

ไวรัสตับอักเสบ ซี เป็นสาเหตุสำคัญของโรคตับอักเสบแบบเฉียบพลันหรือเรื้อรัง มีผู้ติดเชื้อทั่วโลกกว่า 170 ล้านคน ไวรัสตับอักเสบ ซี ถูกจัดจำแนกตามความแตกต่างของรหัสพันธุกรรม ได้เป็น 6 จีโนไทป์ และมีการกระจายของแต่ละจีโนไทป์แตกต่างออกไปตามแต่ละภูมิภาคของโลก ในประเทศไทย พบ 3 จีโนไทป์หลัก คือ จีโนไทป์ 1, 3 และ 6 โดยที่จีโนไทป์ 3 พบมากที่สุด การศึกษาครั้งนี้ศึกษาาระบาดวิทยาของไวรัสตับอักเสบ ซี ในประเทศไทย เก็บตัวอย่างจาก 4 จังหวัดตามภูมิภาคของประเทศ ได้แก่ ภาคเหนือ (จังหวัดเชียงราย) ภาคกลาง (จังหวัดชลบุรี) ภาคตะวันออกเฉียงเหนือ (จังหวัดอุดรธานี) และภาคใต้ (จังหวัดนครศรีธรรมราช) จำนวนทั้งหมด 5825 ตัวอย่าง ตรวจความชุกของ HCV antibody โดยวิธี ELISA พบว่าให้ผลบวกทั้งหมด 125 ตัวอย่าง (2.15%) นำตัวอย่างที่ให้ผลบวกมาตรวจสอบหา viral RNA ด้วยวิธี RT-PCR บริเวณ 5'UTR มีตัวอย่างที่ให้ผลบวกจำนวน 58 (58.00%) ตัวอย่าง และทำการตรวจยืนยันผลบวก PCR ในบริเวณ 5'UTR ด้วยการทำ RT-PCR ในบริเวณ core ได้ 50 (86.21%) ตัวอย่าง ถอดรหัสพันธุกรรมและจำแนกจีโนไทป์จำนวน 45 ตัวอย่าง พบว่าเป็น จีโนไทป์ 3a และ 3b จำนวน 23 (51.11%) และ 1 (2.22%) ตัวอย่าง จีโนไทป์ 1a และ 1b จำนวน 3 (6.66%) และ 12 (26.66%) ตัวอย่าง จีโนไทป์ 2a และ 2c จำนวน 1 (2.22%) และ 1 (2.22%) ตัวอย่าง จีโนไทป์ 6 จำนวน 4 (8.89%) ตัวอย่างตามลำดับ ผลจากการทำ RT-PCR ในบริเวณ NS5B ได้ผลบวก 54 (93.11%) ตัวอย่าง สามารถถอดรหัสพันธุกรรมและจำแนกจีโนไทป์ได้ 16 ตัวอย่าง จีโนไทป์ 1a และ 1b จำนวน 3 (18.75%) และ 4 (25.00%) จีโนไทป์ 3a และ 3b จำนวน 6 (37.50%) และ 1 (6.25%) ตัวอย่าง จีโนไทป์ 6 จำนวน 2 (12.50%) ตัวอย่างตามลำดับ พบตัวอย่างที่ให้ผลการจำแนกจีโนไทป์ด้วยยีนสองบริเวณนี้ไม่สัมพันธ์กัน 5 ตัวอย่าง ซึ่งจำเป็นต้องมีการศึกษาในรายละเอียดต่อไป จากผลที่ได้ทำให้ทราบข้อมูลทางระบาดวิทยาของไวรัสตับอักเสบ ซี ซึ่งเป็นตัวแทนของทั้งประเทศ เพื่อใช้เป็นข้อมูลในการป้องกันรักษา และวางแผนเฝ้าระวังทางสาธารณสุขต่อไป

Hepatitis C virus is a major cause of acute and chronic hepatitis worldwide. At least 170 million world populations have been infected with this virus. Hepatitis C virus can be classified into 6 major genotypes based on phylogenetic analysis of the genomic sequences. Some genotypes (genotype 1, 2 and 3) are endemic worldwide, while others may be restricted to distinct geographical regions. The 3 major genotypes found in Thailand are genotype 1, 3 and 6. Genotype 3 is the most prevalence genotype in the country. In this study, 5825 serum samples of people of 4 provinces from the North (Chiangrai), North-east (Udonrthani), Southern (Nakornsrihammaraj) and Centre (Chonburi) of Thailand were collected and 125 (2.15%) samples were positive for anti-HCV by ELISA. To investigate HCV-RNA, all of the Anti-HCV positive samples were 58 (58.00%) positive performed by RT-PCR based on 5'UTR. Among RNA positive samples, there were 50 (86.21%) core RT-PCR positive samples. These core-PCR positive samples were sequenced and classified into genotype 1a; 3 (6.66%), 1b; 12 (26.66%), 2a; 1 (2.22%), 2c; 1 (2.22%), 3a; 23 (51.11%), 3b; 1 (2.22%) and genotype 6 variants; 4 (8.89%). In case of NS5B RT-PCR, there were 54 (93.11%) positive samples and divided into genotype 1a; 3 (18.75%) 1b; 4 (25.00%), 3a; 6 (37.50%), 3b; 1 (6.25%) and genotype 6 variants; 2 (12.50%). We found that there are 5 irrelevant genotyping results between core and NS5B region. Those results need further investigation. The study revealed an anti-HCV seroprevalence rate representing the whole nation's perspective. In addition, this information might play important roles in public health surveillance and prevention