

ژنو تایپ‌های هپاتیت C در بیماران مراجعه کننده به کلینیک دانشگاه علوم پزشکی و بیمارستان سینای کرمانشاه از سال ۱۳۸۴ لغاًیت ۱۳۸۵

ماندانا افشاریان^۱، رحیم رئوفی^۲، سیاوش وزیری^۱، علیرضا جانبخش^۱، فیض... منصوری^۱، کیقباد قدیری^۱، بابک صیاد^۱، زهرا القائی^۳

۱. متخصص بیماری‌های عفونی و گرمسیری، استادیار دانشگاه علوم پزشکی کرمانشاه، مرکز تحقیقات بیماری‌های عفونی
۲. دستیار بیماری‌های عفونی و گرمسیری دانشگاه علوم پزشکی کرمانشاه
۳. فوق لیسانس آمار، کارشناس مسئول حوزه معاونت بهداشت دانشگاه علوم پزشکی کرمانشاه

* نشانی برای مکاتبه: کرمانشاه، خیابان ۲۲ بهمن، کوچه اول برق، پلاک ۴۶، تلفن ۰۸۳۱-۸۲۳۱۶۵۸، نامبر ۰۸۳۱-۴۲۷۶۳۱۵

sarahim1315@yahoo.com

دریافت مقاله: بهمن هشتاد و پنج

چکیده

سابقه و هدف: هپاتیت C مهمترین علت هپاتیت مزمن در سیروزکبدی است. شدت بیماری، پاسخ به درمان و طول مدت درمان در هر کدام از ژنو تایپ‌های این ویروس با دیگری فرق می‌کند و وجود توزیع ژنو تایپ‌های مختلف در کشورهای مختلف باعث می‌شود نتوان برای آن یک نسخه واحد پیچید لذاست که سازمان بهداشت جهانی توصیه به انجام تعیین ژنو تایپ در مناطق مختلف جهان می‌نماید و ما نیز در این مطالعه برآن شدیم که ژنو تایپ‌های این ویروس را در شهر کرمانشاه مشخص نماییم.

روش کار: مطالعه حاضر یک مطالعه توصیفی-مقطعی بر روی بیماران HCV است که پس از تکمیل پرسشنامه PCR و تعیین ژنو تایپ با روش Amplify و اطلاعات سکانس‌های نواحی UTR و NS5B انجام گرفت.

یافته‌ها: در این مطالعه ۱۲۲ نفر هپاتیت C با PCR مثبت بررسی شدند، شایعترین ژنو تایپ در کل بیماران ژنو تایپ I بود (۵۳٪/۲۴/۵٪ Ib ۲۷٪/۸٪ Ia) و همچنین در تمامی گروه‌ها شایعترین ژنو تایپ I و شایعترین ساب تایپ Ia بود و در گروه سنی بیشتر از ۵۰ سال و در زنان که ژنو تایپ II بیشترین فراوانی را داشت ۴۵٪. افرادی که ژنو تایپ ۴ را داشتند همودیالیزی بودند و در افراد ساب تایپ Ib شایعتر از Ia بود.

نتیجه گیری: در این مطالعه شایعترین ژنو تایپ I و شایعترین ساب تایپ Ia بود، ژنو تایپی که با ژنو تایپ‌های غالب کشورهای شرقی و غربی همسایه ایران متفاوت است و با کشور همسایه ترکیه و روسیه مشابه است. عدم وجود تفاوت ژنو تایپ غالب در گروه‌های مختلف می‌تواند بیانگر عدم تاثیر راه ابتلا و نوع ژنو تایپ باشد. آنالیز آماری ارتباط معنی داری بین همودیالیزی و ژنو تایپ II که در همودیالیزها شایعترین ژنو تایپ بود نشان نداد. ژنو تایپ غالب در زنان (برخلاف مردان) II بود و آنالیز آماری این ارتباط را معنی دار نشان داد ($P < 0.003$).

واژگان کلیدی: ژنو تایپ، HCV، کرمانشاه

مقدمه

ژاپن و آمریکا و مهمترین علت پیوند کبد در آمریکاست^(۱). پس هپاتیت‌ها و در راس آنها هپاتیت C در حال حاضر یکی از بزرگترین چالش‌های موجود در پزشکی است. بنابراین نوع هپاتیت در ایران به مراتب کمتر از نوع B دیده می‌شود و لی مهمترین و شایعترین علت هپاتیت مزمن و سیروز کبدی در بیماران ایرانی مبتلا به هموفیلی، تالاسمی، نارسایی کلیه و همودیالیزیها محسوب می‌شود. ژنوم HCV دارای یک توالی بزرگ هتروژنی است. این ژنوم حاوی ۹۴۰۰ نوكلئوتید و شش ژنو تایپ عمده و بیش از ۵۰ ساب تایپ است همه این ژنو تایپ‌ها قادرند بیماری‌های جدی را ایجاد نمایند، گرچه شدت ایجاد و همچنین پاسخ به درمان در هر کدام از این ژنو تایپ‌ها بادیگری فرق می‌کند و مسئله مهمتر وجود توزیع های ژنو تایپی مختلف در کشورهای مختلف می‌باشد^(۲) که باعث می‌شود نتوان برای آن یک نسخه واحد پیچید.

هپاتیت‌های ویروسی یکی از پنج عامل عفونی مرگ زودرس انسان در سطح جهان می‌باشد و همه ساله حداقل یک میلیون نفر از جمعیت جهان در اثر ابتلا به این بیماریها تلف می‌شوند. در طی دو دهه اخیر پیشرفت‌های چشمگیری در زمینه شناخت این ویروسها عوارض و عوایض این بیماریها و درمان‌های موثر حاصل شده است. مهمترین علل هپاتیت‌های مزمن ویروس‌های هپاتیت B و C هستند و این دو نیز هپاتیت C مهمترین علت هپاتیت مزمن و سیروز کبدی است^(۳). در واقع عفونت HCV با ۱۷۰ میلیون حامل در سطح جهان و ۳۴ تا ۴۳ میلیون نفر مورد جدید در سال یک مشکل بهداشت جهانی است^(۴). از این تعداد ۲۰ تا ۳۰٪ موارد به سمت سیروز و سایر عوارض مثل کارسینوم سول کبدی پیشرفت می‌نماید^(۵). مهمترین علت سیروز و سرطان کبدی در

تالاسمی ژنوتایپ I بود (جدول ۱).

از ۱۰۸ بیمار مرد ۶۲ نفر دارای ژنوتایپ I (ژنوتایپ ۱ دریک نفر، ۱a در ۳۳ نفر و ۱b در ۲۸ نفر)، ۱۴ نفر ژنوتایپ ۲، ۲۱ نفر ژنوتایپ ۳ و ۴ نفر ژنوتایپ ۴ داشتند و ۹ نفر دارای ژنوتایپ مخلوط بودند. این موضوع در ۱۴ بیمار زن به ترتیب در ۳ (ژنوتایپ ۱a در یک و ۱b در ۲ نفر)، ۷، ۳، صفر و یک نفر دیده شد.

در ۱۱۲ نفری که ساکن کرمانشاه بودند مثل غیر کرمانشاهی‌ها ژنوتایپ I شایعترین بود. ولی در گروههای سنی مختلف شیوع ژنوتایپ‌ها بعضاً با هم تفاوت داشت. کما ینکه در گروههای زیر ۵۰ سال شایعترین ژنوتایپ، ژنوتایپ I بود و بعد از آن به ترتیب ژنوتایپ‌های IIIa و II و mix و IIIb و IIa در ۱۴۰ داشتند و لی در گروه سنی بالاتر از ۵۰ سال شایعترین ژنوتایپ ژنوتایپ II بود که در ۱۸/۱٪ (۴۵/۹٪) دیده شد و ترتیب فراوانی سایر ژنوتایپ‌ها عبارت بودند از ۱۸/۱٪، ۴٪، ۱۸/۱٪ و ۱۸/۱٪ ژنوتایپ Mix و ۱b در یک نفر دیده شد.

در افراد بدون عوامل خطر که ۲ نفر از کل بیماران را تشکیل میدانند یک نفر ژنوتایپ IIو یک نفر ژنوتایپ IIIa را داشتند. ژنوتایپ IV در گروهی که رفتار پرخطر داشتند ۷/۱۱٪ در مقابله ۳/۱٪. تمامی افرادی که ژنوتایپ IV را داشتند از دسته مردان بودند و سه نفر از چهار نفری که ژنوتایپ IV را داشتند همودیالیزی بودند و یک نفر دیگر نیز HIV مثبت بود.

جدول ۱. توزیع مبتلایان به HCV بر اساس عوامل خطر و ژنوتایپ

ویروس

	بدون خون	دریافت خون	HIV و HBV	HBV	بدون عفونت	با عفونت	بدون پرخطر	با رفتار پرخطر	ژنوتایپ
۱	۰	۱	۰	۰	۰	۰	۰	۱	۱
۲۶	۸	۱۹	۱۵	۱۱	۲۳	۱a			
۲۵	۵	۱۲	۱۸	۷	۲۳	۱b			
۱۲	۹	۱۳	۸	۹	۱۲	۲			
۱۸	۴	۱۵	۷	۱۰	۱۲	۳a			
۱	۳	۳	۱	۳	۱	۴			
۸	۲	۶	۴	۲	۸	مخلوط			

بحث

این مطالعه مانند سایر مطالعات انجام شده در ایران ژنوتایپ غالب را ژنوتایپ I نشان میدهد، ژنوتایپی که با ژنوتایپ‌های غالب در کشورهای شرقی ایران از جمله پاکستان، هند، نپال که شایعترین ژنوتایپ در آن کشورها III است (۱۵-۱۷٪) و همچنین با کشورهای عربی همسایه ایران از جمله عربستان سعودی، کویت، عمان، یمن، عراق، مصر، آفریقا (۳، ۱۸، ۱۹٪) که ژنوتایپ IV شایع است، متفاوت است و مشابه کشورهای همسایه مثل ترکیه و روسیه که مطالعات مختلف ژنوتایپ I را بعنوان شایعترین ژنوتایپ معروفی نموده‌اند می‌باشد (۲۰-۲۲٪). این موارد می‌تواند حمایت کننده فرضیه ارتباط بین ژنوتایپ‌های مختلف HCV و نواحی جغرافیائی باشد (۲۳). در این مطالعه برخلاف مطالعات قبلی انجام شده در ایران ساب تایپ Ib در افراد HIV شایعتر از Ia بود. ساب تایپی که نسبت به Ia بیشتر شناس پیشرفت بیماری کبدی را دارد (۲۴) و در بعضی از مطالعات نیز این ساب تایپ با مقدار ویروس بالاتر از ویروس HCV همراه بوده است.

از جمله برسیهایی که تاکنون در ایران انجام شده بیانگر وجود ژنوتایپ‌های متفاوت با کشورهای همسایه از جمله پاکستان، نپال، هند، بنگلادش و کشورهای عربی است (۸) و این یکی از دلایل است که چرایی تعیین ژنوتایپ در مناطق مختلف مشخص می‌شود. دلایلی که باعث توجه زیاد به تعیین ژنوتایپ در هر کشور و هر منطقه از کشور و گروههای مختلف در طی چند سال اخیر شده شامل تعیین اپیدمیولوژی منطقه‌ای وجهانی و تعیین محاسبه تغییر در این اپیدمیولوژیها، تعیین ژنوتایپ غالب در گروههای با خطر بالا مثل IDU و محصولات خونی، تعیین ارتباط بین ژنوتایپ‌های مختلف با وضعیت کلینیکی، پاتوژن و پیامد بیماری، تفاوت پاسخ به درمان در ژنوتایپ HCV های مختلف، تعیین ژنوتایپ جهت تهیه و اکسن، لزوم تشخیص براساس ژنوتایپ، وابستگی مدت زمان درمان به ژنوتایپ و معیار بودن ژنوتایپ برای تعیین پاسخ های آنتی ویرال است (۳ و ۹-۱۴٪). این مطالعه با هدف تعیین ژنوتایپ‌های مختلف بیماران با عفونت HCV در شهر کرمانشاه انجام گرفته است.

روش کار

پژوهش حاضر یک مطالعه توصیفی- مقطعی است که روی بیماران مبتلا به HCV مراجعه کننده به کلینیک دانشگاه علوم پزشکی و بیمارستان سینای کرمانشاه از سال ۱۳۸۵ لغاًیت ۱۳۸۵ انجام گرفت . بیمارانی که آنها توسط روش الیزا مثبت و توسط روش وسترن بلات تائید شده بودند وارد مطالعه شدند و پس از تکمیل پرسشنامه جهت انجام PCR و تعیین ژنوتایپ به آزمایشگاه مرکز تحقیقات دانشکده علوم پزشکی کرمانشاه معرفی شدند، ۵ سی سی خون از هر فرد اخذ و دو قطره از محلول ۷/۵ EDTA به آن اضافه گردید و سپس سانتریفیوژ و پلاسمای جدا و به میکروتیوب ۱/۵ اسی انتقال داده شد و سپس جهت PCR و تعیین ژنوتایپ با روش amplify و اطلاعات سکانس های توالی ۵UTR و NB5B آماده گردید. پس از تعیین ژنوتایپ پاسخ به صورت کد ارجاع گردید. لازم به ذکر است که نمونه گیری بصورت در دسترس و از تمامی مراجعه کنندگان HCV مثبت در طی یکسال انجام شد. یافته ها با استفاده از آزمون مربی کای تجزیه و تحلیل شد و <۰/۰۵ P سطح معنی داری اختلاف ها قرار داده شد.

یافته‌ها

در این مطالعه ۱۲۲ نفر HCV Ab و PCR مثبت بررسی شدند. از این تعداد نفر (۰/۸۸/۵٪) مرد و ۱۴ نفر (۰/۱۱/۵٪) زن بودند. رفتارهای پرخطر (تریق، سرنگ مشترک، Sex، زندان و ...) در ۸۰ نفر (۰/۶۵/۶٪) وجود داشت و ۳۰ نفر از کل بیماران همودیالیزی (۱۱ نفر) و یا تالاسمی (۹ نفر) بودند و دو نفر نیز هیچ عامل خطری نداشت. بیشترین گروه سنی بین ۲۰ تا ۴۰ سال بودند. از کل بیماران ۱۱۲ نفر (۹۱/۸٪) ساکن کرمانشاه و ۱۰ نفر ساکن شهرها و یا روستاهای اطراف کرمانشاه بودند. ۵۲ نفر علاوه بر HCV دارای عفونت HIV نیز بودند. ۴ نفر از کل بیماران عفونت همزمان HBV را داشتند و سه نفر نیز همزمان عفونت با هر سه ویروس (HCV+HIV+HBV) را داشتند.

شایعترین ژنوتایپ در بین کل بیماران و صرف نظر از هر کدام از عوامل خطر ژنوتایپ I بود که در ۶۵ نفر (۵۳/۲٪) دیده شد. از این تعداد ژنوتایپ Ia در ۰/۲۷/۸٪ مشاهده شد و یک نفر نیز ژنوتایپ Ib بدون ساب تایپ داشت. بعد از آن به ترتیب ژنوتایپ‌های IIIa در ۱۸٪ (۲۲ نفر)، II در ۰/۱۷/۲٪، Mix در ۱۰ نفر (۰/۸/۱٪) و در نهایت ژنوتایپ IV در چهار نفر دیده شد.

شایعترین ژنوتایپ در گروه با و بدون رفتارهای پرخطر، بیماران دارای عفونت هم زمان با HIV و HBV و بیماران دریافت کننده خون و مبتلایان به

ژنوتایپ IV بوده است.(۲۶). گرچه تمام افرادی که ژنوتایپ IV را داشتند مرد بودند ولی بین جنسیت و ژنوتایپ IV ارتباط معنی دار آماری پیدا نشد. در افراد بالاتر از ۵۰ سال (۱۱ نفر) شایعترین ژنوتایپ II بود. این فراوانی با ژنوتایپ غالب که ژنوتایپ I در گروه سنی زیر ۵۰ سال است متفاوت است که این می‌تواند نه به دلیل اثر سن بلکه با توجه به اینکه ده نفر از این یازده نفر همودیالیزی هستند شاید بدلیل همودیالیزی بودن آنان باشد گرچه شاید بتوان تغییر ژنوتایپ بر اثر گذشت زمان را نیز مطرح کرد کما اینکه در مطالعه‌ای که در فرانسه جهت بررسی ژنوتایپ HCV انجام شده لزوم انجام مجدد این مطالعه در ۱۰ سال آینده را بعلت تغییر احتمالی الگوی ژنوتایپ HCV در آن کشور رامطرح کرده است.(۲۷). اگرچه اثبات این فرضیه نیاز به مطالعات وسیع، متعدد و آینده نگر را دارد. همچنین در مطالعات آینده مدت زمانی ابتدا نیز به عنوان ریسک فاکتور بررسی شود.

شایعترین ژنوتایپ در ساکنین کرمانشاه، مشابه ژنوتایپ غالب در ساکنین اطراف کرمانشاه بود (در هر کدام (Ia) و این میتواند حمایت کننده توزیع جغرافیائی یکسان ژنوتایپ در کرمانشاه باشد.

تشکر و قدردانی

بدینوسیله از رحمات پرسنل محترم بیمارستان سینا و بخش دیالیز بیمارستان چهارمین شهید محرب کرمانشاه و عزیزان محترم و گرامی مرکز مشاوره بیماریهای رفتاری استان کرمانشاه که در به سرانجام رساندن این پروژه همکاریهای فراوان مبذول داشتند و همچنین از سرکار خانم فاطمه پتمن که در تایپ این مقاله مساعدت فراوان کرdenد کمال تشکر و قدردانی را داریم.

REFERENCES

۱. رمضانی آمیتیس، محزز مینو، بنی فضل محمد، شمر گیتی. در سنامه بیماریهای عفونی. چاپ اول، انتشارات پورسینا ۱۳۸۱، صفحات ۷۸۴ - ۷۹۶
2. John G , Mchutchison MD . under standing Hepatitis C Am J manag care , 2004, 10, ۵۲۱-۵۲۹
3. A .O osoba MD, Frcp , M .Ibrahim MD . Hepatitis C virus genotyping by polymerase chine Reaction and Enzyme immunoassay Among Saudi patients in the western province , Saudi Arabia . Ann Saudi med 2000,20(5-6):394-397
4. National center for infectious disease, viral Hepatitis C fact sheet, April, 1, 2005, Available from: <http://www.cdc.gov/ncidod / disease / Hepatitis C fact .htm>
5. Jules L.Dienstag , Kurt J, Isselbacher. chronic hepatitis in Harrison's principles of internal medicine . 16 th ed . Mcgraw – will 2005 , page 1844 – 1853
- 6 . بهنوا بیتا ، علیان مويد ، آثاری شروین ، جویباری . بررسی ارتباط بین ژنوتایپ های HCV با راههای انتقال ویروس و همچنین شدت بیماری کبدی در مبتلایان به هپاتیت مزمن ، چهاردهمین کنگره بیماریهای عفونی و گرمسیری ایران . ۳۰-۲۶ آذر ۱۳۸۴ - صفحه ۶
7. Alavian MD, Adibi MD, ZAli MD. Hepatitis c virus in Iran : epidemiology of an Emerging infection , Archives of Iranian medicine, vol 8 , Number 2, 2005,85-90

فراوانی نسبی سایپ تایپ های این مطالعه با مطالعات قبلی که در ایران انجام شده متفاوت است در این مطالعه شایعترین فراوانی مربوط به Ia و سپس به ترتیب ژنوتایپها Ib و III و II و mix و در نهایت ژنوتایپ IV بود. ولی در مطالعات قبلی انجام شده گرچه اولین شیوع فراوانی مربوط به Ia مشابه این مطالعه است ولی دومین فراوانی مربوط به IIIa و بعد از آن Ib بوده است.

شایعترین ژنوتایپ در گروههای با رفتارهای پرخطر (مثل IDU، زندانی‌ها، sex) و گروههای همودیالیزیها، تالاسمی‌ها، HIVها ژنوتایپ I بود و همچنین سایپ Tایپ Ia که شایعترین فراوانی را داشت (بجز در همودیالیزیها که گرچه ژنوتایپ I شایعترین ژنوتایپ بود ولی اگر به تفکیک سایپ ها در نظر بگیریم ژنوتایپ II شایعتر از سایپ Ia بود) شیوع ژنوتایپ‌های یکسان در گروههای مختلف می‌تواند تائیدی بر این امر باشد که راه انتقال تاثیری بر نوع ژنوتایپ ندارد و مطالعات متعدد نیز همجهت با این ادعا می‌باشند (۶,۲۴).

گرچه با در نظر گرفتن سایپ ها ژنوتایپ II شایعترین ژنوتایپ در همودیالیزیها بود (۲۸/۲۸٪) ولی آنالیز آماری ارتباط معنی داری را بین همودیالیز و ژنوتایپ II مشخص نکرد. در مردان (۱۰۸ نفر) شایعترین ژنوتایپ مربوط به ژنوتایپ I و در جمعیت زنان (۱۴۰ نفر) شایعترین فراوانی مربوط به ژنوتایپ II و بعد از آن ژنوتایپ‌های Ia و IIIa و سپس Ib و Ia بود. آنالیز آماری یک ارتباط معنی در بین جنس زن و فراوانی ژنوتایپ II نشان داد (۰.۰۰۳ < P).

سه نفر از چهار نفری که ژنوتایپ IV را داشتند. همودیالیزی بودند و بین ایندومتفاوت یک ارتباط معنی دار آماری وجود داشت (۰.۰۱۶ < P). در مطالعه صمیمی نیز ژنوتایپ IV بیشتر در همودیالیزیها دیده شده است (۸) و همچنین در مطالعه Abdulkarim در بیماران همودیالیزی شایعترین

8. Samimi – Rad, Nategoh , Malekzada R,Nordea H,Magnius L. molecular epidemiology of HCV in Iran as reflected by phylogenetic analysis of the NS5B region. J of medical virology, vol 74, Issue 2, 246-252
9. Alan franciscus. HCV genotype and quasispecies .Available from:<http://www.hcvadvocate.org/hepatitis/factsheets-pdf/genotype-fs.pdf>/Hcspversion2 /feb 2006
10. J Bukh , RH Purcell, RH Miller .AT least 12 genotypes of Hepatitis c virus predicted by sequence Analysis of the putative E1 gene of Isolates collected worldwide . proceedings of the National Academy of sciences , vol 90 , 8234-8238
11. Week k. Molecular methods of hepatitis c genotyping . Expert Rev mol Diagn .2005 Jul, 5(4):507-20
12. Schreier E, Roggendorf M,Driesel G, HohneM,Viazov S. Genotypes of hepatitis c virus isolates from different parts of the world. Arch virol suppl, 1996 ,11:185-93
13. Sandeep Mukharjee MD. hepatitis C.Available from: <http://www.emedinicin.Com/MED/topic993.html>
14. O shobokshi. combination therapy of peginf Alfa – 2 A(pegAsys)and Ribavirin (copegus) significantly enhance sustaind virological and biochemical Respone Rate in chronic Hepatitis C genotype 4 patients in Saudi Arabia . Abstract 996 , 54 th Annual meeting of the American Association for the study of liver Disease , oct 24-28,2003,Boston,MA
15. shah HA, Jafri W,Malik I,Prescott L,Simmond P. HCV genotypes and chronic liver disease in Pakistan .J Gastroenterol Hepatol ,1997 Nov : 12(11) : 758 – 61
16. Nasir Khokhar ,Naila A,Omar S, Khokhar. HCV serotype in chronic liver disease . pak J Med sci, 2002,18(1): 156 – 159
17. Amara purkar D, Dhorda M,Kirpalan A . prevalence of HCV genotypes In Indian patients and their clinical significance . J Assoc physicians India, 2001 oct : 49 : 983 – 5
18. Tanaka ,Yasuh, Agha,Salah, Niveen, Fuat,et al. Exponential spread of hepatitis C virus Genotype 4a in Egept.J of molecular evolution, vol 58 , Number 2, feb 2004, pp:191-195
19. Lz Xu , Larzul D,Delaporte E, Brechot C ,Kremsdorf. HCV genotype 4 is highly prevalent in central Africa (Gabon) . J General virology 1994 vol 45: 2393-98
20. L vov Dk,Mishiro S,Selivanov NA ,Samokhvalov EI ,Shakhgildian IV, Stakhanova YM ,et al . prevalence of genotypes of HCV, circulating in northwestern and central parts of Russia , vopr virusol ,1995 Nov – Dec , 40 (6): 251-3
21. Elena N Ilina ,Maja V,Malakhova,Edward V, Generoz V,Eugene N, et al. Matrix – Assisted laser Desorption Ionization – Time of flight mass spectrometry , for HCV Genotyping . J clinical microbiology, June 2005,vol 43,N 61
22. Esra y, Asli O,Funda S,Ergun P, Rengul C,Hikmet A ,et al. Molecular characterization of a full Genome Turkish HCV 1b Isolate (HCV – TR1) : A predominant viral from in Turkey .virus Genes : vol 25 . N 2 , oct 2002 , 169 -177
23. ohon T,Mizokham M.Tibbs C, Nouri A,Wur R,Ohba K,Orito E, et al . Nucleotide sequence of core region of HCV in Pakistan and Bangladesh and the geographic characterization of HCV in south Asia . J Med virol ,1994 Dec : 44 (4) : 362 – 8
24. J Stephen D . infections in solid organ Transplant Recipients in : Mandell , Douglas and Bennett's principles and practice of infectious Diseases , 2005 , 6 th Edition , page 3507

25. Rios – Olivares, Yamamura Y,Gomez M, Guzman L, Rodriguez N, Fernandez D, et al . HCV genotype analysis in HCV- HIV coinfecte Puerto Ricans who are injecting drug users , undetermined and mixed infections . cell mol Biol (Noisy- Le – grand), 2001 sep : 47 (6) , 1017-24
26. As Abdulkarim ,Zein N, Germer JJ,Kolbert CP, Kabbani L,Krajnik KL, et al . HCV genotypes and hepatitis G virus in hemodialysis patients from Syria. identification of two novel hepatitis c virus subtypes , American J of tropical medicine and Hygiene 1998 ,vol 59 ,Issue 4 , 571 -576
27. Payan c ,Roudot T, Marellin P, Bled N, Duverlie G, Fouchard H. et al. changing of HCV genotype patterns in france at the beginning of the third millennium. the GEMHEP Genoc II STndy, J viral Hepat, 2005 Jul : 12 (4), 405 -13

Archive of SID