20. Derbie A, Maier M, Amare B, Misgan E, Nibret E, Liebert UG, et al. High-risk human papillomavirus genotype distribution among women with gynecology complaints in northwest Ethiopia. Infect Agent Cancer 2023; 18: 4. https://doi.org/10.1186/s13027-023-00481-3
21. Baisley KJ, Andreasen A, Irani J, Nnko S, Changalucha J, Crucitti T, et al. HPV prevalence around the time of sexual debut in adolescent girls in Tanzania. Sex Transm Infect 2020; 96(3): 211-9. https://doi.org/10.1136/sextrans-2019-054012
22. Gupta B , Sunnam LB, Kumar A, Parikipandla S. Prevalence of human papillomavirus 16 genotype in Anuppur district, Madhya Pradesh. Mol Biol Rep 2021; 48(1): 503-11. https://doi.org/10.1007/s11033-020-06082-2
23. Ardekani OS, Bashiri N, Letafati A, Taheri S, Pasand FSH, Rahmanian M, et al. Prevalence and genotype distribution of human papillomavirus in individuals referred to a laboratory in Rey city, İran. Discover Social Science and Health 2025; 5: 80. https://doi.org/10.1007/s44155-025-00227-z
24. Liu S, Mei B, Ouyang Y, Li C. Prevalence and genotype distribution of human papillomavirus infection among women in Jingzhou, China: a population-based study of 51,720 women. Virol J 2023; 20(1): 297. https://doi.org/10.1186/s12985-023-02262-1
25. Pista A, Freire de Oliveira C, Cunha MJ, Paixao MT, Real O; CLEOPATRE Portugal Study Group. Prevalence of human papillomavirus infection in women in Portugal: the CLEOPATRE Portugal study. Int J Gynecol Cancer 2011; 21(6): 1150-8. https://doi.org/10.1097/IGC.0b013e31821dd3b2

Bu eser CC BY-NC Atıf-GayriTicari Türev Eser Yaratma 4.0 Uluslararası Lisansı kapsamında lisanslanmıştır.
Veri Paylaşım Beyanı: Bu çalışmanın bulgularını destekleyen veriler, makul talepler doğrultusunda sorumlu yazardan temin edilebilir.
©Telif Hakkı 2026 Mikrobiyoloji Bülteni'ne aittir. Makale metnine www.mikrobiyolbul.org web sayfasından ulaşılabilir.