flora
ARAŞTIRMA MAKALESİ/RESEARCH ARTICLE
FLORA 2026;31(3):256-261 • doi: 10.5578/flora.2026031663

Servikal Örneklerde HPV DNA Pozitifliği ve Genotip Dağılımının Sitolojik Bulgularla İlişkisi: Bir Üniversite Hastanesinin 2025 Yılı Verileri

HPV DNA Positivity, Genotype Distribution, and Their Relationship With Cytological Findings in Cervical Samples: 2025 Data From a University Hospital

Ayça BAYRAK[1](İD), Sevinç YENİCE AKTAŞ[1](İD), Özden YÜLEK[2](İD), Senay BALAM YILDIRIM[3](İD), Alper AKÇALI[1](İD)

[1] Çanakkale Onsekiz Mart Üniversitesi Tıp Fakültesi, Tıbbi Mikrobiyoloji Anabilim Dalı, Çanakkale, Türkiye
[2] Çanakkale Onsekiz Mart Üniversitesi Tıp Fakültesi, Tıbbi Patoloji Anabilim Dalı, Çanakkale, Türkiye
[3] Çanakkale Onsekiz Mart Üniversitesi Tıp Fakültesi, Kadın Hastalıkları ve Doğum Anabilim Dalı, Çanakkale, Türkiye

Makale atfı: *Bayrak A, Yenice Aktaş S, Yülek Ö, Balam Yıldırım S, Akçalı A. Servikal örneklerde HPV DNA pozitifliği ve genotip dağılımının sitolojik bulgularla ilişkisi: Bir üniversite hastanesinin 2025 yılı verileri. FLORA 2026;31(3):256-261.*

ÖZ

Giriş: *İnsan papilloma virüsü (HPV), serviks kanserinin başlıca etiyolojik etkenidir. HPV prevalansı ve genotip dağılımı coğrafi bölgeye, yaşa ve incelenen popülasyona göre değişiklik gösterebilmektedir. Bu çalışmada, bir üniversite hastanesinde 2025 yılında değerlendirilen servikal örneklerde HPV DNA pozitifliği, genotip dağılımı ve sitolojik bulgular arasındaki ilişkinin araştırılması amaçlanmıştır.*

Materyal ve Metod: *Çalışmaya, 2025 yılında tıbbi mikrobiyoloji laboratuvarında incelenen ve eş zamanlı servikal sitoloji sonucu bulunan, 18 yaş ve üzerindeki hastalara ait servikal sürüntü örnekleri dahil edildi. Birden fazla test sonucu bulunan hastalarda yalnızca ilk başvuruya ait veriler değerlendirildi. Ayrıca HPV DNA genotiplendirmesi gerçek zamanlı polimeraz zincir reaksiyonu yöntemiyle yapıldı. Sitoloji sonuçları Bethesda sınıflamasına göre değerlendirildi ve istatistiksel analizlerde normal veya anormal sitoloji olarak gruplandırıldı. Verilerin analizinde Mann-Whitney U testi, Pearson ki-kare testi ve lojistik regresyon analizi kullanıldı.*

Bulgular: *Çalışmaya toplam 1671 hasta dahil edildi. Örneklerin 364 (%22)'ünde HPV DNA pozitifliği saptandı. Çalışmada HPV pozitif hastaların 252 (%69)'sinde tek genotip, 112 (%31)'sinde ise çoklu genotip pozitifliği saptandı. En sık HPV16, ikinci sıklıkta ise HPV52 genotipi saptandı. İnsan papilloma virüsü pozitif hastaların 60 (%16)'ında, HPV negatif hastaların ise dördünde (%0.3) anormal sitoloji saptandı. Çoklu genotip pozitif örneklerde anormal sitoloji oranı, tek genotip pozitif örneklere göre anlamlı olarak daha yüksekti. İnsan papilloma virüsü pozitif hastaların ortanca yaşı HPV negatif hastalardan, çoklu genotip pozitif hastaların ortanca yaşı ise tek genotip pozitif hastalardan anlamlı olarak düşüktü. Lojistik regresyon analizinde, çoklu HPV infeksiyonunun anormal sitolojiyle bağımsız olarak ilişkili olduğu gösterildi.*

Sonuç: *Çalışmamızda servikal örneklerde HPV pozitiflik oranı %22 olarak saptandı; en sık saptanan genotip ise HPV16 idi. Çoklu HPV infeksiyonu, anormal sitolojiyle bağımsız olarak ilişkili bulundu. Bulgularımız, HPV prevalansı ve genotip dağılımının bölgesel olarak değerlendirilmesinin tarama ve aşılama stratejilerinin planlanmasında yararlı olabileceğini düşündürmektedir.*

Anahtar Kelimeler: *HPV DNA; Genotip dağılımı; Servikal sitoloji; Çoklu HPV infeksiyonu*

Geliş Tarihi/Received: 28/04/2026 - Kabul Ediliş Tarihi/Accepted: 21/07/2026

Creative Commons Atıf-GayriTicari 4.0 Uluslararası (CC BY-NC 4.0) Uluslararası Lisansı ile lisanslanmış, açık erişimli bir makaledir.
Veri Paylaşım Beyanı: Bu çalışmanın bulgularını destekleyen veriler, makul talepler doğrultusunda sorumlu yazardan temin edilebilir.
©Telif Hakkı 2026 Flora. Makale metnine www.floradergisi.org web adresinden ulaşılabilir.

Çevrim İçi Yayın Tarihi: 13.10.2026

ABSTRACT

Introduction: *Human papillomavirus (HPV) is the major etiological agent in the development of cervical cancer. HPV prevalence and genotype distribution may vary by geographical region, age, and study population. This study aimed to investigate the relationship between HPV DNA positivity, genotype distribution, and cytological findings in cervical samples evaluated at a university hospital in 2025.*

Materials and Methods: *The study included cervical swab samples obtained from patients aged 18 years or older that were tested in the medical microbiology laboratory during 2025 and had concurrent cervical cytology results. For patients with more than one test result, only data from the first presentation were evaluated. HPV DNA genotyping was performed using real-time polymerase chain reaction. Cytology results were evaluated according to the Bethesda classification and grouped as normal or abnormal for the statistical analyses. The Mann-Whitney U test, Pearson's Chi-square test, and logistic regression analysis were used for statistical evaluation.*

Results: *A total of 1671 patients were included in the study. HPV DNA positivity was detected in 364 samples (22%). Among HPV-positive patients, 252 (69%) had a single genotype and 112 (31%) had multiple genotypes. HPV16 was the most frequently detected genotype, followed by HPV52. Abnormal cytology was detected in 60 HPV-positive patients (16%) and in four HPV-negative patients (0.3%). The rate of abnormal cytology was significantly higher in samples positive for multiple genotypes than in those positive for a single genotype. The median age of HPV-positive patients was significantly lower than that of HPV-negative patients, and the median age of patients with multiple HPV genotypes was significantly lower than that of patients with a single genotype. Logistic regression analysis showed that infection with multiple HPV genotypes was independently associated with abnormal cytology.*

Conclusion: *In this study, the HPV positivity rate in cervical samples was 22%, and HPV16 was the most frequently detected genotype. Infection with multiple HPV genotypes was independently associated with abnormal cytology. Our findings suggest that regional evaluation of HPV prevalence and genotype distribution may be useful for planning screening and vaccination strategies.*

Key Words: *HPV DNA; Genotype distribution; Cervical cytology; Multiple HPV infection*

GİRİŞ

İnsan papilloma virüsü [human papillomavirus (HPV)], dünya genelinde infeksiyonla ilişkili kanserler arasında önemli bir yere sahiptir[1]. Ülkemizde de serviks kanseri önemli bir halk sağlığı sorunu olmaya devam etmektedir[2]. Bugüne kadar HPV'nin 200'den fazla genotipi tanımlanmış olup bunların karsinojenitesi ve yaygınlığı değişkenlik göstermektedir[3]. Bu genotiplerden 17'sinin invaziv servikal karsinom ile ilişkili olduğu saptanmış, HPV16 ve HPV18 genotipleri ise dünya genelindeki serviks kanseri olgularının yaklaşık %70'inden sorumlu tutulmuştur[4]. Özellikle persistan yüksek riskli HPV infeksiyonunun, servikal lezyonların ve serviks kanserinin gelişiminde temel rol oynadığı gösterilmiştir[5].

Türkiye'de serviks kanserinden korunmaya yönelik ulusal tarama programı kapsamında 30-65 yaş aralığındaki kadınlara beş yılda bir HPV DNA temelli tarama uygulanmaktadır[2,6]. Buna karşın, HPV aşısı Türkiye'de henüz ulusal bağışıklama programında yer almamaktadır[6]. Güncel olarak kullanılan aşılar arasında bivalan aşı HPV16 ve HPV18'i, quadrivalan aşı HPV6, 11, 16 ve 18'i, dokuz valanlı aşı ise HPV6, 11, 16, 18, 31, 33, 45, 52 ve 58 tiplerini kapsamaktadır[7].

İnsan papilloma virüsü prevalansı ve genotip dağılımının yaş, coğrafi bölge, çalışılan popülasyon ve kullanılan tanı yöntemine göre değişkenlik gösterebildiği bilinmektedir[8-11]. Bu nedenle, toplumdaki HPV genotip dağılımının belirlenmesi, serviks kanseri tarama programlarının planlanması ve aşılama stratejilerinin geliştirilmesi açısından önem taşımaktadır[4]. Ayrıca, HPV DNA pozitifliği ile servikal sitolojik bulgular arasındaki ilişkinin incelenmesi, HPV infeksiyonlarının klinik öneminin daha iyi anlaşılmasına katkı sağlayabilir[12-14].

Bu çalışmada, 2025 yılı içerisinde hastanemiz tıbbi mikrobiyoloji laboratuvarına gelen servikal sürüntü örneklerine ait HPV DNA sonuçları ile eş zamanlı alınan ve aynı kurumun patoloji laboratuvarında değerlendirilen servikal sitoloji sonuçları retrospektif olarak değerlendirilmiştir. Çalışmanın amacı, HPV'ye ilişkin yerel epidemiyolojik verileri ortaya koymak, bu veriler ile sitolojik bulgular arasındaki ilişkiyi değerlendirmek ve elde edilen sonuçlarla tarama ve aşılama programlarına katkı sağlayabilmektir.

MATERYAL ve METOD

Bu çalışma, Çanakkale Onsekiz Mart Üniversitesi Girişimsel Olmayan Klinik Araştırmalar Etik Kurulu tarafından onaylanmıştır (25.03.2026 tarih ve 2026-05/05-03 sayılı karar).

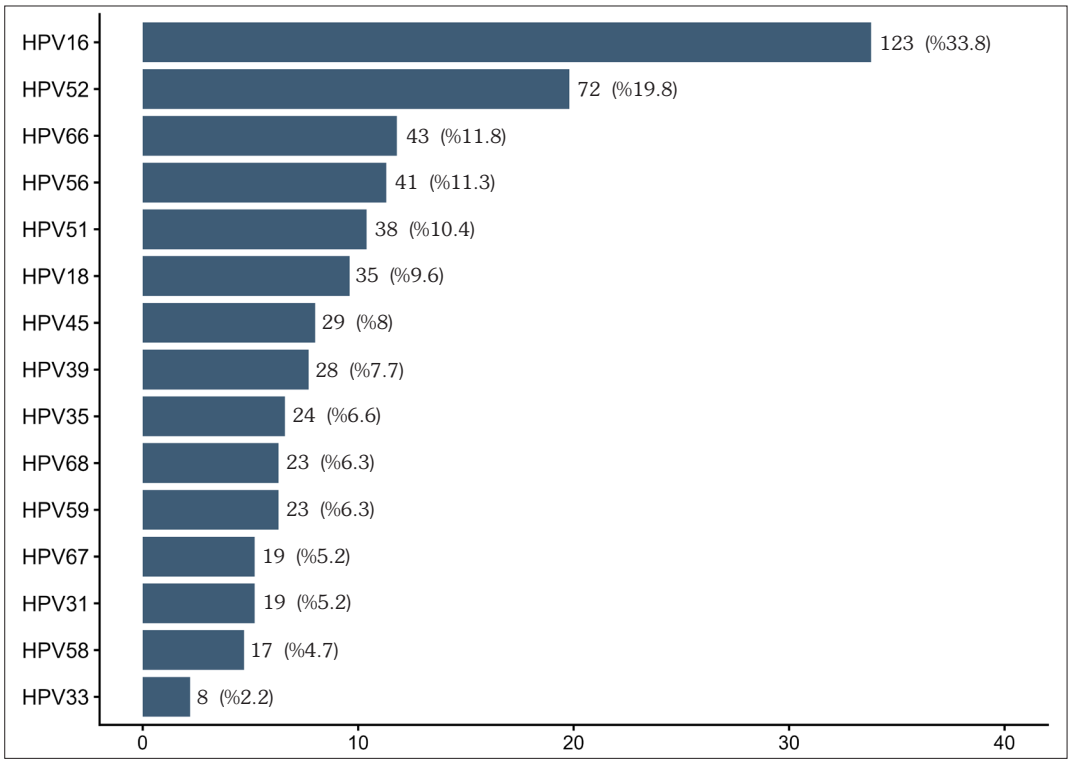
Çalışmaya, 2025 yılı içerisinde kurumumuz tıbbi mikrobiyoloji laboratuvarında çalışılan servikal sürüntü örneklerine ait HPV DNA sonuçları dahil edildi. Eş zamanlı servikal sitoloji sonucu bulunan 18 yaş ve üzerindeki hastalar çalışmaya

alındı. Birden fazla test sonucu bulunan hastalarda yalnızca ilk başvuruya ait veriler değerlendirildi. Hastalara ait demografik veriler ve test sonuçları, hastane bilgi yönetim sistemi üzerinden retrospektif olarak incelendi. Belirlenen dönemde HPV DNA genotiplendirmesi, Montania 4896 gerçek zamanlı polimeraz zincir reaksiyonu cihazında (Anatolia Geneworks, Türkiye) gerçekleştirildi. Bu amaçla, yüksek riskli HPV genotiplerini (16, 18, 31, 33, 35, 39, 45, 51, 52, 56, 58, 59, 66, 67 ve 68) saptayan Bosphore HPV Genotyping High Risk v1 kiti (Anatolia Geneworks, Türkiye) kullanıldı. Eş zamanlı alınan servikal sitoloji örnekleri ise aynı kurumun patoloji laboratuvarında Bethesda sınıflamasına göre değerlendirildi. Sitoloji sonuçları, intraepitelyal lezyon veya malignite açısından negatif, önemi belirsiz atipik skuamöz hücreler (ASC-US), düşük dereceli skuamöz intraepitelyal lezyon (LSIL), yüksek dereceli skuamöz intraepitelyal lezyon (HSIL) ve skuamöz hücreli karsinom (SCC) olarak kategorize edildi. İstatistiksel analizlerde malignite açısından negatif sonuçlar normal, diğer kategoriler ise anormal sitoloji olarak değerlendirildi.

Verilerin istatistiksel analizinde MedCalc Statistical Software (MedCalc Software, Belçika) programı kullanıldı. İnsan papilloma virüsü pozitif ve negatif gruplar ile tek ve çoklu HPV genotipi taşıyan gruplar arasında yaş dağılımlarının karşılaştırılmasında Mann-Whitney U testi uygulandı. Kategorik değişkenler (HPV pozitifliği, tekli veya çoklu genotip saptanması, HPV16/18 varlığı) ile sitoloji sonuçları arasındaki ilişkilerin değerlendirilmesinde Pearson ki-kare testi kullanıldı. Anormal sitoloji ile ilişkili bağımsız faktörleri değerlendirmek için lojistik regresyon analizi yapıldı ve modele yaş ile çoklu HPV genotip pozitifliği değişkenleri dahil edildi. Sonuçlar odds oranı [odds ratio (OR)] ve %95 güven aralığı (GA) ile ifade edildi. Tüm istatistiksel analizlerde anlamlılık düzeyi $p< 0.05$ olarak kabul edildi.

BULGULAR

Çalışmaya yaşları 18-83 [ortalama yaş ± standart sapma (SS): 40.9 ± 11.6] arasında değişen 1671 hasta dahil edildi. Örneklerin 1307 (%78)'sinde HPV negatif, 364 (%22)'ünde HPV pozitif saptandı. İnsan papilloma virüsü pozitif hastaların 252 (%69)'sinde tek genotip, 112 (%31)'sinde ise çoklu genotip pozitifliği mevcuttu. İnsan papilloma virüsü pozitif örnekler birlikte değerlendirildiğinde en sık saptanan genotip HPV16 (n= 123), ikinci sırada ise HPV52 (n= 72) bulundu (Şekil 1). İkili genotip pozitif örnekler



Şekil 1. HPV genotip dağılımı.

Tablo 1. Çalışmaya dahil edilen örneklerin dağılımı ve sitoloji sonuçları

Bulgular	n (%)
Toplam örnek sayısı	1671
HPV negatif	1307 (%78)
Anormal sitoloji	4 (%0.3)*
HPV pozitif	364 (%22)
Tek genotip	252 (%69)†
Anormal sitoloji	21 (%8)‡
Çoklu genotip	112 (%31)†
Anormal sitoloji	39 (%35)§

* HPV negatif örnekler içindeki oranları verilmiştir.
† HPV pozitif örnekler içindeki oranları verilmiştir.
‡ Tek genotip pozitif örnekler içindeki oranları verilmiştir.
§ Çoklu genotip pozitif örnekler içindeki oranları verilmiştir.

(n= 72) içinde en sık saptanan kombinasyonlar HPV16-52, HPV51-56, HPV16-66, HPV16-51 ve HPV52-66 olup her biri dört olguda görüldü. HPV16-18 ikili pozitifliği ise iki olguda saptandı.

İnsan papilloma virüsü pozitif hastaların (n= 364) 60 (%16)'ında, HPV negatif hastaların (n= 1307) ise dördünde (%0.3) anormal sitoloji saptandı. Tüm çalışma grubunda (n= 1671) bakıldığında ise anormal sitoloji oranı %4 bulundu. İnsan papilloma virüsü pozitif hastaların 27 (%45)'sinde ASC-US, 26 (%43)'sında LSIL, altısında (%10) HSIL, birinde SCC (%2) saptandı. Tek genotip pozitif örneklerin 21 (%8)'inde, çoklu genotip pozitif örneklerin ise 39 (%35)'unda anormal sitoloji mevcuttu. Çoklu genotip pozitifliğindeki anormal sitoloji oranı istatistiksel olarak anlamlı düzeyde yüksek bulundu (p< 0.001) (Tablo 1).

Çalışmaya dahil edilen hastaların yaşları değerlendirildiğinde, HPV pozitif hastaların ortanca yaşı 37 [interquartile range (IQR)= 27-47], HPV negatif hastaların ise 42 (IQR= 33-49) bulundu ve bu farkın istatistiksel olarak anlamlı olduğu görüldü (p< 0.001). Ayrıca, çoklu HPV genotipi saptanan hastaların ortanca yaşı 34 (IQR= 24-46), tek genotip saptanan hastaların ise 39 (IQR= 28-47) olarak saptandı ve bu fark da anlamlı bulundu (p= 0.046). Lojistik regresyon analizinde yaş ve çoklu HPV infeksiyonu değişkenleri birlikte değerlendirildi. Yaş ile anormal sitoloji arasında istatistiksel olarak anlamlı ilişki saptanmazken (OR= 1.01; %95 GA= 0.99-1.03; p= 0.388), çoklu HPV infeksiyonunun anormal sitoloji ile bağımsız olarak ilişkili olduğu gösterildi (OR= 6.07; %95 GA: 3.34-11.06; p< 0.001).

TARTIŞMA

Türkiye'de yapılan çalışmalar ve küresel veriler, en sık saptanan HPV genotipinin HPV16 olduğunu göstermektedir. Bununla birlikte HPV prevalansı ve genotip dağılımının çalışılan popülasyona, yaş dağılımına ve coğrafi bölgeye göre değişiklik gösterebildiği bildirilmektedir[8-11,15-17]. Bizim çalışmamızda HPV pozitiflik oranı %22 olarak saptanmış ve benzer şekilde en sık görülen genotip HPV16 olmuştur. Çalışmamızda HPV16'dan sonra en sık saptanan ikinci genotip HPV52'dir. Bazı çalışmalarda HPV52'nin sık görülen genotipler arasında yer aldığı bildirilmiştir[18,19]. Ayrıca, HPV52'nin ASC-US ve ASC-H gruplarında en sık, LSIL ve HSIL gruplarında da sık görülen genotipler arasında yer aldığı gösterilmiştir[18]. Türkiye'den bildirilen çalışmalarda ise HPV52'nin sık görülen yüksek riskli genotipler arasında yer aldığı ancak sıralamasının bölgeye ve çalışılan popülasyona göre değişebildiği görülmektedir[17,20,21].

İnsan papilloma virüsü pozitifliğinin yaş gruplarına göre dağılımına ilişkin farklı sonuçlar bildirilmiştir. Genç yaşta yüksek prevalans bildiren çalışmaların yanı sıra, ileri yaş gruplarında daha yüksek prevalans bildiren çalışmalar da bulunmaktadır[10,11,15,19]. Bizim çalışmamızda ise HPV pozitifliği genç hastalarda anlamlı olarak daha sık saptanmıştır.

Güncel çalışmalarda çoklu HPV pozitifliğinin sıklığına ilişkin farklı sonuçlar mevcuttur. Bu farklılığın; kullanılan test yöntemine, düşük ve yüksek riskli tiplerin birlikte analiz edilip edilmemesine ve çalışma grubunun niteliğine (tarama popülasyonu veya seçilmiş hasta grubu) bağlı olabileceği belirtilmektedir[9,13,22-24]. Ülkemizde yapılan çalışmalarda HPV pozitif örneklerde birden fazla genotipin birlikte bulunma sıklığı Alışkan ve arkadaşlarının çalışmasında %44.1, Hançer ve arkadaşlarının çalışmasında %36 olarak bildirilmiştir[17,25]. Bizim çalışmamızda ise bu oran %31 olarak saptanmıştır.

Literatürde, çoklu HPV infeksiyonları ile servikal sitolojideki anormal bulgular arasındaki ilişki konusundaki sonuçlar değişkenlik göstermektedir[12-14,18]. Bazı çalışmalarda çoklu yüksek riskli HPV infeksiyonunun anormal sitoloji, HSIL ve

infeksiyon persistansı ile ilişkili olduğu gösterilmiştir[13,23,24,26]. Schmitt ve arkadaşları, yüksek viral yüke sahip çoklu HPV infeksiyonlarında sitolojik lezyon riskinin, yüksek viral yüke sahip tekli HPV infeksiyonlarına göre 4-6 kat arttığını göstermiştir. Ancak çalışmada çoklu infeksiyon varlığının, sitolojideki anormalliğin düşük dereceli mi yoksa yüksek dereceli mi olduğunu ayırt etmede yararlı olmadığı belirtilmiştir[26]. Bununla birlikte, Bruno ve arkadaşları, tekli HPV infeksiyonlarının yüksek dereceli lezyonlar ve skuamöz servikal karsinomda daha sık görüldüğünü, çoklu HPV infeksiyonlarının ise daha çok düşük dereceli ve erken evre lezyonlarda saptandığını bildirmiştir[27]. Bu çalışmalar, çoklu HPV infeksiyonlarının yüksek viral yük ve infeksiyon persistansı ile ilişkili olabileceğini, ayrıca bazı genotip kombinasyonlarının klinik açıdan daha anlamlı olabileceğini bildirmektedir[24,26,27]. Bizim çalışmamızda, gerçekleştirilen çok değişkenli analizde, çoklu HPV infeksiyonunun anormal sitoloji ile bağımsız olarak ilişkili olduğu saptanmıştır. Ayrıca tek değişkenli analizde çoklu HPV genotipi saptanan hastaların tek genotip saptanan hastalara göre daha genç olduğu görülmesine rağmen çok değişkenli analizde yaşın anormal sitoloji üzerinde bağımsız bir etkisi gösterilememiştir. Bu durum, yaş ile anormal sitoloji arasında gözlenen ilişkinin, çoklu HPV infeksiyonunun yaş gruplarına göre dağılımından etkilenmiş olabileceğini düşündürmektedir. Bulgularımız, birden fazla HPV genotipinin pozitif saptanmasının servikal sitolojide anormal bulgular açısından bağımsız bir risk faktörü olabileceğine işaret etmektedir. Bununla birlikte, çalışmamızın kesitsel ve retrospektif tasarımı nedeniyle bu ilişkinin altında yatan mekanizmayı kesin olarak ayırt etmek mümkün değildir.

Sonuç olarak, çalışmamızda servikal örneklerde HPV pozitiflik oranı %22 olarak bulunmuş ve en sık saptanan genotipin HPV16 olduğu gösterilmiştir. Çoklu HPV infeksiyonunun, anormal sitoloji ile yaştan bağımsız olarak ilişkili olduğu ve riski artırdığı saptanmıştır. Bulgularımız, HPV prevalansının, genotip dağılımının ve yaşla ilişkili paternlerin bölgesel düzeyde değerlendirilmesinin, tarama programlarının planlanması ve aşılama stratejilerinin geliştirilmesi açısından yararlı olabileceğini düşündürmektedir. Bununla birlikte, çoklu HPV infeksiyonlarının patogenezdeki gerçek rolünü açıklayabilmek için ileri çalışmalara ihtiyaç vardır.

ETİK KURUL ONAYI

Bu çalışma için Çanakkale Onsekiz Mart Üniversitesi Girişimsel Olmayan Klinik Araştırmalar Etik Kurulundan onay alınmıştır (Karar No: 2026-05/05-03, Tarih: 25.03.2026).

ÇIKAR ÇATIŞMASI

Yazarlar bu makale ile ilgili herhangi bir çıkar çatışması bildirmemişlerdir.

YAZAR KATKISI

Ana fikir/Planlama: AB, AA

Analiz/Yorum: Tüm yazarlar

Veri Sağlama: Tüm yazarlar

Yazım: AB

Gözden geçirme ve Düzenleme: Tüm yazarlar

Onaylama: Tüm yazarlar

KAYNAKLAR

1. *De Martel C, Georges D, Bray F, Ferlay J, Clifford GM. Global burden of cancer attributable to infections in 2018: A worldwide incidence analysis. Lancet Glob Health 2020;8:e180-e90. https://doi.org/10.1016/S2214-109X(19)30488-7*
2. *Bruni L, Albero G, Serrano B, Mena M, Collado JJ, Gómez D, et al. Human papillomavirus and related diseases in Turkey. Summary report [Internet]. ICO/IARC Information Centre on HPV and Cancer; 2023. Erişim adresi: www.hpvcentre.net (Erişim tarihi: 24.05.2026).*
3. *International Human Papillomavirus Reference Center. Human papillomavirus reference clones. 2023. Erişim adresi: www.hpvcenter.se (Erişim tarihi: 24.05.2026).*
4. *Wei F, Georges D, Man I, Baussano I, Clifford GM. Causal attribution of human papillomavirus genotypes to invasive cervical cancer worldwide: A systematic analysis of the global literature. Lancet 2024;404:435-44. https://doi.org/10.1016/S0140-6736(24)01097-3*
5. *Ferenczy A, Franco E. Persistent human papillomavirus infection and cervical neoplasia. Lancet Oncol 2002;3:11-6. https://doi.org/10.1016/S1470-2045(01)00617-9*
6. *Republic of Türkiye Ministry of Health. Early diagnosis saves lives [Internet]. Ankara: Ministry of Health; 2024. Erişim adresi: https://www.saglik.gov.tr/EN-102478/early-diagnosis-saves-lives.html (Erişim tarihi: 24.05.2026).*
7. *Centers for Disease Control and Prevention. Chapter 11: Human papillomavirus. In: Epidemiology and prevention of vaccine-preventable diseases (Pink Book) [Internet]. Atlanta: CDC; 2024. Erişim adresi: https://www.cdc.gov/pinkbook/hcp/table-of-contents/chapter-11-human-papillomavirus.html (Erişim tarihi: 24.05.2026).*

8. *Peker BO, Müderris T, Gül Yurtsever S, Kaya S. Human papillomavirus prevalence and genotype distribution in cervical swab samples: Outcomes of a three-year analysis. Turk Mikrobiyol Cemiy Derg 2022;52(3):168-74. https://doi.org/10.54453/TMCD.2022.72473*

9. *Zhou D, Xue J, Sun Y, Zhu L, Zhao M, Cui M, et al. Patterns of single and multiple HPV infections in female: A systematic review and meta-analysis. Heliyon 2024;10:e35736. https://doi.org/10.1016/j.heliyon.2024.e35736*

10. *Balanda M, Quiero A, Vergara N, Espinoza G, San Martín H, Rojas G, et al. Prevalence of human papillomavirus infection among women presenting for cervical cancer screening in Chile, 2014-2015. Med Microbiol Immunol 2016;205:585-94. https://doi.org/10.1007/s00430-016-0473-y*

11. *Ahmadi K, Armat R, Shahbazi B, Sasani E, Azad A, Gharibi Z, et al. Prevalence and genotype distribution of HPV infection among women in 2021-2023 in southern Iran: The rising trend of HPV infection among women. BMC Womens Health. 2025;25:126. https://doi.org/10.1186/s12905-025-03668-5*

12. *Dickson EL, Vogel RI, Geller MA, Downs LS Jr. Cervical cytology and multiple type HPV infection: A study of 8182 women ages 31-65. Gynecol Oncol 2014;133:405-8. https://doi.org/10.1016/j.ygyno.2014.03.552*

13. *Kim M, Park NJ, Jeong JY, Park JY. Multiple human papilloma virus (HPV) infections are associated with HSIL and persistent HPV infection status in Korean patients. Viruses 2021;13:1342. https://doi.org/10.3390/v13071342*

14. *Koç S, Yüksel D, Ünlübilgin E, Kınay T, Kayıkçıoğlu F. The histologic results in multiple-type HPV infections. J Turk Ger Gynecol Assoc 2025;26:90-7. https://doi.org/10.4274/jtgga.galenos.2025.2023-4-2*

15. *Ye M, Yan D, Xu J, Liu D, Liu X, Jiang W, et al. Human papillomavirus prevalence and genotype distribution among 30,147 screened women and 3,362 cervical cancer patients in China: A retrospective study. Virol J 2025;22:323. https://doi.org/10.1186/s12985-025-02943-z*

16. *Nalça Erdin B, Çetin Duran A, Öğüt S, Koyuncuoğlu M. Evaluation of HPV-DNA prevalence and genotype distribution and cytological examination results in cervical samples. FLORA 2024;29:342-9. https://doi.org/10.5578/flora.2024031115*

17. *Alışkan HE, Öğüç Şanlı Ö, Aka Bolat F, Alkaş Yağınç D, Toprak U. Adana ilinde insan papilloma virüs (HPV) genotip prevalansı ve dağılımının belirlenmesi: 2014-2021 yılları arası hastane temelli bir çalışma. Mikrobiyol Bul 2023;57:119-33. https://doi.org/10.5578/mb.20239910*

18. *Lin K, Hong Q, Fu Y, Tu H, Lin H, Huang J, et al. Cervical HPV infection and related diseases among 149,559 women in Fujian: An epidemiological study from 2018 to 2023. Front Microbiol 2024;15:1418218. https://doi.org/10.3389/fmicb.2024.1418218*

19. *Zhou X, Ma J, He L, Li H. Prevalence and genotype distribution of HPV infection among women in Chengdu from 2019 to 2024: A retrospective single-center study. Infect Agents Cancer 2025;20:68. https://doi.org/10.1186/s13027-025-00698-4*

20. *Gultekin M, Zayifoglu Karaca M, Kucukyildiz I, Dundar S, Boztas G, Turan HS, et al. Initial results of population based cervical cancer screening program using HPV testing in one million Turkish women. Int J Cancer 2018;142:1952-8. https://doi.org/10.1002/ijc.31212*

21. *Arslan HN, Oruç MA. Results from a cervical cancer screening program in Samsun, Turkey. BMC Womens Health 2022;22:331. https://doi.org/10.1186/s12905-022-01916-6*

22. *Gong P, Shi B, Cong X, Yang L, Gong C, Zhou Y, et al. Multiple infections containing the top five prevalent HPV genotypes and their impact on cervical lesions in Changzhou, China. Hum Vaccin Immunother 2023;19:2245723. https://doi.org/10.1080/21645515.2023.2245723*

23. *De Brot L, Pellegrini B, Moretti ST, Carraro DM, Soares FA, Rocha RM, et al. Infections with multiple high-risk HPV types are associated with high-grade and persistent low-grade intraepithelial lesions of the cervix. Cancer Cytopathol 2017;125:138-43. https://doi.org/10.1002/cncy.21789*

24. *Oyervides-Muñoz MA, Pérez-Maya AA, Sánchez-Domínguez CN, Berlanga-Garza A, Antonio-Macedo M, Valdéz-Chapa LD, et al. Multiple HPV infections and viral load association in persistent cervical lesions in Mexican women. Viruses 2020;12:380. https://doi.org/10.3390/v12040380*

25. *Hancer VS, Buyukdogan M, Bylykbashi I, Oksuz B, Acar M. Prevalence of human papilloma virus types in Turkish and Albanian women. J Cytol 2018;35:252-4. https://doi.org/10.4103/JOC.JOC_162_17*

26. *Schmitt M, Depuydt C, Benoy I, Bogers J, Antoine J, Arbyn M, et al. Multiple human papillomavirus infections with high viral loads are associated with cervical lesions but do not differentiate grades of cervical abnormalities. J Clin Microbiol 2013;51:1458-64. https://doi.org/10.1128/JCM.00087-13*

27. *Bruno MT, Scalia G, Cassaro N, Boemi S. Multiple HPV 16 infection with two strains: A possible marker of neoplastic progression. BMC Cancer 2020;20:444. https://doi.org/10.1186/s12885-020-06946-7*

Yazışma Adresi/Address for Correspondence

Dr. Ayça BAYRAK

Çanakkale Onsekiz Mart Üniversitesi Tıp Fakültesi, Tıbbi Mikrobiyoloji Anabilim Dalı,
Çanakkale, Türkiye

E-posta: a.kulaligil@gmail.com