



บทที่ 4 ผลการวิเคราะห์ข้อมูล

ส่วนที่ 1 ผลการศึกษาความชุก และการจำแนกสายพันธุ์ไวรัสโรตาในประเทศไทย

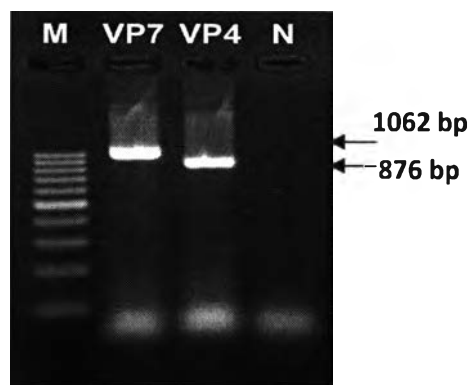
จากการเก็บตัวอย่างอุจจาระจากผู้ป่วยเด็กอุจจาระร่วงที่เข้ารับการรักษาจากโรงพยาบาลทั้ง 2 แห่ง โดยเริ่มเก็บตั้งแต่เดือนมิถุนายน 2552 ถึง พฤษภาคม 2554 รวมทั้งหมดได้ 562 ตัวอย่าง โดยเป็นตัวอย่างจาก

- โรงพยาบาลชุมแพ จังหวัดขอนแก่น 521 ตัวอย่าง
- โรงพยาบาลจุฬาลงกรณ์ จังหวัดกรุงเทพมหานคร 41 ตัวอย่าง

โดยตัวอย่างทั้งหมดได้ถูกนำมาตรวจสอบและวิเคราะห์ผลดังต่อไปนี้

1.1. ผลการตรวจเชื้อไวรัสโรตาในอุจจาระที่เก็บได้จากผู้ป่วยเด็กอุจจาระร่วงที่เข้ารับการรักษาจากโรงพยาบาลทั้งสองแห่ง (มิถุนายน 2552-พฤษภาคม 2554)

จากการทำ PCR ในส่วนของยีน VP4 และ VP7 ด้วยวิธี 1 step RT-PCR โดยใช้ primer Con2, Con3 ในการเพิ่มจำนวนยีน VP4 และ primer Beg9, End9 ในการเพิ่มจำนวนยีน VP7 เพื่อหาการติดเชื้อไวรัสโรตาได้ผลผลิตจากการทำ PCR ขนาด 1062 bp และ 876 bp ตามลำดับ



รูปที่ 9 แสดงขนาดของผลผลิตจากการเพิ่มจำนวนอาร์เอ็นเอ (RNA amplification) ของไวรัสโรตาในส่วนของ VP7 และ VP4 gene, M คือ 100 bp DNA Marker, N คือ negative control

จากการตรวจสอบตัวอย่างอุจจาระที่ใช้ศึกษาทั้งหมด 562 ตัวอย่าง พบตัวอย่างที่ให้ผลบวกต่อเชื้อไวรัสโรตา 250 ตัวอย่าง คิดเป็น 44.5 % ซึ่งจำนวนตัวอย่างส่วนใหญ่เป็นตัวอย่างส่งตรวจจากโรงพยาบาลชุมแพ จังหวัดขอนแก่น ดังแสดงในตารางที่ 10

ตารางที่ 10 แสดงผลการตรวจพบเชื้อไวรัสโรตา จากตัวอย่างอุจจาระที่เก็บจากผู้ป่วยเด็กที่เข้ารับการตรวจด้วยอาการอุจจาระร่วงทั้งสองโรงพยาบาลในสองจังหวัดตั้งแต่เดือนมิถุนายน 2552- พฤษภาคม 2554

จังหวัด	จำนวนสิ่งส่งตรวจ	จำนวนที่ให้ผลบวกต่อ PCR	%
กรุงเทพมหานคร	41	9	22.0
ขอนแก่น	521	241	46.3
รวม	562	250	44.5

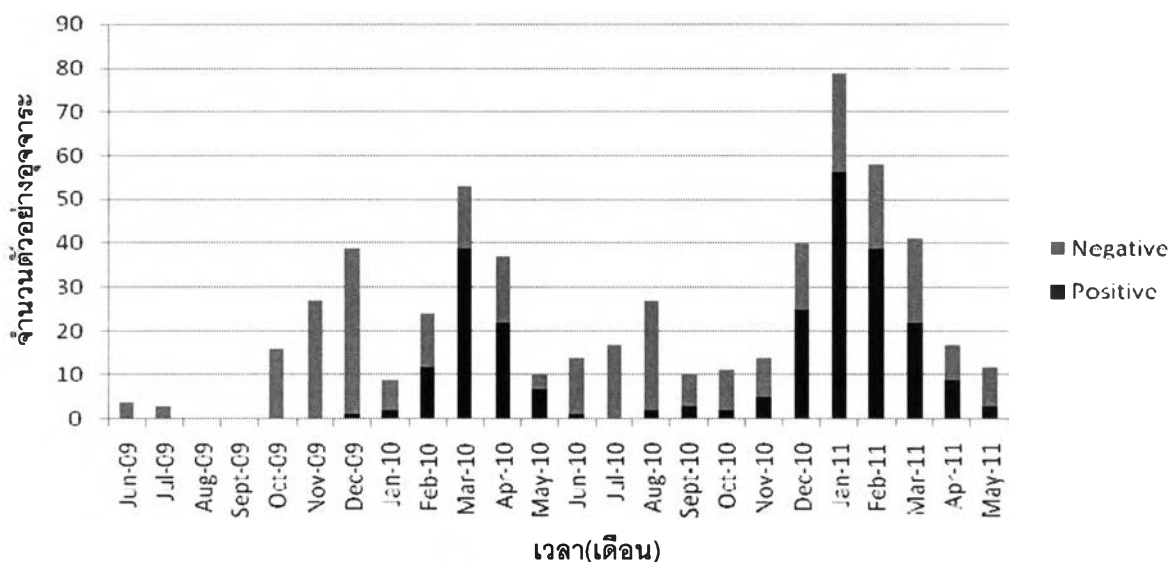
จำนวนตัวอย่างที่ตรวจพบไวรัสโรตาทั้ง 250 ตัวอย่าง แต่ละตัวอย่างได้ทำการใส่ Code ด้วยรหัสตัวอย่าง ตามด้วย รหัสจังหวัดและปี ค.ศ.ที่เก็บตัวอย่าง ซึ่งได้แสดงรายละเอียดไว้ในภาคผนวก ข

1.2. ผลการศึกษาการระบาดของเชื้อไวรัสโรตา และความสัมพันธ์กับฤดูกาล

จากการวิเคราะห์ข้อมูล การตรวจพบเชื้อไวรัสโรตาแยกตามระยะเวลาในการเก็บตัวอย่างรวมทั้งสองโรงพยาบาลตั้งแต่เดือนมิถุนายน 2552 ถึง พฤษภาคม 2554 ซึ่งสามารถแบ่งออกเป็นสองช่วงระยะเวลาด้วยกัน

ในช่วงแรกเริ่มตั้งแต่เดือนมิถุนายน 2552 ถึง พฤษภาคม 2553 พบการติดเชื้อไวรัสโรตาในเด็กตั้งแต่เดือนธันวาคม 2552 และตรวจพบการติดเชื้อสูงขึ้นเรื่อยๆไปจนถึงเดือนมีนาคม 2553 ซึ่งเป็นเดือนที่พบการติดเชื้อไวรัสโรตาในเด็กสูงสุดของในช่วงแรกนี้ หลังจากนั้นก็ค่อยๆลดลงไปจนถึงเดือนพฤษภาคม 2553

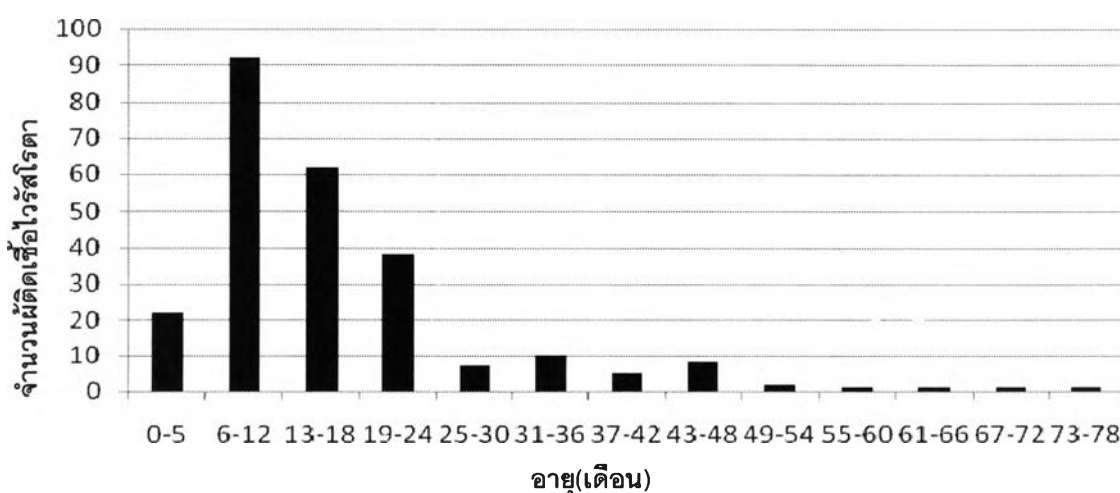
ในช่วงที่สองเริ่มตั้งแต่เดือนมิถุนายน 2553 ถึง พฤษภาคม 2554 พบการติดเชื้อไวรัสโรตาในเด็กตั้งแต่เดือนมิถุนายน 2553 และตรวจพบการติดเชื้อสูงขึ้นเรื่อยๆไปจนถึงเดือนมกราคม 2554 ซึ่งเป็นเดือนที่ตรวจพบการติดเชื้อไวรัสโรตาในเด็กสูงสุดของในช่วงนี้ หลังจากนั้นก็ค่อยๆลดลงไปจนถึงเดือนพฤษภาคม 2554 และมีแนวโน้มการติดเชื้อไปจนถึงเดือนมิถุนายน 2554 ซึ่งทั้งสองช่วงดังกล่าวนี้เป็นช่วงฤดูหนาวของประเทศไทย ดังแสดงในรูปที่ 10



รูปที่ 10 กราฟแท่งแสดงจำนวนเชื้อไวรัสโรตาที่ตรวจพบในแต่ละเดือน รวมสองโรงพยาบาลตั้งแต่เดือนมิถุนายน 2552-พฤษภาคม 2554

1.3. ผลการศึกษาการระบาดของเชื้อไวรัสโรตา และความสัมพันธ์กับช่วงอายุ

จากการวิเคราะห์ข้อมูลการตรวจพบเชื้อไวรัสโรตาในแต่ละช่วงอายุของผู้ป่วยที่เข้าพักรักษาตัวในโรงพยาบาลทั้งสองแห่งตั้งแต่แรกเกิดจนถึง 8 ปี ในการศึกษาครั้งนี้ พบว่า อายุน้อยที่สุดที่ตรวจพบเชื้อ คือ 1 เดือน และอายุมากที่สุด คือ 6 ปี โดยช่วงอายุระหว่าง 6-12 เดือน เป็นช่วงอายุที่มีการตรวจพบเชื้อไวรัสโรตามากที่สุด คิดเป็น 36.8% (92/250) ดังแสดงในรูปที่ 11



รูปที่ 11 กราฟแท่งแสดงจำนวนการพบเชื้อไวรัสโรตาในแต่ละช่วงอายุของผู้ป่วยที่เข้าพักรักษาตัวรวมสองโรงพยาบาลตั้งแต่เดือนมิถุนายน 2552-พฤษภาคม 2554

1.4. ผลการตรวจสอบลำดับนิวคลีโอไทด์เพื่อจำแนกจีโนไทป์

จากการนำนิวคลีโอไทด์ในส่วนของ VP4 และ VP7 gene ที่ได้ มาทำการเปรียบเทียบกับ ข้อมูลนิวคลีโอไทด์ที่มีรายงานในธนาคารรหัสพันธุกรรม (GenBank) โดยใช้โปรแกรม BLAST พบว่ามีความเหมือนกับลำดับนิวคลีโอไทด์ของไวรัสโรตาในกลุ่มเอทุกตัวอย่าง ดังรูปที่ 12-13

Accession	Description	Max score	Total score	Query coverage	E value	Ident	Ident
JN483271.1	Rotavirus A strain RVA/Human-wt/USA/2007719635_2007/G1P[8]_sec	1550	1550	97%	0.0	98%	97%
NC_022495.1	Human rotavirus A isolate Nov10-N175 outer capsid protein VP4 (VP4)	1491	1491	99%	0.0	98%	98%
GU396751.1	Human rotavirus A strain CU205-KK/08 protease-sensitive outer capsid	1491	1491	98%	0.0	98%	98%
GU396776.1	Human rotavirus A strain CU492-BK/09 protease-sensitive outer capsid	1490	1480	99%	0.0	98%	98%
GU396764.1	Human rotavirus A strain CU420-BK/09 protease-sensitive outer capsid	1490	1480	99%	0.0	98%	98%
GU396762.1	Human rotavirus A strain CU404-BK/09 protease-sensitive outer capsid	1489	1480	99%	0.0	98%	98%
GU396779.1	Human rotavirus A strain CU517-KK/09 protease-sensitive outer capsid	1474	1474	99%	0.0	98%	98%
GU396773.1	Human rotavirus A strain CU457-KK/09 protease-sensitive outer capsid	1474	1474	99%	0.0	98%	98%
GU396771.1	Human rotavirus A strain CU383-BK/08 protease-sensitive outer capsid	1474	1474	99%	0.0	98%	98%
GU396767.1	Human rotavirus A strain CU373-BK/08 protease-sensitive outer capsid	1474	1474	99%	0.0	98%	98%
HM121633.1	Rotavirus A strain RVA/Human-wt/USA2008747369/2008/G3P[8]_seq1	1469	1469	99%	0.0	98%	98%
HM122525.1	Rotavirus A strain RVA/Human-wt/BGD/Matlab36/2002/G11P[8]_VP4 (1469	1469	99%	0.0	98%	98%
GU396763.1	Human rotavirus A strain CU406-BK/09 protease-sensitive outer capsid	1469	1469	99%	0.0	98%	98%
EU339960.1	Human rotavirus G4P[8] strain SK430 outer capsid protein (VP4) (gen	1469	1469	99%	0.0	98%	98%
GU396761.1	Rotavirus A human/Vanderbilt/VU05-06-69/2005/G1P[8]_segment 4 c	1463	1463	99%	0.0	98%	98%
GU396760.1	Rotavirus A human/Victoria/CK00012/2004-G1P[8]_segment 4 outer c	1463	1463	99%	0.0	98%	98%
GU396759.1	Rotavirus A human/Victoria/CK00006/2004-G1P[8]_segment 4 outer c	1462	1463	99%	0.0	98%	98%
GU396758.1	Human rotavirus G9P[8] strain DH396 outer capsid protein (VP4) (gen	1462	1463	99%	0.0	98%	98%
GU396757.1	Rotavirus A strain RVA/Human-wt/USA/2007719674_2007/G1P[8]_sec	1458	1458	99%	0.0	97%	97%
GU396756.1	Rotavirus A human/Vanderbilt/VU05-06-72/2005/G12P[8]_outer caps	1458	1458	99%	0.0	97%	97%
GU396755.1	Rotavirus A human/Vanderbilt/VU06-07-21/2006/G3P[8]_segment 4 c	1458	1458	99%	0.0	97%	97%
GU396754.1	Rotavirus A human/Vanderbilt/VU05-06-67/2005/G1P[8]_segment 4 c	1458	1458	99%	0.0	97%	97%
GU396753.1	Rotavirus A human/Vanderbilt/VU05-06-59/2005-G1P[8]_segment 4 c	1458	1458	99%	0.0	97%	97%
GU396752.1	Rotavirus A human/Vanderbilt/VU05-06-48/2005-G1P[8]_segment 4 c	1458	1458	99%	0.0	97%	97%

รูปที่ 12 แสดงตัวอย่างผลการเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน VP4 ที่ได้จากนิวคลีโอไทด์ของ สิ่งมีชีวิตอื่นที่มีอยู่ในธนาคารรหัสพันธุกรรม (GenBank) โดยใช้โปรแกรม BLAST จากรูปพบว่า ลำดับนิวคลีโอไทด์ที่ได้จากการศึกษามีความเหมือนกับลำดับนิวคลีโอไทด์ของ Human rotavirus A ส่วนยีน VP4

Accession	Description	Max score	Total score	Query coverage	E value	Max ident	Links
JN258363.1	Rotavirus A strain RVA/Human-wt/USA/2007719635/2007/G1P[8]_sec	1550	1550	97%	0.0	98%	
GU396827.1	Human rotavirus A strain CU163-KK/07 glycosylated outer capsid pro	1548	1548	97%	0.0	98%	
GU396826.1	Human rotavirus A strain CU231-KK/08 glycosylated outer capsid pro	1548	1548	97%	0.0	98%	
GU396825.1	Human rotavirus A strain CU205-KK/08 glycosylated outer capsid pro	1548	1548	97%	0.0	98%	
GU396824.1	Human rotavirus A strain CU190-KK/08 glycosylated outer capsid pro	1548	1548	97%	0.0	98%	
GU396823.1	Human rotavirus A strain CU195-KK/08 glycosylated outer capsid pro	1548	1548	97%	0.0	98%	
GU396822.1	Human rotavirus A strain CU241-KK/08 glycosylated outer capsid pro	1548	1548	97%	0.0	98%	
GU396821.1	Human rotavirus A strain CU161-KK/07 glycosylated outer capsid pro	1548	1548	97%	0.0	98%	
GU396820.1	Human rotavirus A strain CU246-KK/08 glycosylated outer capsid pro	1543	1543	97%	0.0	98%	
GU396819.1	Human rotavirus A strain CU240-KK/08 glycosylated outer capsid pro	1543	1543	97%	0.0	98%	
GU396818.1	Human rotavirus A strain CU218-KK/08 glycosylated outer capsid pro	1543	1543	97%	0.0	98%	
GU396817.1	Human rotavirus A strain CU237-KK/08 glycosylated outer capsid pro	1537	1537	97%	0.0	98%	
GU396816.1	Human rotavirus A strain CU383-BK/08 glycosylated outer capsid pro	1531	1531	97%	0.0	98%	
GU396815.1	Human rotavirus A strain CU197-BK/08 glycosylated outer capsid pro	1531	1531	97%	0.0	98%	
GU396814.1	Human rotavirus A strain CU373-BK/08 glycosylated outer capsid pro	1531	1531	97%	0.0	98%	
GU396813.1	Human rotavirus A strain CU450-KK/09 glycosylated outer capsid pro	1531	1531	97%	0.0	98%	
GU396812.1	Human rotavirus A strain CU435-KK/09 glycosylated outer capsid pro	1531	1531	97%	0.0	98%	
GU396811.1	Human rotavirus A strain CU211-KK/08 glycosylated outer capsid pro	1526	1526	97%	0.0	98%	
GU396810.1	Human rotavirus A strain CU617-TK/09 glycosylated outer capsid pro	1526	1526	97%	0.0	98%	
GU396809.1	Human rotavirus A strain CU459-KK/09 glycosylated outer capsid pro	1526	1526	97%	0.0	98%	
GU396808.1	Human rotavirus A strain CU533-KK/09 glycosylated outer capsid pro	1526	1526	97%	0.0	98%	
GU396807.1	Human rotavirus A strain CU537-KK/09 glycosylated outer capsid pro	1526	1526	97%	0.0	98%	
GU396806.1	Human rotavirus A strain CU457-KK/09 glycosylated outer capsid pro	1526	1526	97%	0.0	98%	

รูปที่ 13 แสดงตัวอย่างผลการเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีน VP7 ที่ได้จากนิวคลีโอไทด์ของ สิ่งมีชีวิตอื่นที่มีอยู่ในธนาคารรหัสพันธุกรรม (GenBank) โดยใช้โปรแกรม BLAST จากรูป พบว่าลำดับนิวคลีโอไทด์ที่ได้จากการศึกษามีความเหมือนกับลำดับนิวคลีโอไทด์ของ Human rotavirus A ส่วนยีน VP7

จากการตรวจสอบลำดับนิวคลีโอไทด์เพื่อจัดจำแนกคุณลักษณะของเชื้อออกเป็น G-genotype, P-genotype พบว่าสามารถจำแนกเชื้อ Group A rotaviruses ออกเป็น G-genotype และ P-genotype ต่างๆ โดยมีการกระจายตัวของเชื้อที่มี G-genotype G3 มากที่สุดคิดเป็น 60.4% รองลงมาคือ G1 และ G2 คิดเป็น 39.2% และ 0.4% ตามลำดับ ส่วน P-genotype พบการกระจายตัวของ P[8] มากที่สุดคิดเป็น 99.6% รองลงมาคือ P[4] คิดเป็น 0.4% ดังแสดงในตารางที่ 11

ตารางที่ 11 แสดงผลการจำแนกจีโนไทป์ด้วยลำดับนิวคลีโอไทด์ในบริเวณยีน VP4 และ VP7

จีโนไทป์	จำนวนสายพันธุ์ของเชื้อไวรัสโรตาที่พบ (%)		รวม
	P[4]	P[8]	
G1	-	98 (39.2)	98 (39.2)
G2	1 (0.4)	-	1 (0.4)
G3	-	151 (60.4)	151 (60.4)
รวม	1 (0.4)	249 (99.6)	250 (100)

1.5. เปรียบเทียบข้อมูลจีโนไทป์ที่พบในแต่ละโรงพยาบาล

เมื่อวิเคราะห์ผลโดยอาศัย Binary classification system พบ G-P combination ทั้งหมด 3 รูปแบบ โดยพบเชื้อสายพันธุ์ G3P[8] มากที่สุด คิดเป็น 60.4% รองลงมาคือ G1P[8] และ G2P[4] คิดเป็น 39.2% และ 0.4% ตามลำดับ

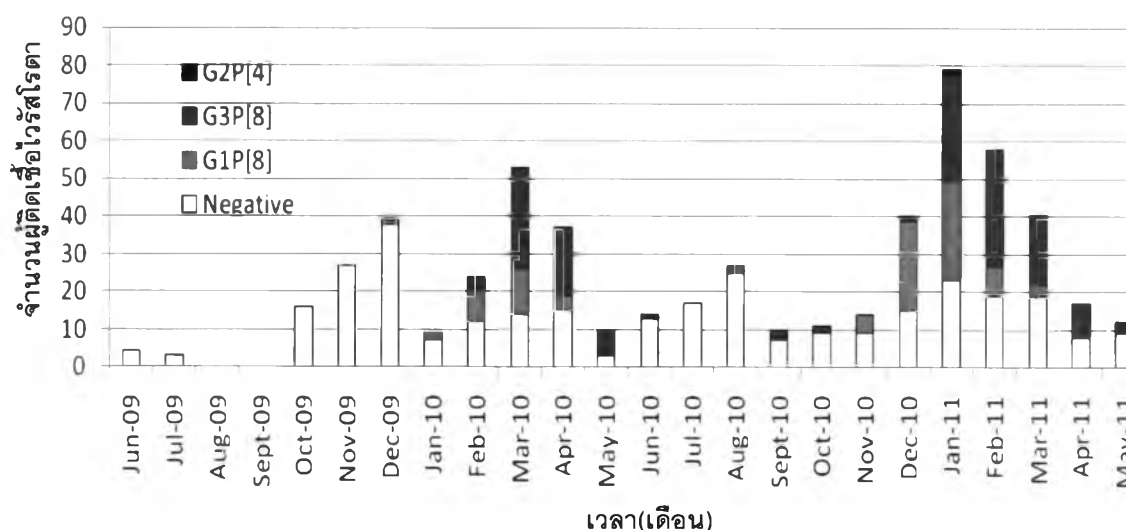
ตารางที่ 12 แสดงผลการจำแนกสายพันธุ์ของเชื้อไวรัสโรตาที่แยกได้จากผู้ป่วยทั้งสองโรงพยาบาลในสองจังหวัด

จังหวัด	จำนวนสิ่งส่งตรวจ	จำนวนที่พบเชื้อทั้งหมด	จำนวนสายพันธุ์ของเชื้อไวรัสโรตาที่พบ (%)		
			G1P[8]	G2P[4]	G3P[8]
กรุงเทพมหานคร	41	9	7 (77.8)	-	2 (22.3)
ขอนแก่น	521	241	91 (37.8)	1 (0.4)	149 (61.8)
รวม	562	250	98 (39.2)	1 (0.4)	151 (60.4)

จากตารางที่ 12 พบว่าในระยะเวลาตั้งแต่เดือนมิถุนายน 2552 ถึง พฤษภาคม 2554 มีเด็กที่ป่วยด้วยอาการอุจจาระร่วงที่เข้ารับการรักษาจากโรงพยาบาลจุฬาลงกรณ์ จังหวัดกรุงเทพมหานคร

ทั้งหมด 41 ราย และมีเพียง 9 ราย เท่านั้นที่ป่วยจากการได้รับเชื้อไวรัสโรตา โดยสายพันธุ์ที่พบ ได้แก่ G1P[8] 77.8% (7/9) และ G3P[8] 22.3% (2/9) ซึ่งจากจำนวนสายพันธุ์ที่พบสามารถบอกได้ว่า G1P[8] มีแนวโน้มที่จะเป็นสายพันธุ์ที่พบได้มาก (dominant) ในจังหวัดกรุงเทพมหานคร ในขณะที่โรงพยาบาลชุมแพ จังหวัดขอนแก่น ในระยะเวลาเท่ากัน มีเด็กที่ป่วยด้วยอาการอุจจาระร่วงที่เข้ารับการรักษาจากโรงพยาบาลนี้ถึง 521 ราย มากกว่าโรงพยาบาลจุฬาลงกรณ์ถึงเกือบ 13 เท่า โดยพบเด็กที่ป่วยจากการได้รับเชื้อไวรัสโรตาทั้งหมด 241 รายด้วยกัน สายพันธุ์ที่พบได้มากที่สุดนั้นได้แก่ G3P[8] 61.8% (149/241) รองลงมาคือ G1P[8] 37.8% (91/241) และ G2P[4] 0.4% (1/241)

ดังนั้นจากผลโดยรวม พบว่า ไวรัสโรตาสายพันธุ์ G3P[8] เป็นสายพันธุ์ที่มีการระบาดมากที่สุด ในช่วงระยะเวลาดังกล่าว (มิถุนายน 2552-พฤษภาคม 2554) ดังแสดงในรูปที่ 14



รูปที่ 14 กราฟแท่งแสดงความชุกของสายพันธุ์เชื้อไวรัสโรตา ที่พบในแต่ละเดือนรวมสองโรงพยาบาล ตั้งแต่เดือนมิถุนายน 2552-พฤษภาคม 2554

1.6. ผลการจัดกลุ่มโดย Phylogenetic analysis เปรียบเทียบกับข้อมูลนิวคลีโอไทด์ที่มีรายงาน
จีโนไทป์ใน GenBank

จีโนไทป์ที่จำแนกได้ มาจากการสร้าง Phylogenetic tree เปรียบเทียบกับลำดับนิวคลีโอไทด์
จาก GenBank โดยรหัสพันธุกรรมที่ใช้อ้างอิง ได้แก่

Genotype G1: EF079066, EF079064, GQ996836, DQ674930, FJ348350, FJ348348,
FJ348347, FJ348346, HM773851, JF490428, JF490444, DQ37759,
EU984109, HQ738579, DQ377596, DQ377598, AF183859, D16325,
AF043678, DQ377588, AB081799, GU979204, AB585918, L24164,
GU985249, GU358440, EF079069, HM467952, AF260952, M92651,
AF480293, DQ512969, DQ512979, DQ512968, AY631049, D16344,
AY098670, DQ674881, DQ674873, DQ512982, DQ512980, K02033,
DQ512981, DQ207389, U26364, AF183848, GQ996867, GQ996868,
GU358429, D16320, D16328, DQ377567, DQ377574, DQ377593,
DQ377587, U26377, D16326, AB018697

Genotype G2: AF450292, AF106280, AF044338, AF106297, AF106299, AF260956,
AF106281, AF480275, AF401754, AF508733, AB118023, AY261338,
AY787646, AJ293718, AY261351, AY261353, AY261357, AY261341,
AY707784, AY261349, AY603152, AY766085, AY261350, AJ293722,
GU288624, DQ321493, DQ534015, DQ904515, DQ904512, A01028,
DQ904516, D50124, DQ904511, DQ904519, HM467956, EF199724,
D50114, EU839922, EU839928, U36242, D50125, D50126, D50117,
U73955

Genotype G3: AB180974, AB525801, AB527009, AB585928, AB527010, AB525800
AB585929, AF450293, AF260957, AF386915, AJ311739, AJ311738,
AY900173, AY603153, AY707793, AY707794, GQ282614, GQ338883,
GU985263, GU598248, FJ947911, FJ747619, FJ947326, HQ230030,

HM773730, EF672602, EF442734, EF088832, EU708588, EU708961, EU708578, EU708581, DQ674934, DQ904498, DQ873679, DQ779050, DQ904502, DQ440616, DQ440614, DQ904503, DQ923797, DQ873677, DQ923801, DQ873678, DQ873673, DQ995488, DQ995489, D86264, D86276, D86277, U04350, D86278, D86266, D86272, D8628, D86284

Genotype P[4]: AF531909, AF401755, AY603157, AY787644, AJ278256, EU839949, EU839951, EU839950, EU839945, EF077318, EF077354, EF672591, FJ529397, FJ409997, FJ440334, FJ386448, FJ492776, GQ117018, GQ414543, GU288634, GU598250, GU598249, U07753, HQ641373, X82323, HQ650119, DQ235963, DQ492659, DQ172839, DQ097014, DQ172840, M32559

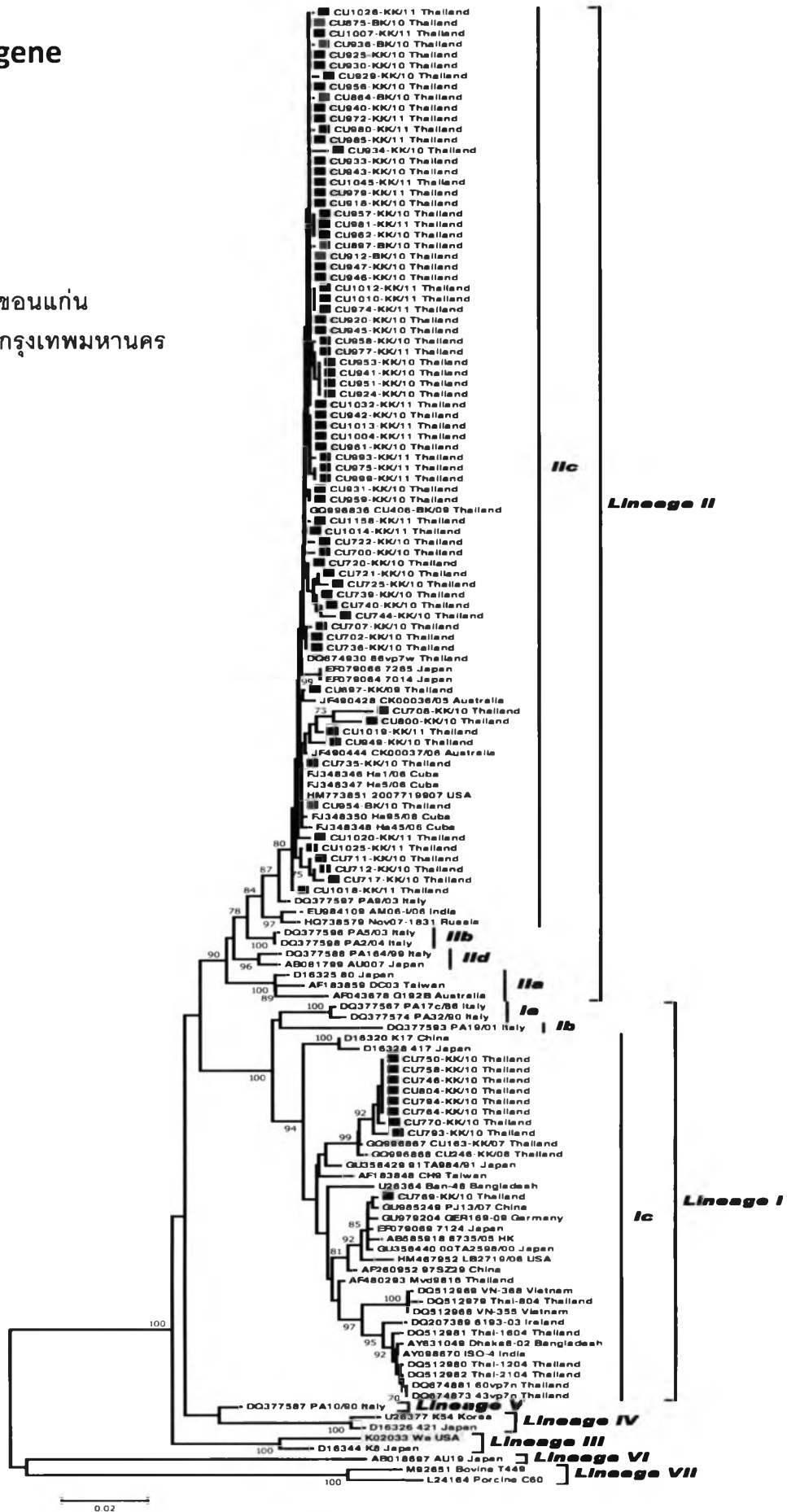
Genotype P[8]: AB039943, AB039944, AB039939, AB008288, AB008273, AB008278, AB008285, AB008279, AJ302146, AJ605315, AJ302143, FJ919249, AJ540229, AJ302153, AJ302151, AY509910, JN258371, AY856445, AY856444, EU045239, EU045229, EU984106, FJ152130, EU679406, EU016483, EU979382, EU984107, EU839957, FJ747616, EF990707, EF059923, DQ109973, HQ537495, HQ537503, FJ447579, HQ537507, HQ392458, HQ537504, HQ392428, HM773725, HM773714, HM773626, HM534675, HM467806, HQ537489, HQ392439, GQ996776, GQ996751, GQ996759, GQ996748, GQ996746, GQ996807, GU288631, GU320761, GU592511, GU598252, EU839960, DQ005111, DQ146652, DQ675004, DQ235978, DQ146641, DQ235955, DQ235973, DQ355957, FJ713740, L34161

ผลการจำแนกจีโนไทป์ในบริเวณยีน VP7 และ VP4 ด้วยการสร้าง phylogenetic tree แสดงไว้ดังรูป ที่ 15-19

VP7 gene

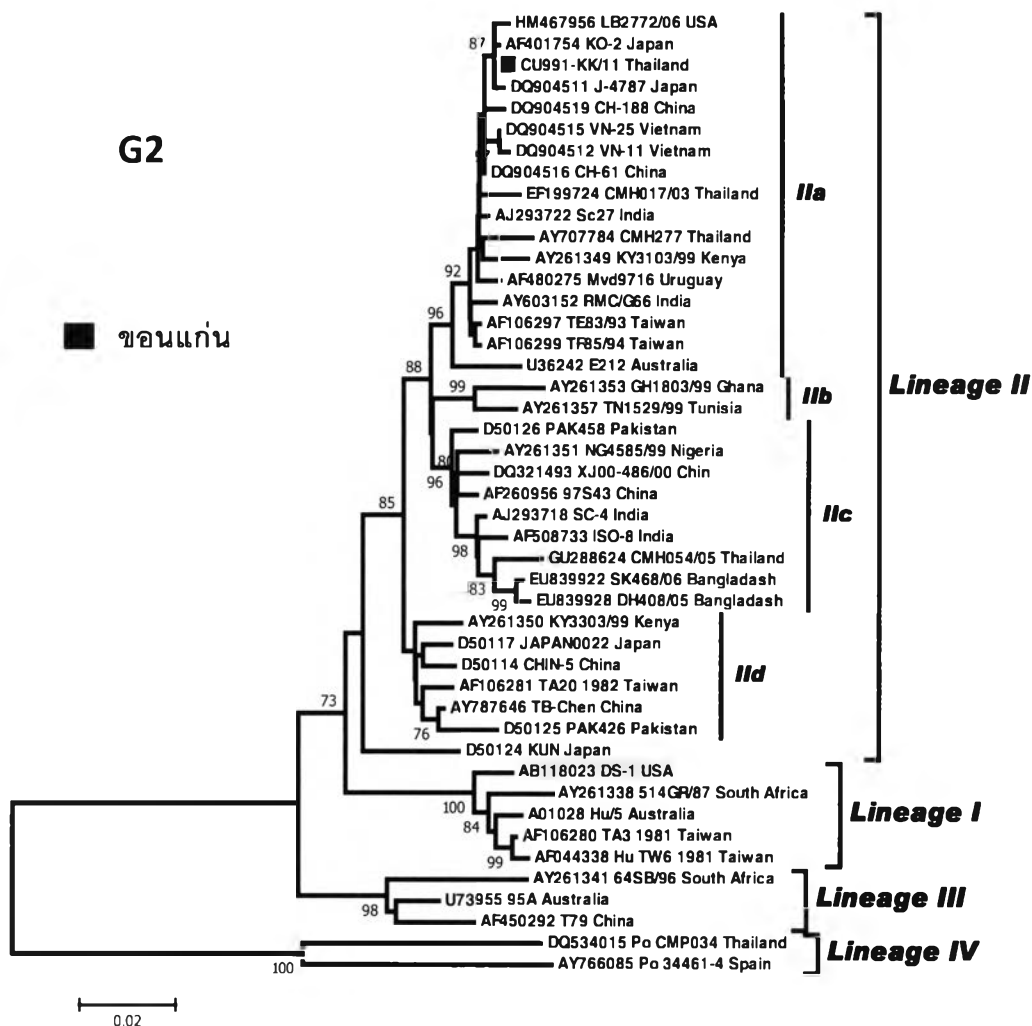
G1

- ขอนแก่น
- กรุงเทพมหานคร



รูปที่ 15 Phylogenetic tree แสดงลำดับนิวคลีโอไทด์ส่วนยีน VP7 ของจีโนไทป์ G1 ที่พบในสองโรงพยาบาล เปรียบเทียบกับนิวคลีโอไทด์จากประเทศอื่นๆ ที่มีอยู่ในธนาคารรหัสพันธุกรรม, สัญลักษณ์ ■ แสดงตัวอย่างที่พบในการศึกษานี้, แถบสีเหลืองแสดง prototype strain

จากตัวอย่างอุจจาระที่ส่งตรวจทั้งหมด ให้ผลบวกสำหรับจีโนไทป์ G1 98 ตัวอย่าง เมื่อนำลำดับนิวคลีโอไทด์ที่ได้จากการถอดรหัสพันธุกรรมในส่วน 5' และ 3' มาประกอบเข้าด้วยกันด้วยโปรแกรม Seqman เพื่อให้ได้ยีนครบเส้น พบว่า มีจำนวน 82 ตัวอย่าง ที่สามารถรวมสายรหัสพันธุกรรมในส่วนของยีน VP7 ได้ยาวตั้งแต่ 900 bp ขึ้นไป ดังนั้น เพื่อให้ได้ผลในการจัดกลุ่มทาง Phylogenetic analysis ที่ชัดเจน จึงคัดเลือก 82 ตัวอย่าง ดังกล่าว มาใช้ในการศึกษา ซึ่งจากการวิเคราะห์ด้วยการสร้าง Phylogenetic tree ในส่วนของยีน VP7 จีโนไทป์ G1 ในรูปที่ 15 พบว่า G1 ที่พบในการศึกษานี้จำแนกออกได้เป็น 2 Lineages ด้วยกัน ได้แก่ Lineage I, sublineage Ic และ Lineage II, sublineage IIc ซึ่งตัวอย่างที่วิเคราะห์ถึง 89.0% (73/82) จำแนกอยู่ใน Lineage II, sublineage IIc โดยเป็นตัวอย่างที่มาจากทั้งกรุงเทพมหานคร และขอนแก่น พ.ศ. 2553-2554 มีค่า % nucleotide และ amino acid similarity เมื่อเทียบกับสายพันธุ์อื่นๆ ใน Lineage II มากกว่า 95% ตัวอย่างที่จำแนกอยู่ใน Lineage II, sublineage IIc นี้ พบว่ามีความคล้ายกับไวรัสโรตาในคนสายพันธุ์ที่พบในประเทศไทย (CU406-BK/09 และ 86vp7w) ญี่ปุ่น (7265 และ 7014) ออสเตรเลีย (CK00037 และ CK00036) คิวบา (Ha1, Ha5, Ha45 และ Ha95) และ สหรัฐอเมริกา (2007719907) ด้วยค่า % nucleotide และ amino acid similarity ที่มากกว่า 98.2% ในขณะที่ อีกส่วนหนึ่งเพียง 11.0% (9/82) จำแนกอยู่ใน Lineage I, sublineage Ic ซึ่งส่วนใหญ่เป็นสายพันธุ์ที่พบในประเทศแถบทวีปเอเชีย โดยเป็นตัวอย่างจากขอนแก่น ในปีพ.ศ. 2553 ทั้งหมด พบว่ามีการจัดกลุ่มใกล้เคียงสายพันธุ์ที่พบในประเทศไทยเช่นเดียวกัน (CU163-KK/07 และ CU246-KK/08) รวมถึงจากญี่ปุ่น (91TA984/91), ไต้หวัน (CH9) และสาธารณรัฐประชาชนจีนด้วย (PJ13/07) โดยพบว่า มีค่า % nucleotide และ amino acid similarity เมื่อเทียบกับสายพันธุ์ดังกล่าวมากกว่า 96.1%

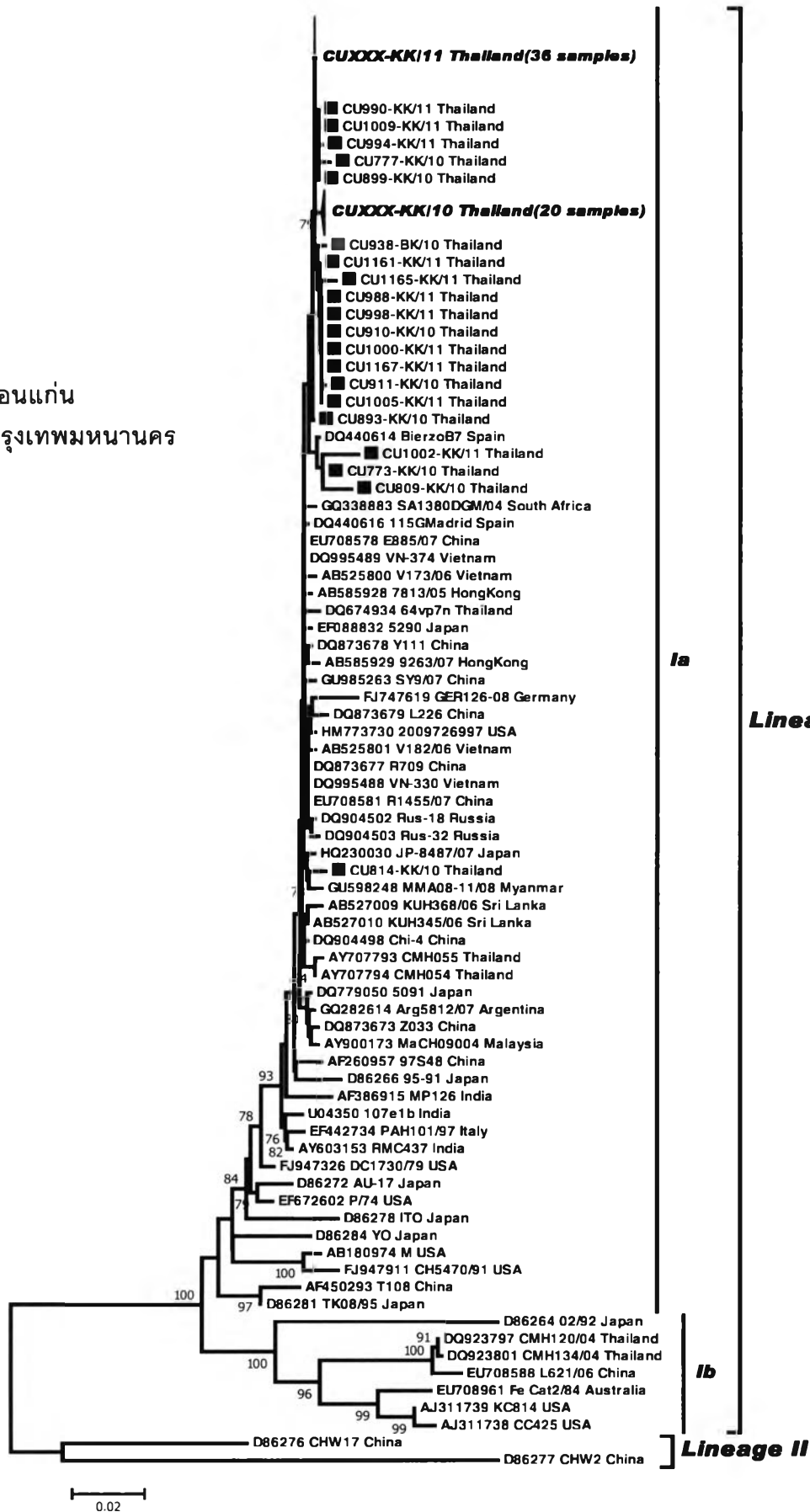


รูปที่ 16 Phylogenetic tree แสดงลำดับนิวคลีโอไทด์ส่วนยีน VP7 ของจีโนไทป์ G2 ที่พบในโรงพยาบาลชุมชนแพ เปรียบเทียบกับนิวคลีโอไทด์จากประเทศอื่นๆ ที่มีอยู่ในธนาคารรหัสพันธุกรรม, สัญลักษณ์ ■ แสดงตัวอย่างที่พบในการศึกษานี้, แถบสีเหลืองแสดง prototype strain

จากตัวอย่างอุจจาระที่ส่งตรวจทั้งหมด ให้ผลบวกสำหรับจีโนไทป์ G2 เพียง 1 ตัวอย่าง ได้แก่ CU991-KK/11 ซึ่งเป็นตัวอย่างจากจังหวัดขอนแก่น ในปี พ.ศ. 2554 การวิเคราะห์ด้วย Phylogenetic tree จากรูปที่ 16 นั้น พบว่าตัวอย่างจำแนกอยู่ใน Lineage II, sublineage IIa และมีความคล้ายกับไวรัสโรตาในคนสายพันธุ์ KO-2 จากประเทศญี่ปุ่น ด้วยค่า % nucleotide และ amino acid similarity เท่ากับ 99.9% และ 97.7% ตามลำดับ

G3

- ขอนแก่น
- กรุงเทพมหานคร



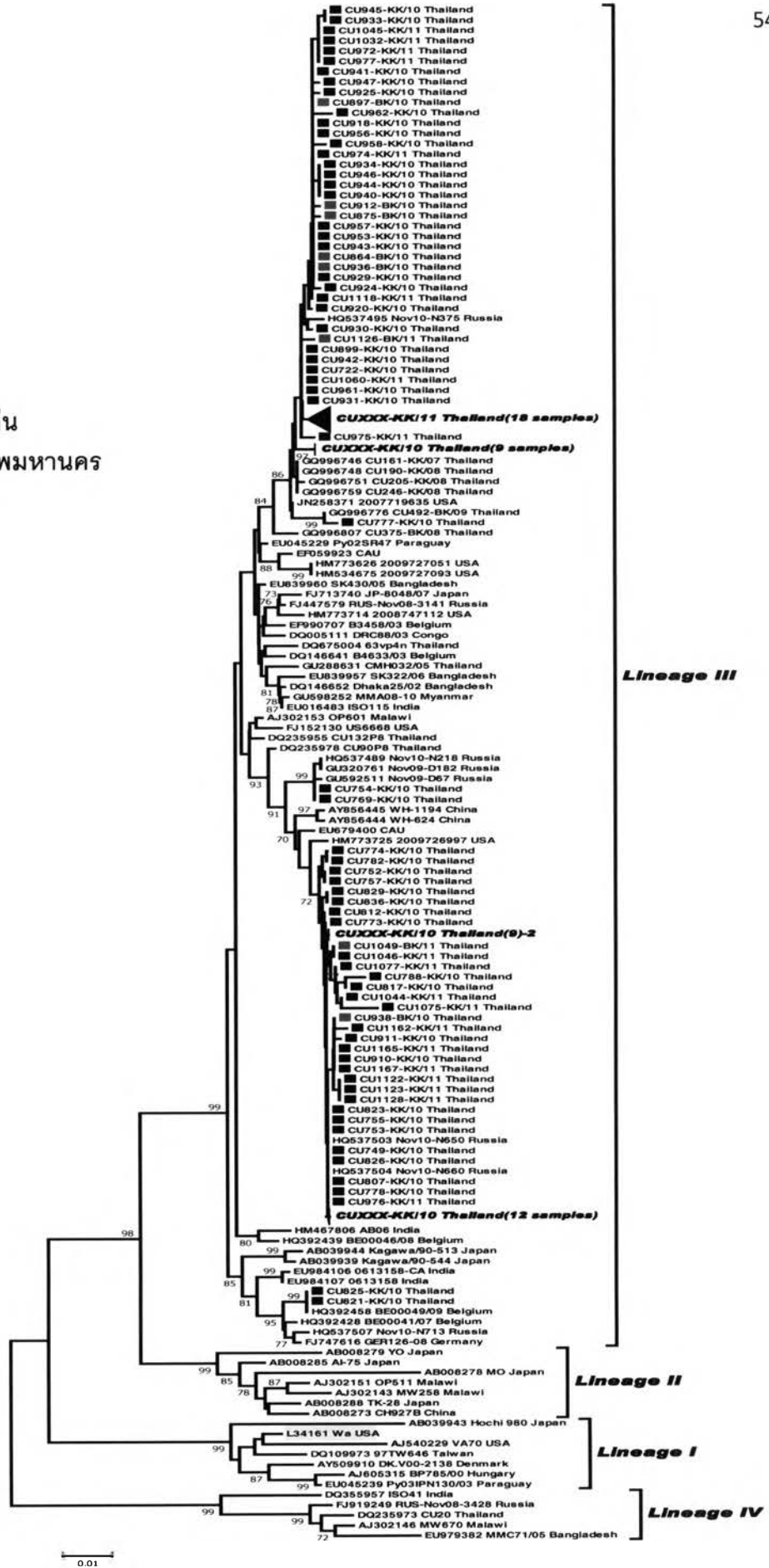
รูปที่ 17 Phylogenetic tree แสดงลำดับนิวคลีโอไทด์ส่วนยีน VP7 ของจีโนไทป์ G3 ที่พบในสองโรงพยาบาล เปรียบเทียบกับนิวคลีโอไทด์จากประเทศอื่นๆ ที่มีอยู่ในธนาคารรหัสพันธุกรรม, สัญลักษณ์ ■ แสดงตัวอย่างที่พบในการศึกษานี้

จากการวิเคราะห์ด้วย Phylogenetic tree ของจีโนไทป์ G3 ในรูปที่ 17 พบว่าตัวอย่างที่วิเคราะห์จำแนกอยู่ใน Lineage I, sublineage Ia ทั้งหมด โดยมี 1 ตัวอย่างจากกรุงเทพมหานคร ในปี พ.ศ. 2553 (CU938-BK/10) ส่วนที่เหลือเป็นตัวอย่างจากขอนแก่น ในปี พ.ศ. 2553-2554 โดยตัวอย่างทั้งหมดมีความคล้ายกับไวรัสโรตาในคนสายพันธุ์ E885 ที่พบในประเทศจีน และ VN-374 ที่พบในประเทศเวียดนาม โดยมีค่า % nucleotide และ amino acid similarity เมื่อเทียบตัวอย่างกับสายพันธุ์จากประเทศดังกล่าวเท่ากับ 98.4 -99.8% และ 97.6-99.7% ตามลำดับ

VP4 gene

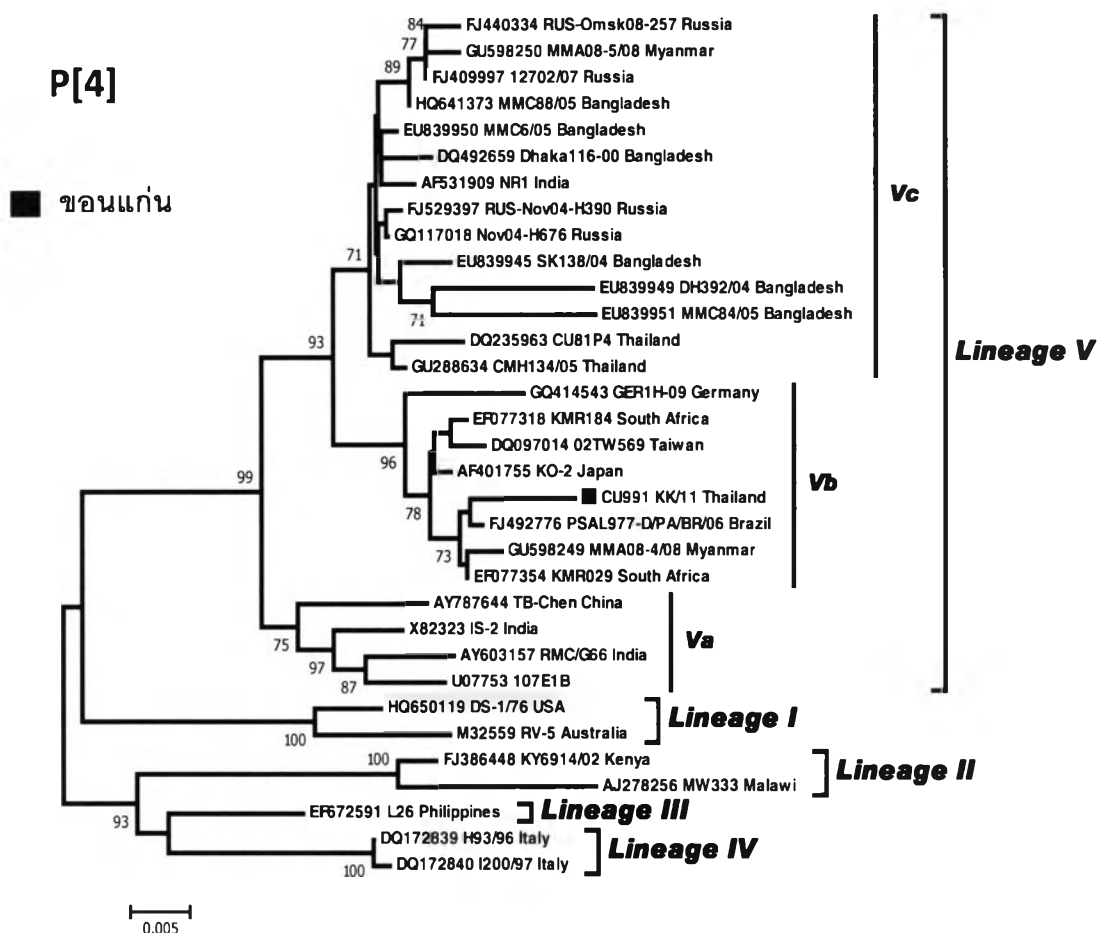
P[8]

- ขอนแก่น
- กรุงเทพมหานคร



รูปที่ 18 Phylogenetic tree แสดงลำดับนิวคลีโอไทด์ส่วนยีน VP4 ของจีโนไทป์ P[8] ที่พบในสองโรงพยาบาล เปรียบเทียบกับนิวคลีโอไทด์จากประเทศอื่นๆ ที่มีอยู่ในธนาคารรหัสพันธุกรรม, สัญลักษณ์ ■ แสดงตัวอย่างที่พบในการศึกษานี้, แถบสีเหลืองแสดง prototype strain

จากการวิเคราะห์ด้วย Phylogenetic tree ของจีโนไทป์ P[8] ในรูปที่ 18 พบว่า ตัวอย่างที่ศึกษาทั้งหมดจำแนกอยู่ใน Lineage III และเมื่อเปรียบเทียบค่า % nucleotide และ amino acid similarity พบว่าตัวอย่างทั้งหมดมีความคล้ายกับไวรัสโรตาในคนสายพันธุ์ที่พบในประเทศรัสเซีย มีเพียง 2 ตัวอย่าง ได้แก่ CU821-KK/10 และ CU825-KK/10 ที่พบว่ามีความคล้ายกับสายพันธุ์ BE00049 ที่พบในประเทศเบลเยียม ด้วยค่า % amino acid similarity ถึง 100% แต่ยังคงจำแนกอยู่ในกลุ่มเดียวกับสายพันธุ์ที่พบในประเทศรัสเซียด้วย



รูปที่ 19 Phylogenetic tree แสดงลำดับนิวคลีโอไทด์ส่วนยื่น VP4 ของจีโนไทป์ P[4] ที่พบในโรงพยาบาลชุมชนแพ เปรียบเทียบกับนิวคลีโอไทด์จากประเทศอื่นๆ ที่มีอยู่ในธนาคารรหัสพันธุกรรม สัญลักษณ์ ■ แสดง ตัวอย่างที่พบในการศึกษานี้, แถบสีเหลืองแสดง prototype strain

จากการวิเคราะห์ด้วย Phylogenetic tree ของจีโนไทป์ P[4] ซึ่งพบเพียง 1 ตัวอย่าง จากผู้ป่วยเด็กในจังหวัดขอนแก่น ในปี พ.ศ. 2544 จากรูปที่ 19 พบว่า P[4] ที่พบในการศึกษานี้ จำแนกอยู่ใน Lineage V, sublineage Vb และมีความคล้ายกับไวรัสโรตาในคนสายพันธุ์ PSAL977-D ที่พบในประเทศบราซิล โดยมีค่า % nucleotide และ amino acid similarity เมื่อเทียบตัวอย่างกับสายพันธุ์ดังกล่าว เท่ากับ 99 %

ส่วนที่ 2 ผลการศึกษา complete genome (11 ยีน) ของสายพันธุ์ไวรัสโรตาในประเทศไทย

ตัวอย่างที่นำมาศึกษา complete nucleotide sequences ทั้ง 11 ยีน ได้คัดเลือกตัวอย่างจากทั้งปีที่ได้ทำการศึกษา คือ ตั้งแต่เดือนมิถุนายน 2552 ถึง พฤษภาคม 2554 และจากตัวอย่างของปีก่อนหน้านี้ ที่ได้ทำการจำแนกสายพันธุ์ในส่วนยีน VP7 และ VP4 ไว้แล้ว รวมทั้งหมด 22 ตัวอย่าง (7 สายพันธุ์) ซึ่งได้แสดงรายละเอียดของตัวอย่างไว้ในตารางที่ 5 (บทที่ 3)

ผลการจำแนกจีโนไทป์ทั้ง 11 ยีน ของตัวอย่างที่ศึกษาทั้ง 22 ตัวอย่าง ด้วยการสร้าง phylogenetic tree ได้แสดงไว้ดังรูปที่ 20-30 โดยรหัสพันธุกรรมที่ใช้อ้างอิงถูกแสดงไว้ใน ภาคผนวก ค

หมายเหตุ Host ของรหัสพันธุกรรมที่ใช้อ้างอิงใน phylogenetic tree ถูกแสดงโดยใช้ตัวย่อแทน ดังนี้

An: Antelope, Bo: Bovine, Ca: Canine, Carp: Carprine, Eq: Equine, Fe: Feline,

Hu: Human, La: Lapine, Ov: Ovine, Po: Porcine, Si: Simian

รูปที่ 20 Phylogenetic tree แสดงผลการจำแนกจีโนไทป์ในส่วนยีน VP1 ของตัวอย่างที่วิเคราะห์ทั้ง 22 ตัวอย่าง เปรียบเทียบกับนิวคลีโอไทด์จากประเทศอื่นที่มีอยู่ในธนาคารรหัสพันธุกรรม, สัญลักษณ์ ■ แสดง ตัวอย่างที่วิเคราะห์ในการศึกษานี้, แถบสีเหลืองแสดง prototype strain

ยีน VP7

ผลการนำ complete nucleotide sequences ในส่วนของยีน VP7 จากตัวอย่างที่ศึกษาที่มีจีโนไทป์ G1, G2, G3, G9 และ G12 มาเปรียบเทียบกับข้อมูลที่มีรายงานในฐานข้อมูล GenBank โดยการนำ phylogenetic analysis จากรูปที่ 20 พบว่า ตัวอย่าง CU769-KK/10 และ CU537-KK/10 ที่มีจีโนไทป์ G1 จำแนกอยู่ใกล้กับไวรัสโรตาในคนหลายสายพันธุ์ที่พบในประเทศทางแถบเอเชีย ได้แก่ ประเทศญี่ปุ่น, สาธารณรัฐประชาชนจีน, ไต้หวัน และฮ่องกง โดยมีค่า % nucleotide และ amino acid similarity เมื่อเทียบตัวอย่างที่ศึกษากับสายพันธุ์จากประเทศดังกล่าวมากกว่า 97.1% และ 96.1% ตามลำดับ ในขณะที่ตัวอย่าง CU875-BK/10, CU956-KK/11 และ CU957-KK/11 ที่มีจีโนไทป์ G1 เช่นกัน พบว่ามีความคล้ายกับสายพันธุ์ที่พบในประเทศทางแถบทวีปอเมริกา ได้แก่ ประเทศคิวบา (Ha45, Ha1, Ha5 และ Ha95) และ สหรัฐอเมริกา (2007719907) โดยมีค่า % nucleotide และ amino acid similarity เท่ากับ 99.3-99.7 % และ 99.6% ตามลำดับ

ตัวอย่างที่จำแนกอยู่ในจีโนไทป์ G2 ทั้งหมด 6 ตัวอย่าง พบว่า ตัวอย่าง CU110-BK/08 และ CU209-KK/08 มีความใกล้เคียงกับไวรัสโรตาในคน ที่ส่วนใหญ่เป็นสายพันธุ์ที่พบในประเทศบังคลาเทศ (184, MMC84, MMA08, MMC88 และ 258) และมี 1 สายพันธุ์จากประเทศอินเดีย (mani-4) โดยมีค่า % nucleotide และ amino acid similarity เมื่อเทียบกับสายพันธุ์ดังกล่าว เท่ากับ 97.0-98.8 % ส่วนอีก 4 ตัวอย่าง CU436-KK/09, CU473-BK/09, CU438-KK/09 และ CU497-BK/09 พบว่า มีความเหมือนกับไวรัสโรตาในคนสายพันธุ์ KO-2 จากประเทศญี่ปุ่น และ LB2772 จากประเทศสหรัฐอเมริกา ด้วยค่า % nucleotide และ amino acid similarity 99.4-99.7% และ 98.2-100% ตามลำดับ และมีการจำแนกอยู่ในกลุ่มที่ส่วนใหญ่เป็นไวรัสโรตาในคนจากประเทศไต้หวันอีกหลายสายพันธุ์ด้วย

ตัวอย่างที่จำแนกอยู่ในจีโนไทป์ G9 ซึ่งมี 2 ตัวอย่าง พบว่า ตัวอย่าง CU328-NR/08 และ CU329-NR/08 มีความเหมือนกับไวรัสโรตาในคนสายพันธุ์ที่พบในประเทศฮ่องกง (6208, 9891 และ 9516) และสาธารณรัฐประชาชนจีน (L880 และ BJ-CR5317) ด้วยค่า % nucleotide และ amino acid similarity 99.0-99.7%

ตัวอย่างที่จำแนกอยู่ในจีโนไทป์ G3 ทั้งหมด 5 ตัวอย่าง พบว่า ตัวอย่าง CU766-KK/10, CU747-KK/10, CU976-KK/11 และ CU938-BK/11 มีความใกล้เคียงกับไวรัสโรตาในคนสายพันธุ์ SY1 ที่พบในประเทศสาธารณรัฐประชาชนจีน ด้วยค่า % nucleotide และ amino acid similarity เท่ากับ 99.4-99.6 % และ 98.7-99.6% ตามลำดับ ในขณะที่ตัวอย่าง CU365-KK/08 มีการจำแนกใกล้เคียงกับไวรัสโรตาสายพันธุ์ที่พบทั้งโคน และสัตว์ โดยเฉพาะแมว และสุนัข เมื่อเปรียบเทียบค่า % nucleotide และ amino acid similarity กับสายพันธุ์อื่นในจีโนไทป์เดียวกันพบว่า มีความคล้ายกับไวรัสโรตาในคนสายพันธุ์ AU-1 ซึ่งเป็นสายพันธุ์ที่เป็น prototype โดยมีค่าเท่ากับ 92.2% และ 90.4% ตามลำดับ และกับสายพันธุ์อื่นๆที่พบในสัตว์ (Cat2, BA222, RAC-DG5 และ MP-CIVET) ได้ค่าเท่ากับ 92.9-94.6% และ 88.2-89.0% ตามลำดับ

ตัวอย่างที่จำแนกอยู่ในจีโนไทป์ G12 ทั้งหมด 4 ตัวอย่าง พบว่า ตัวอย่าง CU615-TK/09 และ CU616-TK/09 มีความคล้ายกับไวรัสโรตาในคนสายพันธุ์ 05SLC030 และ KUH250 ที่พบในประเทศศรีลังกา ด้วยค่า % nucleotide และ amino acid similarity เท่ากับ 99.3-99.5% และ 98.7-99.6% ตามลำดับ ส่วนตัวอย่าง CU331-NR/08 และ CU460-KK/09 พบว่ามีความคล้ายกับไวรัสโรตาในคนสายพันธุ์ MS051-07 ที่พบในประเทศไทย ในปี 2550 ด้วยค่า % nucleotide และ amino acid similarity เท่ากับ 99.4-99.6 % และ 99.1-99.6% ตามลำดับ นอกจากนี้ทั้ง 4 ตัวอย่างยังมีการจำแนกอยู่ในกลุ่มเดียวกับไวรัสโรตาในคนหลายๆ สายพันธุ์ที่พบในประเทศบังคลาเทศ และอินเดียด้วย

รูปที่ 21 Phylogenetic tree แสดงผลการจำแนกจีโนไทป์ในส่วนยีน VP4 ของตัวอย่างที่วิเคราะห์ทั้ง 22 ตัวอย่าง เปรียบเทียบกับนิวคลีโอไทด์จากประเทศอื่น ๆ ที่มีอยู่ในธนาคารรหัสพันธุกรรม, สัญลักษณ์ ■ แสดง ตัวอย่างที่วิเคราะห์ในการศึกษานี้, แถบสีเหลืองแสดง prototype strain

ยีน VP4

ผลการนำ complete nucleotide sequences ในส่วนยีน VP4 ของตัวอย่างที่ศึกษาที่มีจีโนไทป์ P[8], P[4], P[6], และ P[9] มาเปรียบเทียบกับข้อมูลที่มีรายงานในฐานข้อมูล GenBank โดยการนำ phylogenetic analysis จากรูปที่ 21 พบว่า ตัวอย่างที่มีจีโนไทป์ P[8] ได้แก่ CU875-BK/10, CU956-KK/11, CU957-KK/11, CU537-KK/09, CU328-NR/08, CU329-NR/08, CU615-TK/09 และ CU616-NR/09 มีความใกล้เคียงกับไวรัสโรตาในคนสายพันธุ์ Matlab36, Dhaka25-02 จากประเทศบังกลาเทศ และ 2009727051, 2009727093 จากสหรัฐอเมริกา โดยมีค่า % nucleotide และ amino acid similarity เมื่อเทียบกับสายพันธุ์จากประเทศดังกล่าวเท่ากับ 98.0-99.0% และ 96.8-98.5% ตามลำดับ ส่วนตัวอย่าง CU769-KK/10, CU766-KK/10, CU747-KK/10, CU976-KK/11 และ CU938-BK/11 พบว่ามีความใกล้เคียงกับไวรัสโรตาในคนสายพันธุ์ 2009726997 ที่พบในสหรัฐอเมริกา และ CAU 219 ที่พบในเกาหลีใต้ ด้วยค่า % nucleotide และ amino acid similarity เท่ากับ 98.8-99.7% และ 97.2-98.9% ตามลำดับ และอีก 1 ตัวอย่างที่มีจีโนไทป์ P[8] ได้แก่ CU460-KK/09 พบว่ามีความใกล้เคียงกับไวรัสโรตาในคนสายพันธุ์ AB06 ที่พบในประเทศอินเดีย และ BE00046 ที่พบในประเทศเบลเยียม ด้วยค่า % nucleotide และ amino acid similarity เท่ากับ 97.1% และ 95.0-95.1% ตามลำดับ

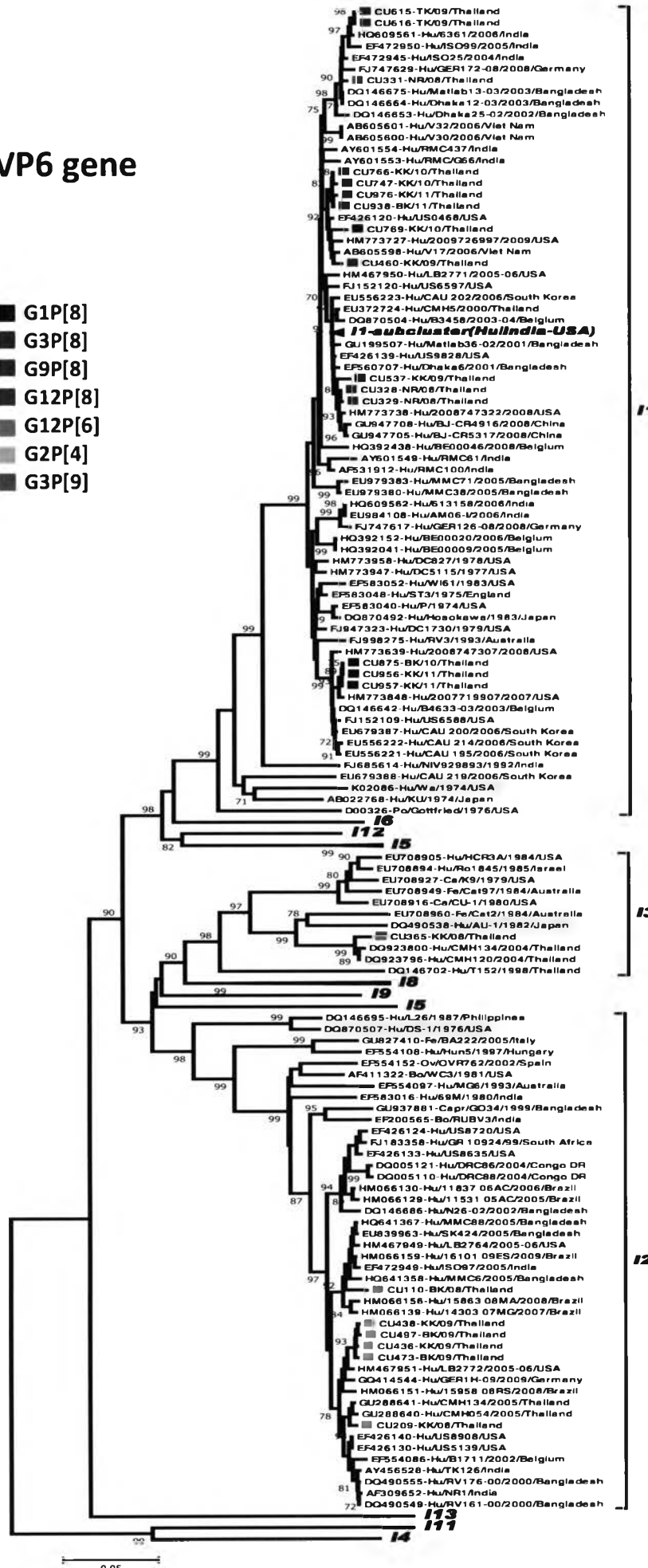
ตัวอย่างที่มีจีโนไทป์ P[4] 6 ตัวอย่าง ได้แก่ CU110-BK/08, CU209-KK/08, CU436-KK/09, CU473-BK/09, CU438-KK/09 และ CU497-BK/09 พบว่า มีความใกล้เคียงกับไวรัสโรตาในคนสายพันธุ์ MMC88, MMMC84 ที่พบในประเทศบังกลาเทศ GER1H-09 ที่พบในประเทศเยอรมันนี และ KO-2 ที่พบในประเทศญี่ปุ่น โดยมีค่า % nucleotide และ amino acid similarity เมื่อเทียบกับสายพันธุ์ดังกล่าว เท่ากับ 97.1-99.5% และ 96.1-99.4% ตามลำดับ

ตัวอย่างที่มีจีโนไทป์ P[6] 1 ตัวอย่าง ได้แก่ CU331-NR/08 พบว่ามีความใกล้เคียงกับไวรัสโรตาในคนสายพันธุ์ Dhaka 12 และ SK277 ที่พบในประเทศบังกลาเทศ โดยมีค่า % nucleotide และ amino acid similarity เมื่อเทียบกับสายพันธุ์ดังกล่าว เท่ากับ 98.4-98.7% และ 97.4-97.7% ตามลำดับ

ตัวอย่าง CU365-KK/08 ที่จำแนกอยู่ในจีโนไทป์ P[9] พบว่า มีความเหมือนกับสายพันธุ์ AU-1 prototype โดยมีค่า % nucleotide และ amino acid similarity เท่ากับ 98.7% และ 98.4% ตามลำดับ นอกจากนี้ยังจำแนกอยู่ใกล้กับสายพันธุ์ไวรัสโรตาที่พบในสัตว์ด้วย ได้แก่ RAC-DG5 ที่พบในแร้คคูน และ MP-CIVET66 ที่พบในชะมด และเมื่อเทียบค่า % nucleotide และ amino acid similarity ของสายพันธุ์ที่พบในสัตว์ดังกล่าวกับตัวอย่าง CU365-KK/08 มีค่าเท่ากับ 98.1-98.2% และ 97.1-98.1% ตามลำดับ

VP6 gene

- G1P[8]
- G3P[8]
- G9P[8]
- G12P[8]
- G12P[6]
- G2P[4]
- G3P[9]



11
13
12
14
111
112
113
114
115
116
117
118
119

รูปที่ 22 Phylogenetic tree แสดงผลการจำแนกจีโนไทป์ในส่วนยีน VP6 ของตัวอย่างที่วิเคราะห์ทั้ง 22 ตัวอย่าง เปรียบเทียบกับนิวคลีโอไทด์จากประเทศอื่นที่มีอยู่ในธนาคารรหัสพันธุกรรม, สัญลักษณ์ ■ แสดง ตัวอย่างที่วิเคราะห์ในการศึกษานี้, แถบสีเหลืองแสดง prototype strain

VP6

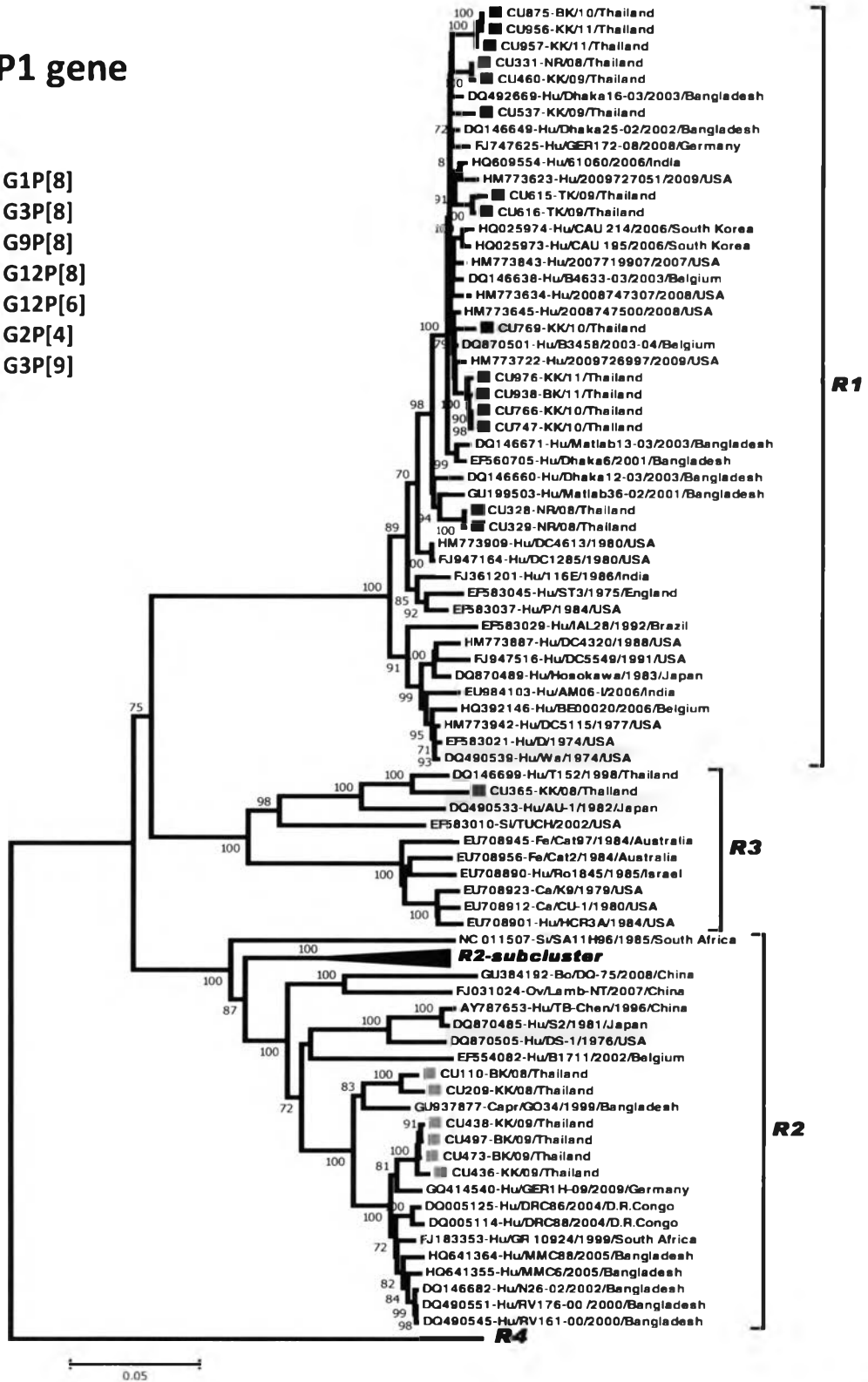
ตัวอย่างที่มี VP4 จีโนไทป์เป็น P[8] และ P[6] จากผลการจำแนกจีโนไทป์ในส่วนของยีน VP6 ด้วยการทำ phylogenetic analysis จากรูปที่ 22 พบว่า จำแนกอยู่ในจีโนไทป์ I1 โดยตัวอย่าง CU615-TK/09, CU616-TK/09 (G12P[8]-genotype) และ CU331-NR/08 (G12P[6]-genotype) มีการจำแนกอยู่ใกล้กับไวรัสโรตาในคนหลายสายพันธุ์ที่พบในประเทศอินเดีย บังคลาเทศ และอีก 1 สายพันธุ์จากเยอรมันนี และเมื่อเปรียบเทียบ % nucleotide และ amino acid similarity พบว่ามีค่าเท่ากับ 98.5-99.7% และ 98.6-100% ตามลำดับ ส่วนตัวอย่าง CU766-KK/10, CU747-KK/10, CU976-KK/11, CU938-BK/11 (G3P[8]-genotype), CU769-KK/10 (G1P[8]-genotype) และ CU460-KK/09 (G12P[8]-genotype) พบว่า จำแนกอยู่ใกล้กับไวรัสโรตาในคนสายพันธุ์ที่พบในประเทศสหรัฐอเมริกา และเวียดนาม เมื่อเปรียบเทียบ % nucleotide และ amino acid similarity พบว่ามีค่าเท่ากับ 98.6-99.4% และ 97.0-99.5% ตามลำดับ และอีก 3 ตัวอย่าง ได้แก่ CU537-KK/09 (G1P[8]-genotype), CU328-NR/08 และ CU329-NR/08 (G9P[8]-genotype) พบว่ามีความใกล้เคียงกับไวรัสโรตาในคนสายพันธุ์ที่พบในประเทศสหรัฐอเมริกา บังคลาเทศ และสาธารณรัฐประชาชนจีน โดยมีค่า % nucleotide และ amino acid similarity เมื่อเทียบกับสายพันธุ์จากประเทศดังกล่าว เท่ากับ 98.6-99.7% และ 97.5-99.7% ตามลำดับ และอีก 3 ตัวอย่างที่จำแนกอยู่ในจีโนไทป์ I1 ได้แก่ CU875-BK/10, CU956-KK/11 และ CU957-KK/11 (G1P[8]-genotype) พบว่ามีความใกล้เคียงไวรัสโรตาในคนสายพันธุ์ 2007719907 ที่พบในประเทศสหรัฐอเมริกา โดยมีค่า % nucleotide และ amino acid similarity เท่ากับ 99.7 % และ 99.5% ตามลำดับ

ส่วนตัวอย่าง CU365-KK/08 ที่มีสายพันธุ์เป็น G3P[9] จากผลการจำแนกจีโนไทป์ในส่วนของยีน VP6 พบว่าจำแนกอยู่ในจีโนไทป์ I3 ซึ่งมีความเหมือนกับไวรัสโรตาในคนสายพันธุ์ CMH134 และ CMH120 ที่พบในประเทศไทย ในปี พ.ศ.2546 โดยมีค่า % nucleotide และ amino acid similarity เท่ากับ 98.8-98.9% และ 98.6-98.9% ตามลำดับ และจำแนกอยู่ใกล้กับสายพันธุ์ AU-1 prototype และไวรัสโรตาสายพันธุ์ที่พบในแมว และสุนัขด้วย

ตัวอย่างที่มีสายพันธุ์เป็น G2P[4] ได้แก่ CU110-BK/08, CU438-KK/09, CU497-BK/09, CU436-KK/09, CU473-BK/09 และ CU209-KK/08 จากผลการจำแนกจีโนไทป์ในส่วนของยีน VP6 พบว่าจำแนกอยู่ในจีโนไทป์ 12 และทั้ง 6 ตัวอย่าง มีความใกล้เคียงกับไวรัสโรตาในคนสายพันธุ์ที่พบในประเทศบังคลาเทศ โดยเมื่อเปรียบเทียบค่า % nucleotide และ amino acid similarity พบว่ามีค่ามากกว่า 98 %

VP1 gene

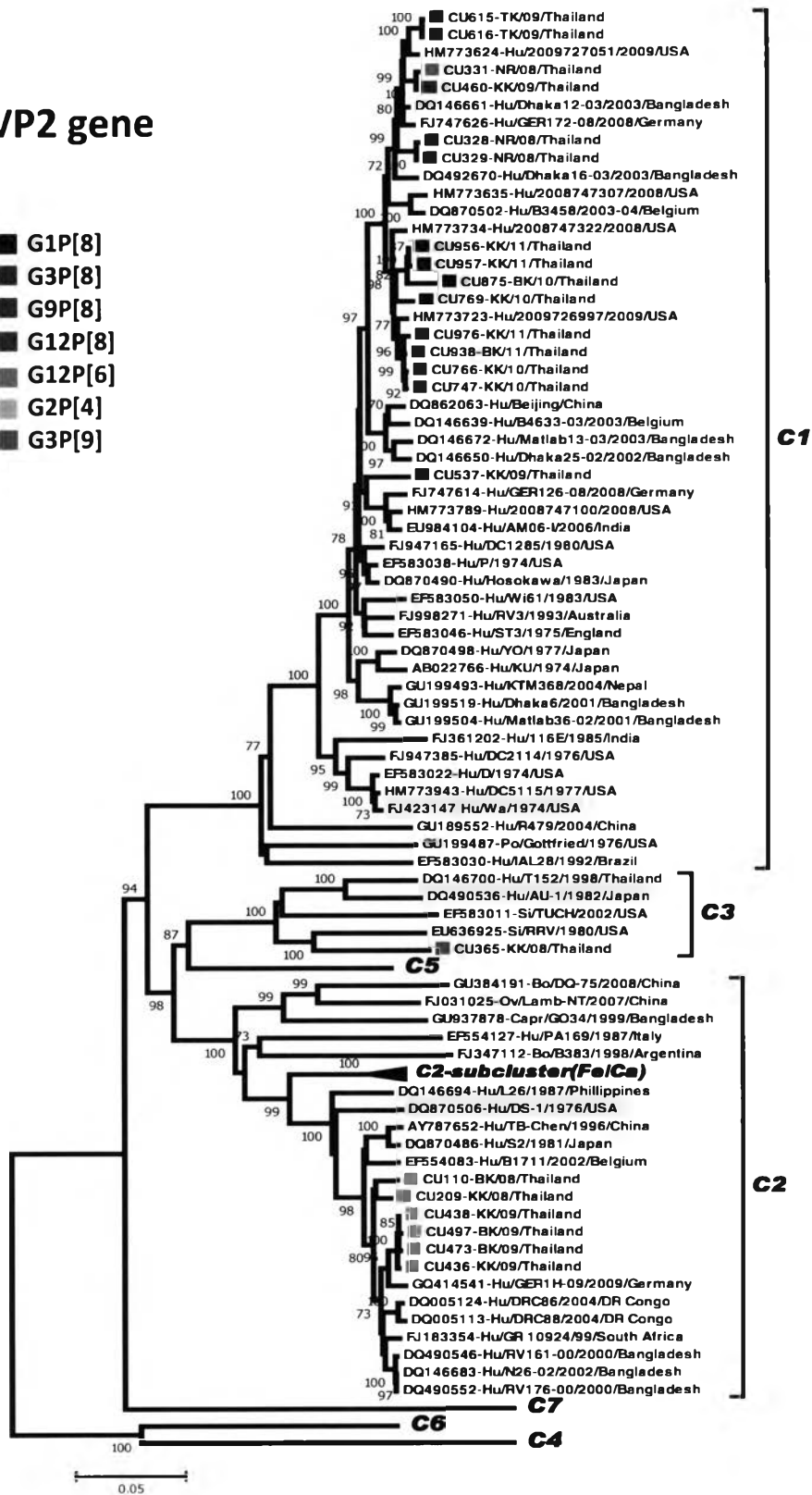
- G1P[8]
- G3P[8]
- G9P[8]
- G12P[8]
- G12P[6]
- G2P[4]
- G3P[9]



รูปที่ 23 Phylogenetic tree แสดงผลการจำแนกจีโนไทป์ในส่วนยีน VP1 ของตัวอย่างที่วิเคราะห์ทั้งหมด 22 ตัวอย่าง เปรียบเทียบกับนิวคลีโอไทด์จากประเทศอื่นๆที่มีอยู่ในธนาคารรหัสพันธุกรรม, สัญลักษณ์ ■ แสดงตัวอย่างที่วิเคราะห์ในการศึกษานี้, แถบสีเหลือง แสดงprototype strain

VP2 gene

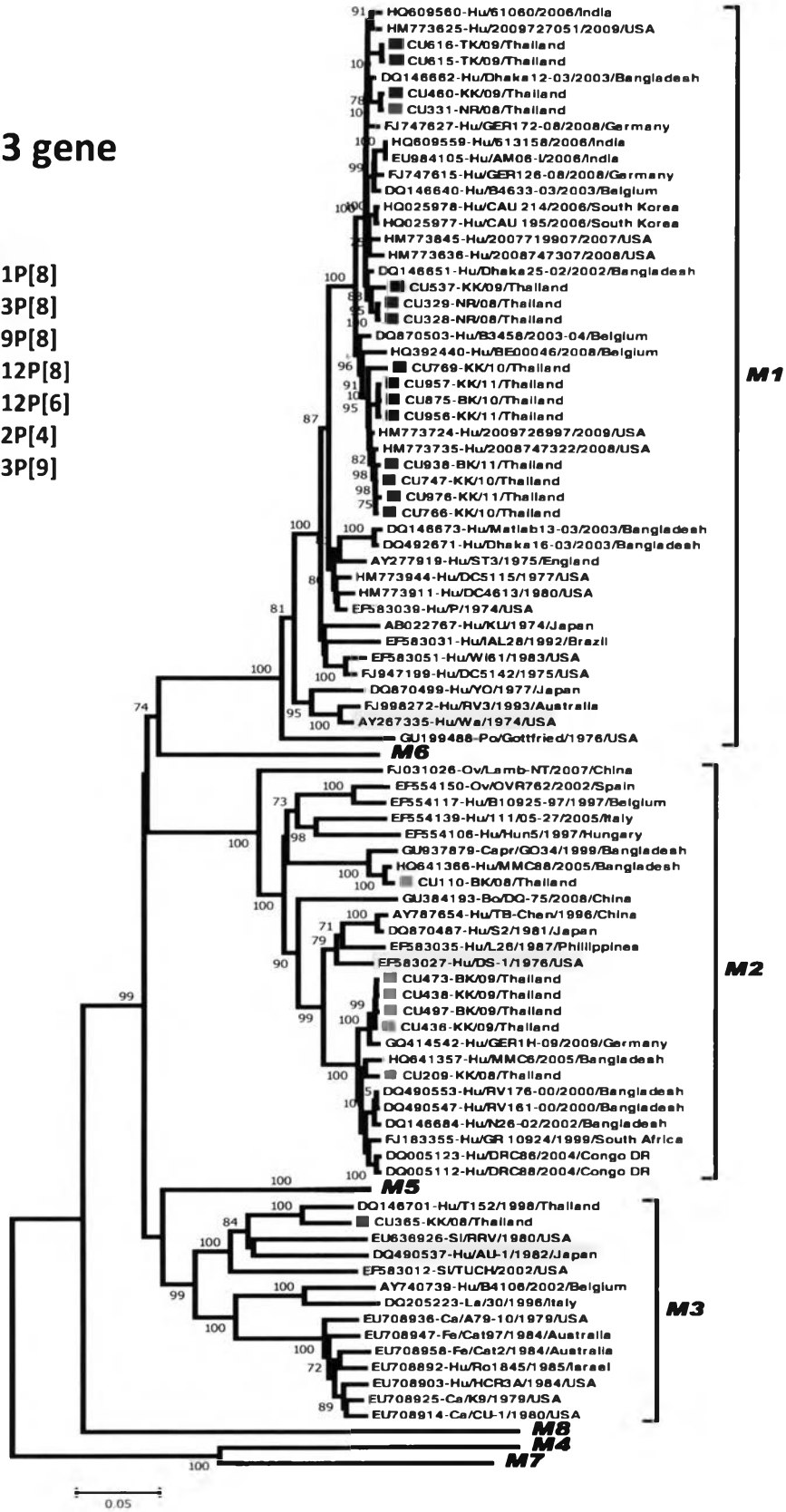
- G1P[8]
- G3P[8]
- G9P[8]
- G12P[8]
- G12P[6]
- G2P[4]
- G3P[9]



รูปที่ 24 Phylogenetic tree แสดงผลการจำแนกจีโนไทป์ในส่วนยีน VP2 ของตัวอย่างที่วิเคราะห์ ทั้ง 22 ตัวอย่าง เปรียบเทียบกับนิวคลีโอไทด์จากประเทศอื่น ๆ ที่มีอยู่ในธนาคารรหัสพันธุกรรม, สัญลักษณ์ ■ แสดง ตัวอย่างที่วิเคราะห์ในการศึกษานี้, แถบสีเหลี่ยมแสดง prototype strain

VP3 gene

- G1P[8]
- G3P[8]
- G9P[8]
- G12P[8]
- G12P[6]
- G2P[4]
- G3P[9]



รูปที่ 25 Phylogenetic tree แสดงผลการจำแนกจีโนไทป์ในส่วนยีน VP3 ของตัวอย่างที่วิเคราะห์ ทั้ง 22 ตัวอย่าง เปรียบเทียบกับนิวคลีโอไทด์จากประเทศอื่นที่มีอยู่ในธนาคารรหัสพันธุกรรม, สัญลักษณ์ ■ แสดง ตัวอย่างที่วิเคราะห์ในการศึกษานี้, แถบสีเหลือง แสดง prototype strain

ยีน VP1, VP2 และ VP3

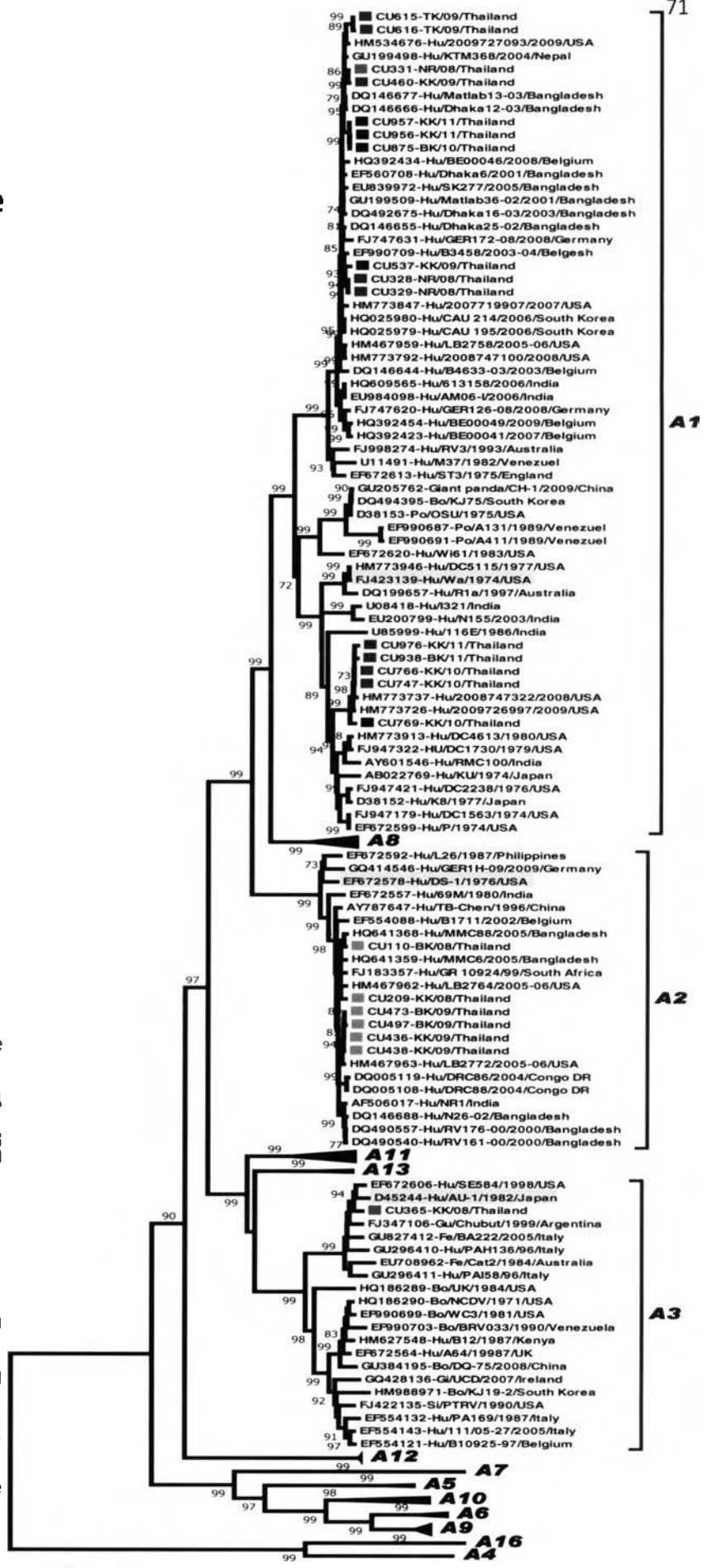
ตัวอย่างที่มี VP4 จีโนไทป์เป็น P[8] และ P[6] รวม 15 ตัวอย่าง จากผลการจำแนกจีโนไทป์ใน ส่วนของยีน VP1, VP2, และ VP3 จากรูปที่ 23-25 พบว่าจำแนกอยู่ในจีโนไทป์ R1, C1 และ M1 ตามลำดับ และ ทั้ง 15 ตัวอย่าง มีการจำแนกใกล้เคียงกับไวรัสโรตาในคนสายพันธุ์ที่พบในประเทศ: บังคลาเทศ อินเดีย สหรัฐอเมริกา เบลเยียม และเยอรมันนี ซึ่งเมื่อเปรียบเทียบค่า % nucleotide และ amino acid similarity พบว่ามีค่ามากกว่า 96%

ตัวอย่างที่มีสายพันธุ์เป็น G2P[4] ทั้ง 6 ตัวอย่าง พบว่าจำแนกจีโนไทป์ในส่วนของยีน VP1, VP2, และ VP3 เป็น R2, C2 และ M2 ตามลำดับ โดยตัวอย่าง CU436-KK/09, CU438-KK/09, CU473-BK/09 และ CU497-BK/09 มีความใกล้เคียงกับไวรัสโรตาในคนสายพันธุ์ GER1H-09 ที่พบใน ประเทศเยอรมันนี โดยมีค่า % nucleotide และ amino acid similarity เมื่อเทียบกับสายพันธุ์ดังกล่าว มากกว่า 96% ส่วนอีก 2 ตัวอย่าง ได้แก่ CU110-BK/08 และ CU209-KK/08 พบว่าในส่วนของยีน VP1 มีการจำแนกใกล้เคียงกับไวรัสโรตาสายพันธุ์ GO34 ซึ่งเป็นสายพันธุ์ที่พบในแพะจากประเทศ บังคลาเทศ โดยมีค่า % nucleotide และ amino acid similarity เมื่อเทียบกับสายพันธุ์ดังกล่าวเท่ากับ 96.0-96.2% และ 92.8-93.2% ตามลำดับ และในส่วนของยีน VP3 พบว่าตัวอย่าง CU110-BK/08 มีความใกล้เคียงกับไวรัสโรตาในคนสายพันธุ์ MMC88 และไวรัสโรตาที่พบในแพะสายพันธุ์ GO34 จาก ประเทศบังคลาเทศ โดยมีค่า % nucleotide และ amino acid similarity มากกว่า 97.3% นอกจากนี้ ทั้ง 6 ตัวอย่างที่จำแนกอยู่ในจีโนไทป์ R2, C2 และ M2 ในส่วนของยีน VP1, VP2, และ VP3 ตามลำดับ พบว่าจำแนกอยู่ในกลุ่มเดียวกับไวรัสโรตาในคนหลายๆ สายพันธุ์ที่พบในประเทศ บังคลาเทศ และสายพันธุ์ DRC86 และ DRC88 ที่พบในสาธารณรัฐประชาธิปไตยคองโกด้วย

ตัวอย่างที่มีสายพันธุ์เป็น G3P[9] 1 ตัวอย่าง ได้แก่ CU365-KK/08 พบว่า พบว่าจำแนก จีโนไทป์ในส่วนของยีน VP1, VP2, และ VP3 เป็น R3, C3 และ M3 ตามลำดับ ซึ่งในทั้ง 3 ยีน พบว่า ตัวอย่าง CU365-KK/08 มีความเหมือนกับสายพันธุ์ T152 จากประเทศไทย และสายพันธุ์ AU-1 prototype จากประเทศญี่ปุ่น โดยมีค่า % nucleotide และ amino acid similarity เมื่อเทียบกับ สายพันธุ์ดังกล่าวมากกว่า 93.7% และยังจำแนกอยู่ในกลุ่มเดียวกับไวรัสโรตาสายพันธุ์ที่พบใน ลิง แมว และสุนัขด้วย

NSP1 gene

- G1P[8]
- G3P[8]
- G9P[8]
- G12P[8]
- G12P[6]
- G2P[4]
- G3P[9]

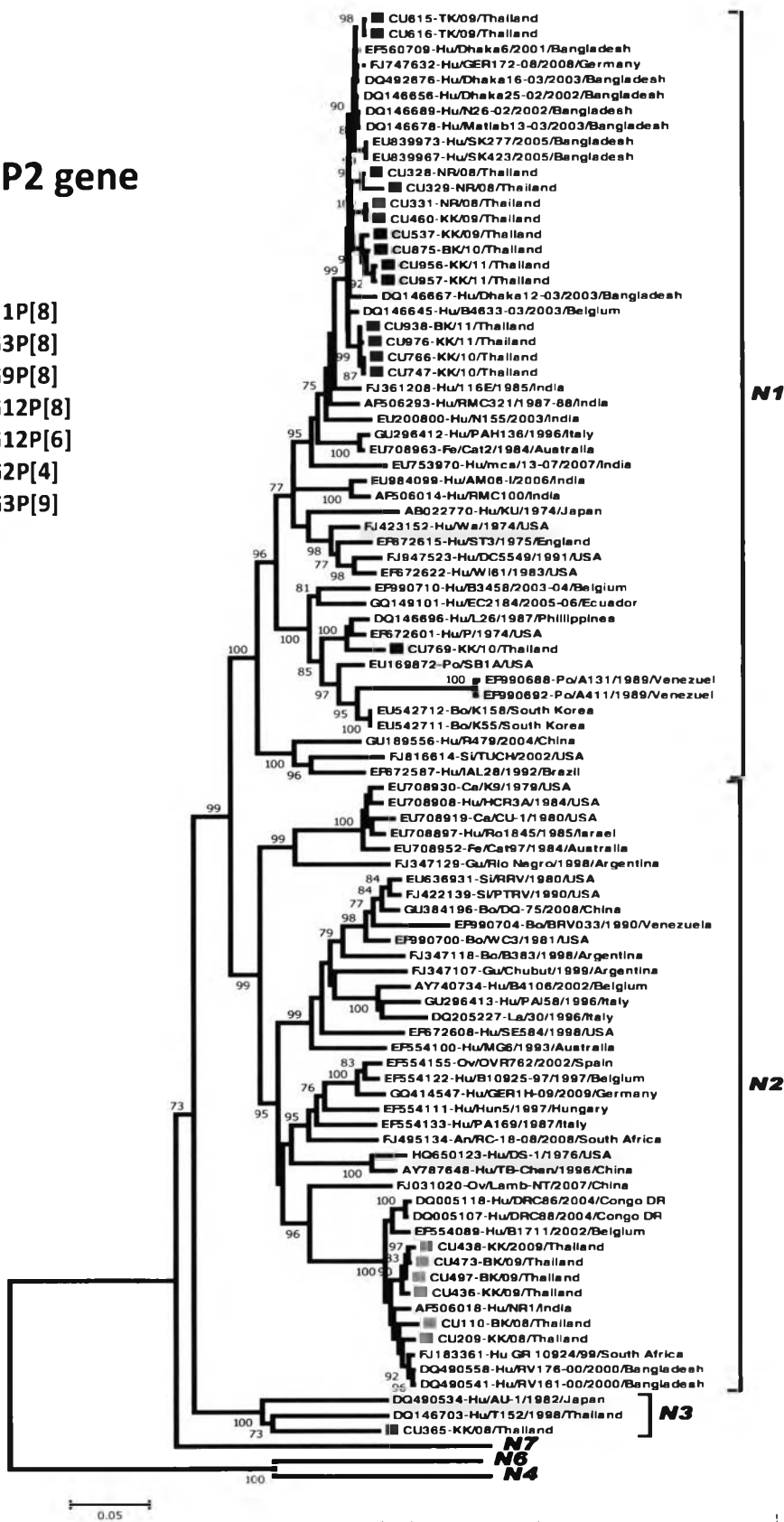


รูปที่ 26 Phylogenetic tree แสดงผลการจำแนกจีโนไทป์ในส่วนยีน NSP1 ของตัวอย่างที่วิเคราะห์ทั้ง 22 ตัวอย่างเปรียบเทียบกับนิวคลีโอไทด์จากประเทศอื่นที่มีอยู่ในธนาคารรหัสพันธุกรรม, สัญลักษณ์ ■ แสดงตัวอย่างที่วิเคราะห์ในการศึกษานี้, แถบสีเหลืองแสดง prototype strain

0.1

NSP2 gene

- G1P[8]
- G3P[8]
- G9P[8]
- G12P[8]
- G12P[6]
- G2P[4]
- G3P[9]



รูปที่ 27 Phylogenetic tree แสดงผลการจำแนกจีโนไทป์ในส่วนยีน NSP2 ของตัวอย่างที่วิเคราะห์ ทั้ง 22 ตัวอย่าง เปรียบเทียบกับนิวคลีโอไทด์จากประเทศอื่นๆที่มีอยู่ในธนาคารรหัสพันธุกรรม, สัญลักษณ์ ■ แสดง ตัวอย่างที่วิเคราะห์ในการศึกษานี้, แถบสีเหลือง แสดง prototype strain

ยีน NSP1 และ NSP2

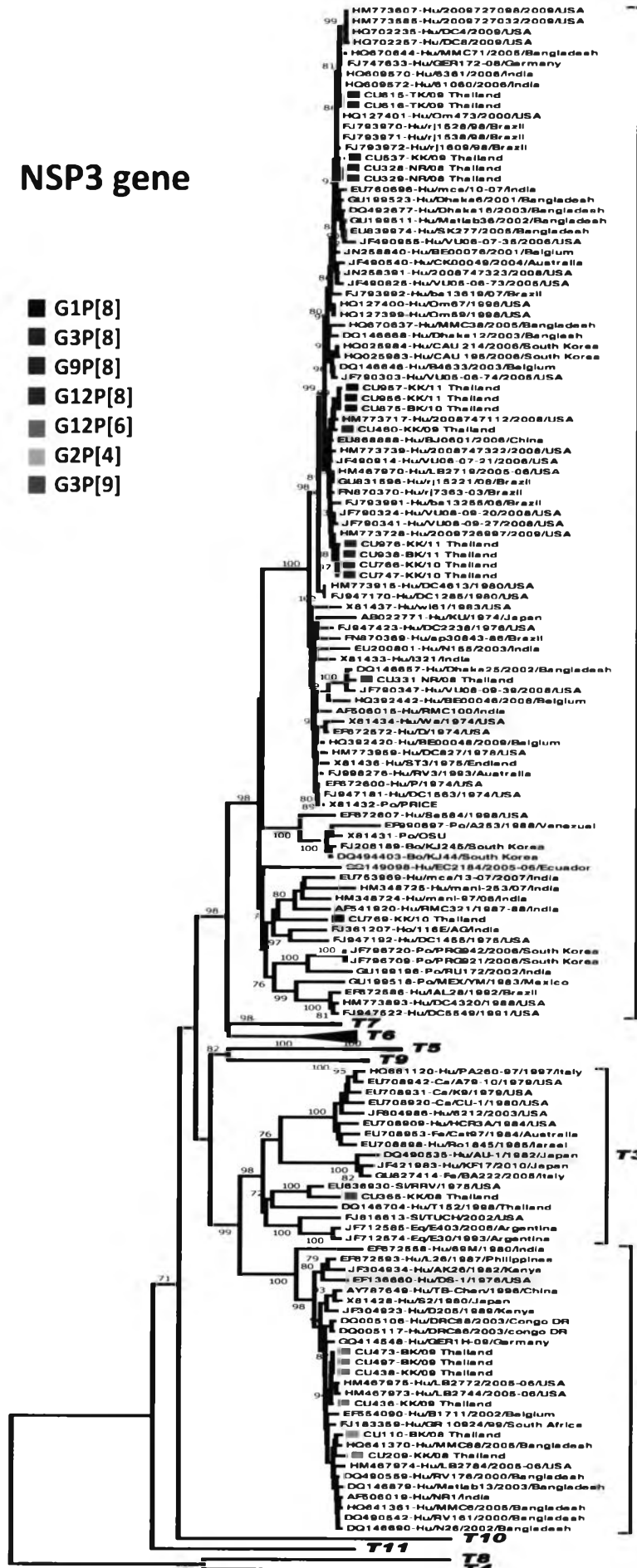
ตัวอย่างที่มี VP4 จีโนมเป็น P[8] และ P[6] รวม 15 ตัวอย่าง จากผลการจำแนกจีโนมในส่วนของยีน NSP1 และ NSP2 จากรูปที่ 26-27 พบว่าจำแนกอยู่ในจีโนม A1 และ N1 ตามลำดับ และทั้ง 15 ตัวอย่าง มีการจำแนกใกล้กับไวรัสโรตาในคนสายพันธุ์ที่พบในประเทศบังคลาเทศ อินเดีย สหรัฐอเมริกา เบลเยียม และเยอรมันนี เมื่อเปรียบเทียบค่า % nucleotide และ amino acid similarity ของตัวอย่างกับสายพันธุ์จากประเทศดังกล่าว พบว่ามีค่ามากกว่า 96%

ตัวอย่างที่มี VP7 และ VP4 จีโนมเป็น G2P[4] ทั้ง 6 ตัวอย่าง พบว่าจำแนกจีโนมในส่วนของยีน NSP1 และ NSP2 เป็น A2 และ N2 ตามลำดับ และมีการจำแนกใกล้กับไวรัสโรตาในคนสายพันธุ์ที่พบในประเทศบังคลาเทศ (MMC88, MMC6, N26-02, RV176-00 และ RV161-00) อัฟริกาใต้ (GR 10924/99) สาธารณรัฐประชาธิปไตยคองโก (DRC86 และ DRC88) และอินเดีย (NR1) ซึ่งเมื่อเปรียบเทียบค่า % nucleotide และ amino acid similarity ของตัวอย่างที่ศึกษากับสายพันธุ์จากประเทศดังกล่าวพบว่ามีค่ามากกว่า 95%

ตัวอย่างที่มีสายพันธุ์เป็น G3P[9] 1 ตัวอย่าง ได้แก่ CU365-KK/08 พบว่าจำแนกจีโนมในส่วนของยีน NSP1 และ NSP2 เป็น A3 และ N3 ตามลำดับ ในส่วนของยีน NSP1 พบว่า ตัวอย่างที่ศึกษามีการจำแนกใกล้กับไวรัสโรตาในคนสายพันธุ์ SE584, AU-1, PAH136 และไวรัสโรตาในสัตว์สายพันธุ์ Chubut ที่พบในละมั่ง และ BA222 ที่พบในแมว โดยเมื่อเปรียบเทียบค่า % nucleotide และ amino acid similarity ของตัวอย่างกับสายพันธุ์ดังกล่าวพบว่ามีค่าเท่ากับ 93.7-96.5% และ 89.5-93.7% ตามลำดับ ในส่วนของยีน NSP2 พบว่าตัวอย่าง CU365-KK/08 มีความใกล้กันกับสายพันธุ์ T152 ที่พบในประเทศไทย และ AU-1 ที่พบในประเทศญี่ปุ่น ด้วย % nucleotide และ amino acid similarity เท่ากับ 86.5-87.6% และ 93.7-95.9% ตามลำดับ

NSP3 gene

- G1P[8]
- G3P[8]
- G9P[8]
- G12P[8]
- G12P[6]
- G2P[4]
- G3P[9]



0.05

รูปที่ 28 Phylogenetic tree แสดงผลการจำแนกจีโนไทป์ในส่วนยีน NSP3 ของตัวอย่างที่วิเคราะห์ทั้ง 22 ตัวอย่าง เปรียบเทียบกับนิวคลีโอไทด์จากประเทศอื่น ๆ ที่มีอยู่ในธนาคารรหัสพันธุกรรม, สัญลักษณ์ ■ แสดง ตัวอย่างที่วิเคราะห์ในการศึกษานี้, แถบสีเหลือง แสดง prototype strain

ยีน NSP3

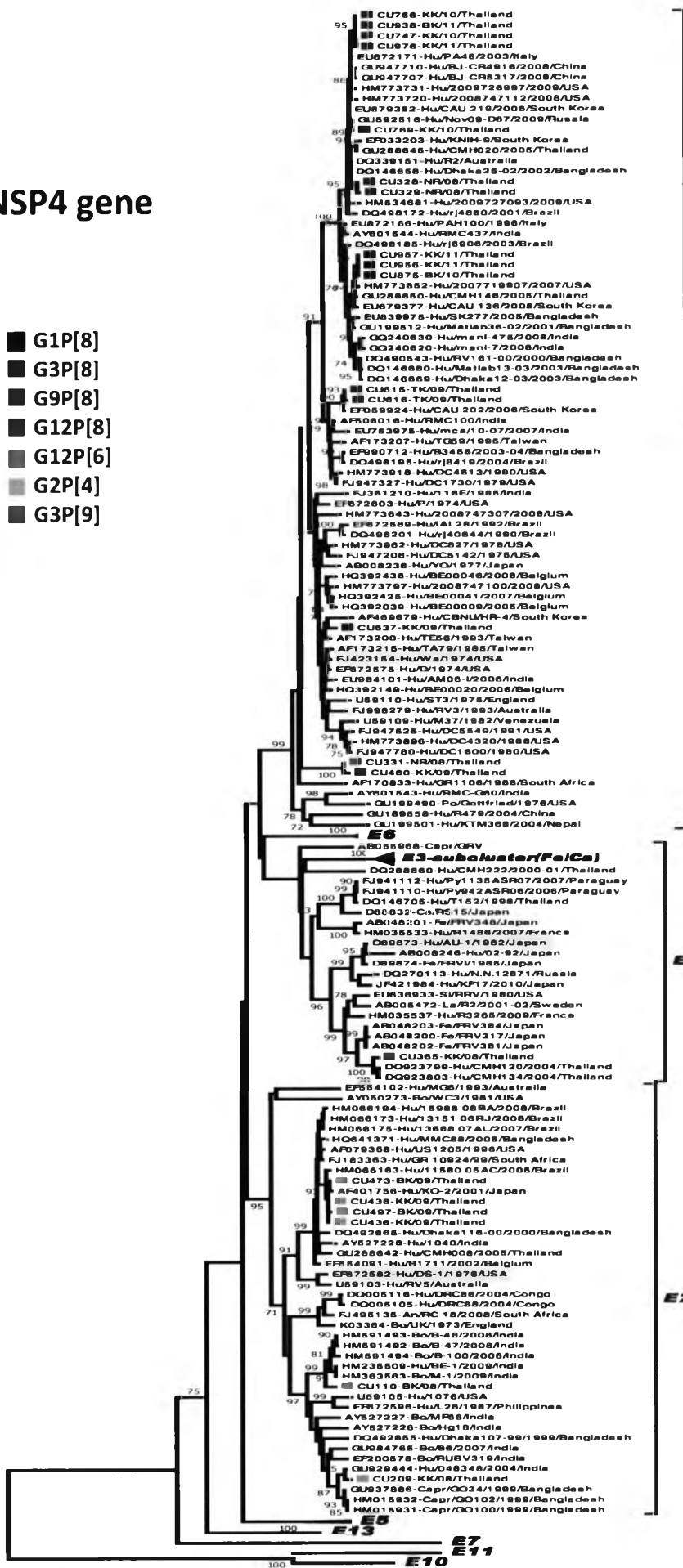
ตัวอย่างที่มี VP4 จีโนไทป์เป็น P[8] และ P[6] รวม 15 ตัวอย่าง จากผลการจำแนกจีโนไทป์ใน ส่วนของยีน NSP3 ด้วยการทำ phylogenetic analysis จากรูปที่ 28 พบว่า ทั้งหมดจำแนกอยู่ใน จีโนไทป์ T1 และมีความใกล้เคียงกับไวรัสโรตาในคนสายพันธุ์ที่พบในประเทศอินเดีย บังคลาเทศ บราซิล และ สหรัฐอเมริกา

ตัวอย่างที่สายพันธุ์เป็น G2P[4] ทั้ง 6 ตัวอย่าง พบว่าจำแนกจีโนไทป์ในส่วนของยีน NSP3 เป็น T2 โดยพบว่าตัวอย่าง CU473-BK/09, CU497-BK/09, CU438-KK/09 และ CU436-KK/09 มีความใกล้เคียงกับไวรัสโรตาในคนสายพันธุ์ที่พบในประเทศสหรัฐอเมริกา, บังคลาเทศ, สาธารณรัฐ ประชาธิปไตยคองโก โดยมีค่า % nucleotide และ amino acid similarity เมื่อเทียบตัวอย่างที่ศึกษากับสายพันธุ์จากประเทศดังกล่าวพบว่ามีค่ามากกว่า 98.3%

ตัวอย่างที่มีสายพันธุ์ G3P[9] 1 ตัวอย่าง ได้แก่ CU365-KK/08 พบว่าจำแนกจีโนไทป์ในส่วน ของยีน NSP3 เป็น T3 และพบว่ามี ความคล้ายกับสายพันธุ์ RRV ที่พบในลิง โดยมีค่า % nucleotide และ amino acid similarity เมื่อเทียบกับสายพันธุ์ดังกล่าว เท่ากับ 96.2% และ 95.0% ตามลำดับ

NSP4 gene

- G1P[8]
- G3P[8]
- G9P[8]
- G12P[8]
- G12P[6]
- G2P[4]
- G3P[9]



0.1

รูปที่ 29 Phylogenetic tree แสดงผลการจำแนกจีโนไทป์ในส่วนยีน NSP4 ของตัวอย่างที่วิเคราะห์ ทั้ง 22 ตัวอย่าง เปรียบเทียบกับนิวคลีโอไทด์จากประเทศอื่นๆ ที่มีอยู่ในธนาคารรหัสพันธุกรรม, สัญลักษณ์ ■ แสดง ตัวอย่างที่วิเคราะห์ในการศึกษานี้, แถบสีเหลือง แสดง prototype strain

ยีน NSP4

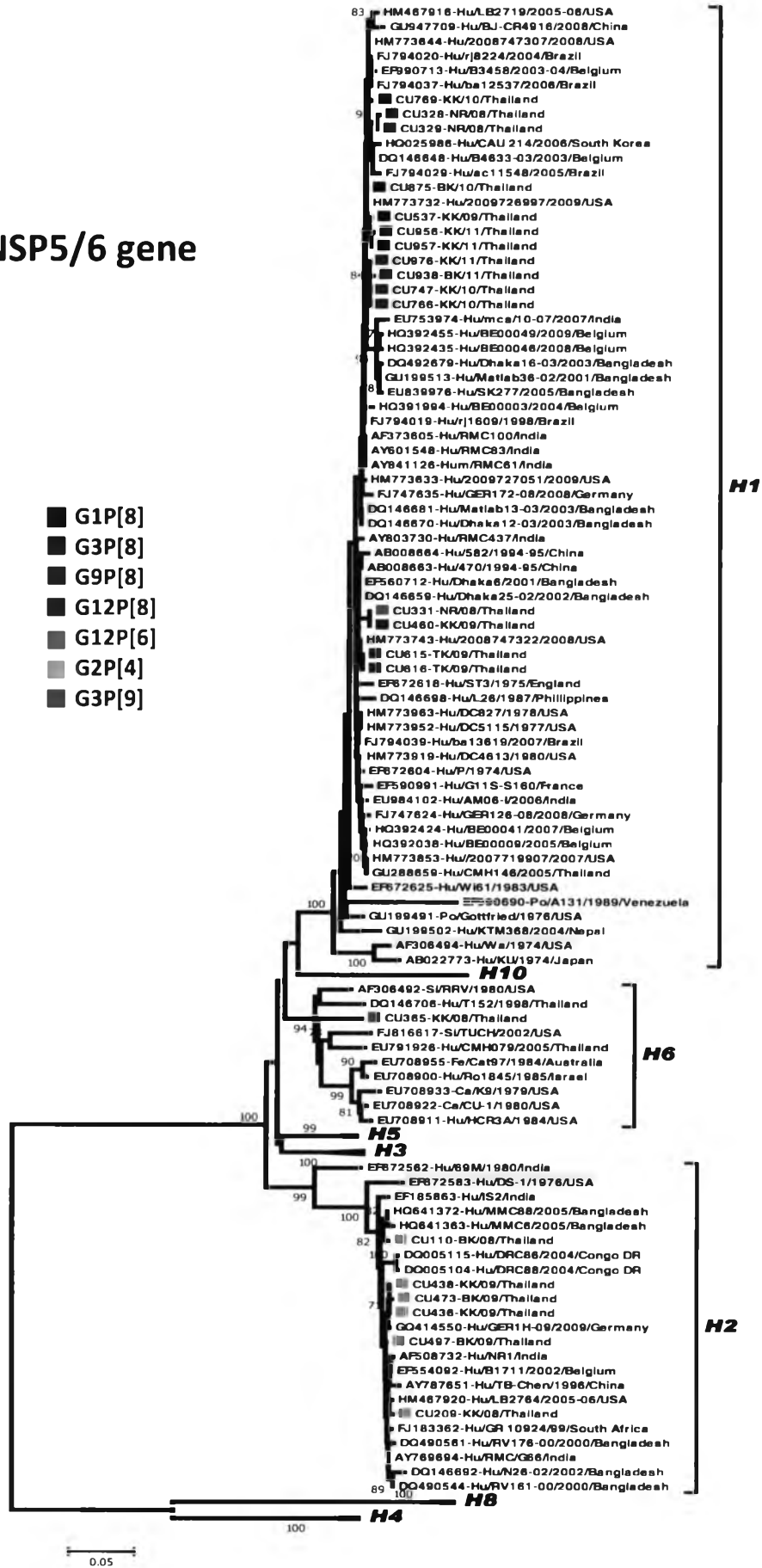
ตัวอย่างที่มี VP4 จีโนไทป์เป็น P[8] และ P[6] รวม 15 ตัวอย่าง จากผลการจำแนกจีโนไทป์ใน ส่วนของยีน NSP4 ด้วยการทำ phylogenetic analysis จากรูปที่ 29 พบว่า ทั้งหมดจำแนกอยู่ใน จีโนไทป์ E1 โดยตัวอย่าง CU766-KK/10, CU938-BK/10, CU747-KK/10 และ CU976-KK/11 ซึ่งมี สายพันธุ์เป็น G3P[8] พบว่ามีความใกล้เคียงกับไวรัสโรตาในคนสายพันธุ์ PA46 จากประเทศอิตาลี และ CAU219 จากประเทศเกาหลีใต้ โดยมีค่า % nucleotide และ amino acid similarity เท่ากับ 99.2% และ 97.5% ตามลำดับ ส่วนตัวอย่างที่มีสายพันธุ์เป็น G1P[8] 5 ตัวอย่าง พบว่าตัวอย่าง CU769-KK/20 มีความเหมือนกับไวรัสโรตาในคนสายพันธุ์ Nov09-D67 จากประเทศรัสเซีย ด้วยค่า % nucleotide และ amino acid similarity ถึง 100% และยังใกล้เคียงกับสายพันธุ์ CAU219 ที่พบใน ประเทศเกาหลีใต้ด้วย ซึ่งมีค่า % nucleotide และ amino acid similarity เท่ากับ 99.6% และ 99.2% ตามลำดับ ส่วนตัวอย่าง CU957-KK/11, CU956-KK/11 และ CU875-BK/10 พบว่ามีความคล้ายกับ สายพันธุ์ CMH146 ที่พบในประเทศไทย โดยมีค่า % nucleotide และ amino acid similarity เมื่อ เปรียบเทียบกับตัวอย่างดังกล่าวเท่ากับ 99.4% และ 100% ตามลำดับ และอีก 1 ตัวอย่างที่มีสายพันธุ์ เป็น G1P[8] คือ CU537-KK/09 เมื่อเปรียบเทียบค่า % nucleotide และ amino acid similarity พบว่ามีความใกล้เคียงกับไวรัสโรตาในคนสายพันธุ์ D จากประเทศสหรัฐอเมริกา ซึ่งมีค่าเท่ากับ 97.3% และ 90.8 ตามลำดับ ส่วนตัวอย่างที่มีสายพันธุ์เป็น G9P[8] 2 ตัวอย่าง ได้แก่ CU328-NR/08 และ CU329-NR/09 เมื่อเปรียบเทียบค่า % nucleotide และ amino acid similarity พบว่า ใกล้เคียงกับไวรัสโรตาในคนสายพันธุ์ Dhaka25-02 จากประเทศบังคลาเทศ และ R2 จากประเทศ ออสเตรเลีย ซึ่งมีค่าเท่ากับ 99.0-99.2% และ 97.5-98.3% ตามลำดับ ส่วนตัวอย่างที่มีสายพันธุ์ G12P[8] 3 ตัวอย่าง พบว่า CU615-TK/09 และ CU616-TK/09 มีความใกล้เคียงกับสายพันธุ์ CAU 202 ที่พบในประเทศเกาหลีใต้ โดยมีค่า % nucleotide และ amino acid similarity 99.4-99.6% และ 99.2% ตามลำดับ ส่วนอีก 1 ตัวอย่างที่มีสายพันธุ์ G12P[8] คือ CU460-KK/09 พบว่าจำแนกใกล้กับ ตัวอย่าง CU331-NR/08 ที่มีสายพันธุ์เป็น G12P[6] ซึ่งทั้งสองตัวอย่างมีค่า % nucleotide และ amino acid similarity ใกล้เคียงกับ 2008747100 ที่พบในประเทศสหรัฐอเมริกา

ตัวอย่างที่มี VP7 และ VP4 จีโนไทป์เป็น G2P[4] ทั้ง 6 ตัวอย่าง พบว่าจำแนกจีโนไทป์ในส่วนของยีน NSP4 เป็น E2 โดยพบว่าตัวอย่าง CU473-BK/09, CU497-BK/09, CU438-KK/09 และ CU436-KK/09 มีค่า % nucleotide และ amino acid similarity ใกล้เคียงกับไวรัสโรตาในคนสายพันธุ์ KO-2 จากประเทศญี่ปุ่น ซึ่งมีค่าเท่ากับ 99.4-99.8% และ 100 % ตามลำดับ ส่วนตัวอย่าง CU110-BK/08 พบว่ามีการจำแนกใกล้เคียงกับไวรัสโรตาในคนสายพันธุ์ BE-1 และในวัวสายพันธุ์ M-1, B-48, B-47 และ B-100 จากประเทศอินเดีย ซึ่งเมื่อเปรียบเทียบค่า % nucleotide และ amino acid similarity พบว่ามีค่าเท่ากับ 97.5-98.1% และ 93.2-94.0% ตามลำดับ และตัวอย่าง CU209-KK/08 พบว่ามีความใกล้เคียงกับไวรัสโรตาในคนสายพันธุ์ 048348 จากประเทศอินเดีย ด้วยค่า %nucleotide และ amino acid similarity เท่ากับ 99.2% นอกจากนี้ตัวอย่าง CU209-KK/08 ยังจำแนกอยู่ใกล้กับสายพันธุ์ไวรัสโรตาที่พบในแพะอีก 3 สายพันธุ์ได้แก่ GO34, GO102 และ GO100 จากประเทศบังคลาเทศ โดยมีค่า %nucleotide และ amino acid similarity เมื่อเทียบกับสายพันธุ์ดังกล่าวเท่ากับ 97.7% และ 96.6-95.9 % ตามลำดับ

ตัวอย่างที่มีสายพันธุ์เป็น G3P[9] 1 ตัวอย่าง ได้แก่ CU365-KK/08 พบว่าจำแนกจีโนไทป์ในส่วนของยีน NSP4 เป็น E3 โดยมีความใกล้เคียงกันกับไวรัสโรตาในคนสายพันธุ์ CMH120 และ CMH134 จากประเทศไทย ด้วยค่า %nucleotide และ amino acid similarity 98.9% และ 95.8% ตามลำดับ นอกจากนี้ยังจำแนกอยู่ใกล้กับสายพันธุ์ไวรัสโรตาที่พบในแมวอีก 3 สายพันธุ์ ได้แก่ FRV384, FRV317 และ FRV381 จากประเทศญี่ปุ่นด้วย โดยมี %nucleotide และ amino acid similarity เมื่อเปรียบเทียบกับตัวอย่าง CU365-KK/08 เท่ากับ 96.5-96.7% และ 90.8% ตามลำดับ

NSP5/6 gene

- G1P[8]
- G3P[8]
- G9P[8]
- G12P[8]
- G12P[6]
- G2P[4]
- G3P[9]



รูปที่ 30 Phylogenetic tree แสดงผลการจำแนกจีโนไทป์ในส่วนยีน NSP5 ของตัวอย่างที่วิเคราะห์ทั้ง 22 ตัวอย่าง เปรียบเทียบกับนิวคลีโอไทด์จากประเทศอื่น ๆ ที่มีอยู่ในธนาคารรหัสพันธุกรรม, สัญลักษณ์ ■ แสดง ตัวอย่างที่วิเคราะห์ในการศึกษานี้, แถบสีเหลือง แสดง prototype strain

ยีน NSP5

ตัวอย่างที่มี VP4 จีโนไทป์เป็น P[8] และ P[6] รวม 15 ตัวอย่าง จากผลการจำแนกจีโนไทป์ใน ส่วนของยีน NSP5/6 ด้วยการทำ phylogenetic analysis จากรูปที่ 30 พบว่า ทั้งหมดจำแนกอยู่ใน จีโนไทป์ H1 โดยตัวอย่างที่มี VP7 จีโนไทป์เป็น G12 4 ตัวอย่าง ได้แก่ CU33;-NR/08, CU460-KK/09, CU615-TK/09 และ CU616-TK/09 พบว่ามีการจำแนกใกล้กับสายพันธุ์ Dhaka6, Dhaka25-02 จากประเทศบังคลาเทศ และ 2008747322 จากสหรัฐอเมริกา ซึ่งเมื่อเปรียบเทียบค่า % nucleotide และ amino acid similarity พบว่ามีค่า 99.2-99.7% และ 97.3-100% ตามลำดับ ส่วนตัวอย่างที่เหลือที่จำแนกอยู่ในจีโนไทป์ H1 นี้ พบว่ามีความใกล้ชิดกับไวรัสโรตาในคนสายพันธุ์ 2009726997 และ 2008747307 ซึ่งเป็นสายพันธุ์ที่พบในประเทศสหรัฐอเมริกา โดยเมื่อเปรียบเทียบ ค่า %nucleotide และ amino acid similarity ของตัวอย่างกับสายพันธุ์ดังกล่าวพบว่ามีค่าเท่ากับ 99.3-100%

ตัวอย่างที่มีสายพันธุ์เป็น G2P[4] ทั้ง 6 ตัวอย่าง พบว่าจำแนกจีโนไทป์ในส่วนของยีน NSP4 เป็น H2 และมีความใกล้ชิดกับไวรัสโรตาในคนสายพันธุ์ที่พบในประเทศบังคลาเทศ (MMC88, MMC6, RV176-00, N26-02 และ RV161-00) อินเดีย (NR1 และ RMC) เยอรมันนี (GER1H-09) อัฟริกาใต้ (GR 10924) และเบลเยียม (B1711) โดยเมื่อเปรียบเทียบค่า % nucleotide และ amino acid similarity ของตัวอย่างที่ศึกษากับสายพันธุ์จากประเทศดังกล่าวพบว่ามีค่าเท่ากับ 98.3-100%

ตัวอย่างที่มีสายพันธุ์เป็น G3P[9] 1 ตัวอย่าง ได้แก่ CU365-KK/08 พบว่าจำแนกจีโนไทป์ใน ส่วนของยีน NSP5/6 เป็น H6 จำแนกอยู่ในกลุ่มเดียวกับไวรัสโรตาสายพันธุ์ที่เป็น canine/feline-like และ Human-like-canine/feline โดยเมื่อเปรียบเทียบค่า %nucleotide และ amino acid similarity ของตัวอย่างที่ศึกษากับสายพันธุ์ดังกล่าวพบว่ามีค่าเท่ากับ 92.1-93.8% และ 87.8-92.5% ตามลำดับ

ตารางที่ 13 สรุปผลจีโนมทั้ง 11 ยีนของตัวอย่างที่ศึกษา 22 ตัวอย่าง

Strain	Host	Prototype	Genomic constellation										
			VP7	VP4	VP6	VP1	VP2	VP3	NSP1	NSP2	NSP3	NSP4	NSP5
Wa(protoype)	Hu	Wa-like	G1	P[8]	I1	R1	C1	M1	A1	N1	T1	E1	H1
KU	Hu	Wa-like	G1	P[8]	I1	R1	C1	M1	A1	N1	T1	E1	H1
Dhaka16-03	Hu	Wa-like	G1	P[8]	I1	R1	C1	M1	A1	N1	T1	E1	H1
P	Hu	Wa-like	G3	P[8]	I1	R1	C1	M1	A1	N1	T1	E1	H1
Wi61	Hu	Wa-like	G9	P[8]	I1	R1	C1	M1	A1	N1	T1	E1	H1
B3458	Hu	Wa-like	G9	P[8]	I1	R1	C1	M1	A1	N1	T1	E1	H1
Dhaka12-03	Hu	Wa-like	G12	P[6]	I1	R1	C1	M1	A1	N1	T1	E1	H1
Matlab13-03	Hu	Wa-like	G12	P[6]	I1	R1	C1	M1	A1	N1	T2	E1	H1
B4633-03	Hu	Wa-like	G12	P[8]	I1	R1	C1	M1	A1	N1	T1	E1	H1
Dhaka25-02	Hu	Wa-like	G12	P[8]	I1	R1	C1	M1	A1	N1	T1	E1	H1
CU537-KK/09	Hu	Wa-like	G1	P[8]	I1	R1	C1	M1	A1	N1	T1	E1	H1
CU769-KK/10	Hu	Wa-like	G1	P[8]	I1	R1	C1	M1	A1	N1	T1	E1	H1
CU875-BK/10	Hu	Wa-like	G1	P[8]	I1	R1	C1	M1	A1	N1	T1	E1	H1
CU956-KK/11	Hu	Wa-like	G1	P[8]	I1	R1	C1	M1	A1	N1	T1	E1	H1
CU957-KK/11	Hu	Wa-like	G1	P[8]	I1	R1	C1	M1	A1	N1	T1	E1	H1
CU766-KK/11	Hu	Wa-like	G3	P[8]	I1	R1	C1	M1	A1	N1	T1	E1	H1
CU747-KK/10	Hu	Wa-like	G3	P[8]	I1	R1	C1	M1	A1	N1	T1	E1	H1
CU976-KK/11	Hu	Wa-like	G3	P[8]	I1	R1	C1	M1	A1	N1	T1	E1	H1
CU938-BK/11	Hu	Wa-like	G3	P[8]	I1	R1	C1	M1	A1	N1	T1	E1	H1
CU328-NR/08	Hu	Wa-like	G9	P[8]	I1	R1	C1	M1	A1	N1	T1	E1	H1
CU329-NR/08	Hu	Wa-like	G9	P[8]	I1	R1	C1	M1	A1	N1	T1	E1	H1
CU460-KK/09	Hu	Wa-like	G12	P[8]	I1	R1	C1	M1	A1	N1	T1	E1	H1
CU615-TK/09	Hu	Wa-like	G12	P[8]	I1	R1	C1	M1	A1	N1	T1	E1	H1
CU616-TK/09	Hu	Wa-like	G12	P[8]	I1	R1	C1	M1	A1	N1	T1	E1	H1
CU331-NR/08	Hu	Wa-like	G12	P[6]	I1	R1	C1	M1	A1	N1	T1	E1	H1
DS-1(protoype)	Hu	DS-1-like	G2	P[4]	I2	R2	C2	M2	A2	N2	T2	E2	H2
TB-Chen	Hu	DS-1-like	G2	P[4]	I2	R2	C2	M2	A2	N2	T2	E2	H2
CU110-BK/08	Hu	DS-1-like	G2	P[4]	I2	R2	C2	M2	A2	N2	T2	E2	H2
CU209-KK/08	Hu	DS-1-like	G2	P[4]	I2	R2	C2	M2	A2	N2	T2	E2	H2
CU436-KK/09	Hu	DS-1-like	G2	P[4]	I2	R2	C2	M2	A2	N2	T2	E2	H2
CU438-KK/09	Hu	DS-1-like	G2	P[4]	I2	R2	C2	M2	A2	N2	T2	E2	H2
CU473-BK/09	Hu	DS-1-like	G2	P[4]	I2	R2	C2	M2	A2	N2	T2	E2	H2
CU497-BK/09	Hu	DS-1-like	G2	P[4]	I2	R2	C2	M2	A2	N2	T2	E2	H2
AU-1(protoype)	Hu	AU-1-like	G3	P[9]	I3	R3	C3	M3	A3	N3	T3	E3	H3
T152	Hu	AU-1-like	G12	P[9]	I3	R3	C3	M3	A12	N3	T3	E3	H6
Cat97	Fe	AU-1-like	G3	P[3]	I3	R3	C2	M3	A9	N2	T3	E3	H6
CU-1	Ca	AU-1-like	G3	P[3]	I3	R3	C2	M3	A9	N2	T3	E3	H6
K9	Ca	AU-1-like	G3	P[3]	I3	R3	C2	M3	A9	N2	T3	E3	H6
HCR3A	Hu	AU-1-like	G3	P[3]	I3	R3	C2	M3	A9	N2	T3	E3	H6
RO1845	Hu	AU-1-like	G3	P[3]	I3	R3	C2	M3	A9	N2	T3	E3	H6
CU365-KK/08	Hu	AU-1-like	G3	P[9]	I3	R3	C3	M3	A3	N3	T3	E3	H6

กรอบสีน้ำเงิน แสดง ตัวอย่างที่ศึกษา, แถบสีเขียว แสดง Wa-like prototype, แถบสีแดง แสดง DS-1-like prototype, แถบสีฟ้าแสดง AU-1-like

prototype, Hu: Human, Fe: Feline, Ca: Canine

ตารางที่ 14 แสดงค่า % nucleotide และ amino acid similarity ของตัวอย่าง CU365-KK/08 เปรียบเทียบกับสายพันธุ์อื่นๆ ที่พบว่ามีการจำแนกอยู่ในจีนไทป์เดียวกัน

Strain	Host	Genotype																					
		VP7		VP4		VP6		VP1		VP2		VP3		NSP1		NSP2		NSP3		NSP4		NSP5/6	
		%nt	%aa	%nt	%aa	%nt	%aa	%nt	%aa	%nt	%aa	%nt	%aa	%nt	%aa	%nt	%aa	%nt	%aa	%nt	%aa	%nt	%aa
AU-1	Human	92.2	90.4	98.7	98.4	92.2	95.1	92.6	88.0	86.7	98.3	86.5	87.9	96.5	93.0	84.7	93.7	84.1	82.0	90.5	79.0	86.9	86.4
T152	Human	68.6	60.1	88.9	87.7	85.2	88.8	96.6	94.4	87.0	98.6	94.2	93.7	44.5	48.4	86.0	95.9	88.5	87.4	88.9	73.9	93.0	91.8
Ro1845	Human	75.2	65.8	55.8	59.5	87.4	91.8	83.7	75.0	78.4	96.6	81.6	84.2	14.4	22.2	74.4	87.4	84.1	81.6	81.7	62.2	92.7	89.1
HCR3A	Human	75.4	63.6	-		86.8	90.7	83.2	75.0	78.5	96.4	82.3	86.1	16.6	28.9	75.7	88.0	83.8	79.9	80.9	58.0	93.1	89.8
SE584	Human	-		96.9	95.9	-		-		-		-		96.4	93.7	75.8	86.1	72.2	69.5	-		-	
L621	Human	-		97.0	96.9	-		-		-		-		-		-		-		-		-	
CMH134	Human	-		-		98.8	98.6	-		-		-		-		-		-		98.9	95.8	-	
CMH120	Human	-		-		98.9	98.9	-		-		-		-		-		-		98.9	95.8	-	
PAI58	Human	94.5	89.0	94.7	93.4	-		-		-		-		92.4	89.2	74.3	86.1	-		-		-	
PAH136	Human	92.9	88.2	95.0	94.2	-		75.7	64.0	-		-		93.7	89.5	76.6	88.0	-		-		-	
Cat97	Feline	75.4	64.5	56.1	59.5	87.2	91.8	84.2	76.2	78.4	96.3	81.9	85.2	12.9	29.3	73.8	86.8	82.9	81.2	81.7	60.5	92.3	87.8
Cat2	Feline	94.6	88.2	94.6	93.2	91.4	94.8	83.7	75.0	78.4	96.6	81.4	84.2	92.2	85.7	76.9	88.0	-		81.5	62.2	-	
BA222	Feline	94.2	89.0	95.3	93.7	80.0	83.6	-		-		-		94.4	90.6	-		84.1	83.3	-		-	
FRV384	Feline	-		-		-		-		-		-		-		-		-		96.7	90.8	-	
FRV317	Feline	-		-		-		-		-		-		-		-		-		96.5	90.8	-	
FRV381	Feline	-		-		-		-		-		-		-		-		-		96.7	90.8	-	
CU-1	Canine	75.5	64.9	55.7	59.6	87.1	91.5	83.7	74.7	78.4	96.1	82.3	84.6	14.4	28.9	73.8	87.4	82.5	78.7	80.5	58.8	93.5	89.8
K9	Canine	73.6	64.5	55.8	59.3	87.8	91.5	83.3	74.4	78.7	96.3	82.4	85.5	15.7	29.6	74.9	87.1	83.8	79.9	80.9	58.0	92.1	88.4
MP-CIVET66	Civet	94.1	88.2	98.2	98.1	-		-		-		-		-		-		-		-		-	
RAG-DG5	Raccoon	94.4	87.3	98.1	97.1	-		-		-		-		-		-		-		-		-	
Chubut	Antelope	-		-		-		-		-		-		95.4	92.0	76.1	86.4	-		-		-	
TUCH	simian	72.2	61	55.2	59.6	79.6	82.8	86.9	78.8	85.6	98.2	85.3	87.8	-		76.7	87.7	87.7	84.5	-		92.9	91.2
RRV	simian	79.5	68.9	57.2	57.1	-		-		89.8	97.9	87.3	89.7	-		76.1	86.4	96.2	95.0	93.6	84.0	93.8	92.5

nt: nucleotide, aa: amino acid