



บทที่ 5 สรุปและวิจารณ์ผลการวิจัย

สรุปผลและวิจารณ์ผลการศึกษาคความชุก

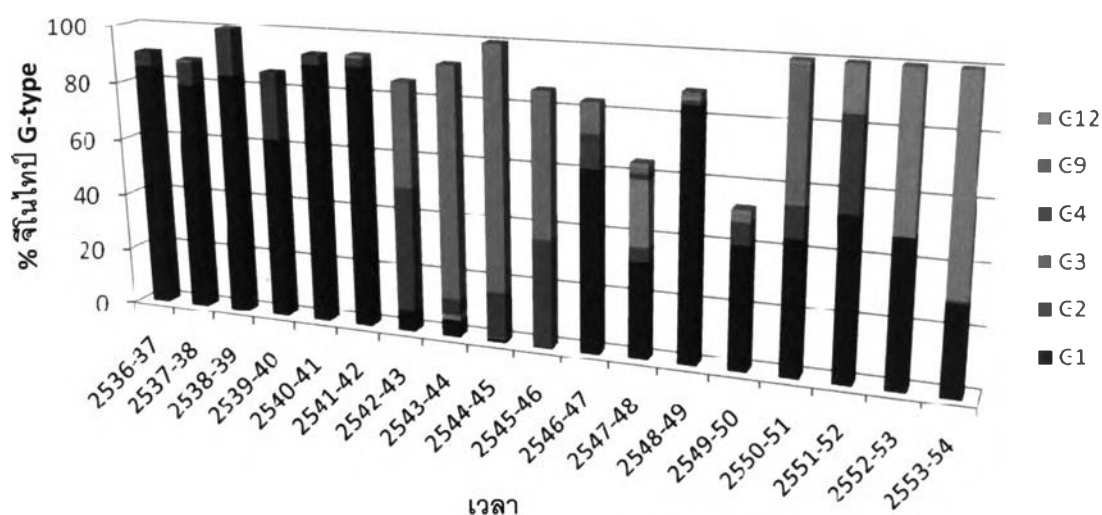
ในบรรดาเชื้อไวรัสที่ก่อให้เกิดโรคอุจจาระร่วง (gastroenteritis viruses) ได้แก่ rotavirus, enteric adenovirus, astro-virus, human caliciviruses, coronaviruses, toroviruses และ picobirnaviruses (2) เชื้อไวรัสโรตาเป็นสาเหตุสำคัญที่สุดที่ก่อให้เกิดโรคอุจจาระร่วงอย่างรุนแรงในทารกและเด็กเล็ก สำหรับในประเทศไทยพบว่ามีผู้ป่วยทารกและเด็กเล็กเข้ารักษาตัวในโรงพยาบาลด้วยอาการท้องร่วงจากไวรัสโรตานี้ประมาณ 20-61% (42) ซึ่งจากผลการศึกษาในผู้ป่วยเด็กอุจจาระร่วงที่เข้าพักรักษาตัวในโรงพยาบาลทั้งสองแห่งตั้งแต่เดือนมิถุนายน 2552 - พฤษภาคม 2554 ในการศึกษาทั้งหมด 562 ตัวอย่าง ด้วยวิธี RT-PCR พบให้ผลบวกต่อเชื้อไวรัสโรตา 250 ตัวอย่าง คิดเป็น 44.5% โดยพบในโรงพยาบาลชุมชนแพ จังหวัดขอนแก่น 46.3% และโรงพยาบาลจุฬาลงกรณ์ จังหวัดกรุงเทพมหานคร 22.0% อาจเนื่องมาจากเด็กที่อยู่ในกรุงเทพมหานครมีโอกาสได้รับวัคซีนมากกว่าเด็กที่อยู่ต่างจังหวัด เปอร์เซนต์เด็กที่ได้รับเชื้อจึงน้อยกว่าโรงพยาบาลชุมชนแพ จังหวัดขอนแก่น และจากผลการศึกษาความชุกนี้ พบว่ามีเปอร์เซนต์เด็กที่ติดเชื้อไวรัสโรตาในประเทศไทยที่สูงขึ้นจากรายงานการศึกษาอุบัติการณ์การพบเชื้อไวรัสโรตาในปี พ.ศ.2550-พฤษภาคม 2552 ซึ่งพบเพียง 28.4% (42)

อุบัติการณ์ของเชื้อไวรัสโรตาที่พบ เมื่อนำมาวิเคราะห์แยกตามเดือนที่ทำการเก็บตัวอย่างตั้งแต่เดือนมิถุนายน 2552-พฤษภาคม 2554 พบว่า สามารถแบ่งอุบัติการณ์ของเชื้อออกเป็นสองช่วงด้วยกัน คือ ช่วงแรกตั้งแต่เดือนมิถุนายน 2552-พฤษภาคม 2553 และ ช่วงที่สองตั้งแต่เดือนมิถุนายน 2553-พฤษภาคม 2554 โดยผลที่ได้พบว่าอุบัติการณ์ที่พบในการศึกษานี้มีความสอดคล้องกับรายงานการศึกษาในหลายประเทศที่พบว่า อุบัติการณ์ของโรคอุจจาระร่วงจากเชื้อไวรัสโรตาจะสัมพันธ์กับอุณหภูมิจึง คือ สามารถพบได้ตลอดทั้งปี แต่จะพบอุบัติการณ์ของเชื้อเพิ่มสูงขึ้นในช่วงที่มีอากาศหนาวเย็น ซึ่งสำหรับในประเทศไทยก็จะอยู่ในช่วงเดือนธันวาคม-มีนาคม คล้ายดังกราฟที่ได้จากงานวิจัยนี้

จากการวิเคราะห์ข้อมูลการตรวจพบเชื้อไวรัสโรตาในแต่ละช่วงอายุของผู้ป่วยที่เข้าพักรักษาตัวในโรงพยาบาลทั้งสองแห่ง พบว่า ช่วงอายุระหว่าง 6-12 เดือน (36.8%) เป็นช่วงอายุที่มีการตรวจพบ

เชื้อไวรัสโรตามากที่สุด รองลงมา คือ 13-18 เดือน (24.8%) ในขณะที่ช่วงอายุตั้งแต่ 0-5 เดือน พบการติดเชื้อเพียง 8.8% ซึ่งอาจเป็นผลมาจากเด็กในช่วงอายุนี้อาจได้รับภูมิคุ้มกันจากมารดา ทั้งจากภูมิคุ้มกันที่ได้รับตอนอยู่ในครรภ์ และภูมิคุ้มกันที่ได้รับจากการดื่มนมมารดา

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% 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 เมื่อนำผลที่ได้มาวิเคราะห์เปรียบเทียบกับการศึกษาในรอบหลายปีที่ผ่านมา พบว่าจีโนไทป์ของเชื้อไวรัสโรตาที่พบในประเทศไทยนั้นมีการเปลี่ยนแปลงตลอดเวลา โดยเฉพาะชนิด G-type โดยในปี พ.ศ.2536-2537 ถึง 2541-2542 จะพบอุบัติการณ์ของ G1 ที่สูงที่สุด แต่ต่อมาตั้งแต่ในปี 2542-2543 ไปจนถึง 2545-2546 กลับพบอุบัติการณ์ของ G1 ลดลงอย่างมาก ในขณะที่ G9 กลายเป็นจีโนไทป์ที่พบก่อโรคมากที่สุดในช่วงปีนั้น และในช่วงปี 2542-2543 และ 2545-2546 นอกจากจะพบการระบาดของ G9 แล้วยังพบ G2 ที่เพิ่มขึ้นมากด้วย แต่หลังจากนั้น ตั้งแต่ในปี 2546-2547 ไปจนถึง 2551-2552 พบอุบัติการณ์ของ G1 เพิ่มขึ้นอีกครั้ง ในขณะที่ G2 และ G9 ค่อยๆลดลง ส่วน G4 และ G3 นั้นจะพบอุบัติการณ์ขึ้นน้อยในหลายปีที่ผ่านมา ซึ่งพบได้สูงสุดเพียงในช่วงปี 2544-2545 และ 2547-2548 ตามลำดับ(42,43) แต่สำหรับในการศึกษานี้ คือในช่วงปี 2552-2553 ถึง 2553-2554 กลับพบอุบัติการณ์ของ G3 ที่สูงขึ้นมาก รองลงมา คือ G1 ในขณะที่ G2 พบเพียง 0.4% และไม่พบ G9 เลย ซึ่งสามารถสรุปได้จากรูปที่ 31



รูปที่ 31 กราฟเปรียบเทียบจีโนไทป์ชนิด G-type ที่พบในช่วงปี พ.ศ. 2536-2552 (42, 43) และผล จีโนไทป์ที่ได้จากการศึกษานี้ในช่วง 2552-2554

จากการทำ phylogenetic analysis พบว่า จีโนไทป์ G1 ที่พบในประเทศไทย มี 2 Lineage ด้วยกัน ได้แก่ Lineage I, sublineage Ic และ Lineage II, sublineage IIc โดยส่วนใหญ่ที่พบจำแนก อยู่ใน Lineage II, sublineage IIc (89.0%) ซึ่งเป็นตัวอย่างที่มาจากทั้งกรุงเทพมหานคร และขอนแก่น ในปี พ.ศ. 2553-2554 พบว่า มีความใกล้เคียงกับไวรัสโรตาในคนสายพันธุ์จากประเทศไทย, ญี่ปุ่น, คิวบา, สหรัฐอเมริกา และออสเตรเลีย ด้วยค่า % nucleotide similarity ที่มากกว่า 98.2% ซึ่งโดย ภาพรวมแล้ว ลักษณะการจำแนกตัวอย่างใน phylogenetic tree รวมทั้งค่า % amino acid similarity (98.3-100%) นั้นแสดงให้เห็นว่า ตัวอย่างที่จำแนกอยู่ใน Lineage II, sublineage IIc ส่วนใหญ่มีความ คล้ายกับไวรัสโรตาในคนสายพันธุ์ที่พบในประเทศสหรัฐอเมริกา และคิวบา ซึ่งเป็นประเทศในทวีป เดียวกัน ในขณะที่ อีกส่วนหนึ่งเพียง 11.0% จำแนกอยู่ใน Lineage I, sublineage Ic ซึ่งส่วนใหญ่เป็น สายพันธุ์ที่พบในประเทศทางแถบทวีปเอเชีย ได้แก่ ประเทศไทย ญี่ปุ่น, สาธารณรัฐประชาชนจีน, ฮองกง และไต้หวัน และเมื่อพิจารณาค่า % nucleotide และ amino acid similarity พบว่าคล้ายกับ ไวรัสโรตาในคนสายพันธุ์จากประเทศญี่ปุ่นมากที่สุด สำหรับจีโนไทป์ G2 ซึ่งพบเพียง 1 ตัวอย่าง พบว่า จำแนกอยู่ใน Lineage II, sublineage IIa และเมื่อพิจารณาค่า % nucleotide และ amino acid similarity พบว่ามีความใกล้เคียงกับไวรัสโรตาในคนที่พบในประเทศญี่ปุ่น เช่นเดียวกัน และสำหรับ จีโนไทป์ G3 ซึ่งพบอุบัติการณ์ในอัตราที่สูงมากเมื่อเปรียบเทียบกับในรอบหลายปีที่ผ่านมาของประเทศไทย ในการศึกษาพบว่ามี G3 ที่พบทั้งหมดจำแนกอยู่ใน Lineage I, sublineage Ia โดยตัวอย่าง

ทั้งหมดมีค่า % nucleotide และ amino acid similarity ใกล้เคียงกับไวรัสโรตาในคนสายพันธุ์ที่พบในประเทศจีน และเวียดนาม

P[8] เป็น P-genotype ที่พบมากที่สุดทั่วโลก รวมถึง ประเทศไทย จากการศึกษานี้พบ P[8] ถึง 99.6% และผลจาก phylogenetic analysis พบว่า P[8] ที่พบในโรงพยาบาลทั้งสองจังหวัดถูกจัดอยู่ใน Lineage III ซึ่งตัวอย่างที่พบในการศึกษานี้ทั้งหมดล้วนมีค่า % nucleotide และ amino acid similarity ที่ใกล้เคียงกับไวรัสโรตาในคนสายพันธุ์ที่พบในประเทศรัสเซียทั้งสิ้น มีเพียงสองตัวอย่างที่มีมีค่า % nucleotide และ amino acid similarity คล้ายกับสายพันธุ์ที่พบในประเทศเบลเยียมมากกว่า แต่ยังคงมีการจำแนกอยู่ใกล้กับสายพันธุ์ที่พบในประเทศรัสเซียด้วย สำหรับจีโนไทป์ P[4] ที่พบในการศึกษานี้ซึ่งพบเพียง 0.4 % จำแนกอยู่ใน Lineage V, sublineage Vb และมีค่า % nucleotide similarity และ amino acid similarity (99%) ที่ใกล้เคียงกับไวรัสโรตาในคนสายพันธุ์ที่พบในประเทศบราซิล

ผลการจัดกลุ่มโดย Phylogenetic analysis ในส่วนยีน VP7 และ VP4 จากตัวอย่างที่พบการติดเชื้อไวรัสโรตาในการศึกษานี้เปรียบเทียบกับนิวคลีโอไทด์จากประเทศอื่นๆที่มีอยู่ในธนาคารรหัสพันธุกรรม พบว่า จีโนไทป์ที่พบในการศึกษานี้ ซึ่งได้แก่ G1, G2, G3, P[4] และ P[8] นอกจากเป็นจีโนไทป์ที่สามารถพบได้บ่อย (common strain) ในทั่วโลก รวมถึงประเทศไทยด้วยแล้ว ยังมีลักษณะการจำแนกใน phylogenetic tree รวมทั้งค่า % Homology ที่ใกล้เคียงกับประเทศที่มีการระบาดของจีโนไทป์นั้นๆ อยู่ด้วย ซึ่งจากการสำรวจพบว่าจีโนไทป์ G1 และ P[8] จะมีการระบาดมากในทวีปยุโรป อเมริกา เอเชีย และออสเตรเลีย (44) ซึ่งในการศึกษานี้ก็พบว่า G1 และ P[8] นั้นมีการจำแนกใกล้กับประเทศในทวีปดังกล่าวด้วย ส่วนจีโนไทป์ G2, G3, และ P[4] พบว่ามีการระบาดมากในทวีปเอเชีย และอเมริกา โดย G3 พบว่ามีการระบาดมากในสาธารณรัฐประชาชนจีน ส่วน G2 และ P[4] พบมากในบังคลาเทศ, อินเดีย และบราซิล (44)

ส่วนที่ 2 ผลการศึกษา complete genome (11 ยีน) ของสายพันธุ์ไวรัสโรตาในประเทศไทย

ในปัจจุบันสายพันธุ์เชื้อไวรัสโรตาที่พบทั้งในคนและในสัตว์ต่างๆ มีความหลากหลายทางพันธุกรรมเป็นอย่างมาก เนื่องจากเชื้อไวรัสมีการวิวัฒนาการ และปรับตัวอยู่ตลอดเวลาตามสภาวะแวดล้อมที่เปลี่ยนแปลงไปเพื่อความอยู่รอด แม้ว่าในระยะแรกๆ ของการศึกษาระบาดวิทยาของเชื้อไวรัส

โรตามีความจำเพาะต่อชนิดของสัตว์ค่อนข้างสูง เนื่องจากมี species barrier ที่ขวางกั้นการติดต่อข้ามชนิดของสัตว์ ทำให้ไวรัสโรตาบางจีโนไทป์พบเฉพาะในคน และบางจีโนไทป์พบเฉพาะในสัตว์บางชนิดเท่านั้น แต่ในปัจจุบัน เมื่อมีการศึกษาการระบาดและศึกษาคุณลักษณะของเชื้อในภูมิภาคต่างๆ ของโลกมากขึ้น จะพบว่าความจำเพาะของจีโนไทป์ในสัตว์ชนิดต่างๆ และในคนมีน้อยลง จีโนไทป์ที่เคยพบเฉพาะในสัตว์ก็สามารถแยกได้จากผู้ป่วยมากขึ้นเรื่อยๆ ดังนั้นในงานวิจัยนี้ จึงสนใจศึกษาลักษณะทางพันธุกรรมในเชิงโมเลกุลของไวรัสโรตาทั้ง complete genome (11 ยีน) ที่พบในประเทศไทย ซึ่งตัวอย่างที่ศึกษามีทั้งหมด 22 ตัวอย่าง แบ่งเป็น 7 สายพันธุ์ด้วยกัน โดยเป็นตัวอย่างที่มีจีโนไทป์ในส่วนของยีน VP7 และ VP4 เป็น G1P[8] 5 ตัวอย่าง, G3P[8] 4 ตัวอย่าง, G9P[8] 2 ตัวอย่าง, G12P[8] 3 ตัวอย่าง, G12P[6] 1 ตัวอย่าง, G2P[4] 6 ตัวอย่าง และ G3P[9] 1 ตัวอย่าง

ผลจาก phylogenetic analysis ของ complete nucleotide sequences ในส่วนของยีน VP6-VP1-VP2-VP3-NSP1-NSP2-NSP3-NSP4-NSP5/6 ของตัวอย่างที่มีสายพันธุ์ G1P[8], G3P[8], G9P[8], G12P[8] และ G12P[6] สามารถจำแนกจีโนไทป์ได้เป็น I1-R1-C1-M1-A1-N1-T1-E1-H1 ตามลำดับ ซึ่งเป็นกลุ่มจีโนไทป์เดียวกับไวรัสโรตาในคนสายพันธุ์ Wa prototype โดยจากการศึกษา complete nucleotide sequences ทั้ง 11 ยีนของจีโนไทป์ดังกล่าว พบว่าไม่มีการเปลี่ยนแปลงลำดับนิวคลีโอไทด์ของจีโนมไปมากนัก ซึ่งทุกตัวอย่างมีความใกล้เคียงกับไวรัสโรตาที่แยกได้จากคนทั้งสิ้น โดยตัวอย่างที่มีสายพันธุ์ G1P[8] (จากขอนแก่น 4 ตัวอย่าง และกรุงเทพมหานคร 1 ตัวอย่าง) และ G3P[8] (จากขอนแก่น 3 ตัวอย่าง และกรุงเทพมหานคร 1 ตัวอย่าง) ในภาพรวมพบว่า มีลักษณะการจำแนกใน phylogenetic tree รวมทั้งค่า % Homology ใกล้เคียงกับไวรัสโรตาในคนสายพันธุ์ที่พบในประเทศทางทวีปยุโรป (รัสเซีย, เบลเยียม, เยอรมันนี และ อิตาลี) ทวีปอเมริกา (สหรัฐอเมริกา, คิวบา และบราซิล) และทวีปเอเชีย (บังกลาเทศ, อินเดีย, สาธารณรัฐประชาชนจีน และ ญี่ปุ่น) ซึ่งเป็นทวีปที่มีการระบาดของจีโนไทป์ดังกล่าวอยู่มาก โดยเฉพาะสายพันธุ์ที่พบประเทศสหรัฐอเมริกา และบังกลาเทศ พบว่ามีค่า % Homology ในหลายยีนที่ใกล้เคียงกับตัวอย่างที่ศึกษา

สำหรับตัวอย่างที่มีสายพันธุ์ G9P[8] (จากนครราชสีมา 2 ตัวอย่าง), G12P[8] (จากขอนแก่น 1 ตัวอย่าง และตาก 2 ตัวอย่าง) และ G12P[6] (จากนครราชสีมา 1 ตัวอย่าง) พบว่า

nucleotide sequences ทั้ง 11 ยีน มีความคล้ายกับไวรัสโรตาในคนสายพันธุ์ที่พบในทวีปเอเชีย โดยเฉพาะประเทศบังคลาเทศ และอินเดีย ซึ่งในปัจจุบัน ไวรัสโรตา G12P[6] และ G12P[8] ได้ถูกจัดให้เป็นสายพันธุ์หนึ่งที่พบได้บ่อย (common strain) ในประเทศอินเดีย และจากรายงานการศึกษาทางด้านระบาดวิทยาของเชื้อไวรัสโรตาในหลายประเทศทั่วโลก พบอุบัติการณ์ของจีโนไทป์ G12 เพิ่มขึ้น โดยเฉพาะในประเทศอินเดีย เนปาล และบังคลาเทศ ซึ่งต่อไปในอนาคตจีโนไทป์ G12 อาจถูกจัดให้เป็น common strain จีโนไทป์ที่ 6 ของโลกเช่นเดียวกับ G9

ผลจาก phylogenetic analysis ของ complete nucleotide sequences ในส่วนของยีน VP6-VP1-VP2-VP3-NSP1-NSP2-NSP3-NSP4-NSP5/6 ของตัวอย่างที่มีสายพันธุ์ G2P[4] สามารถจำแนกจีโนไทป์ได้เป็น I2-R2-C2-M2-A2-N2-T2-E2-H2 ตามลำดับ ซึ่งเป็นจีโนไทป์กลุ่มเดียวกับไวรัสโรตาในคนสายพันธุ์ DS-1prototype โดยสายพันธุ์ G2P[4] นี้จัดเป็น common strain ที่พบในประเทศบังคลาเทศ และอินเดีย ซึ่งสอดคล้องกับผลที่ได้จาก phylogenetic analysis ทั้ง 11 ยีน ของตัวอย่างที่ศึกษา พบว่า มีค่า % Homology ที่ใกล้เคียงกับสายพันธุ์ที่พบในประเทศทางแถบเอเชียใต้ โดยเฉพาะประเทศบังคลาเทศ และอินเดีย จาก 6 ตัวอย่างศึกษาในสายพันธุ์นี้ พบว่าในส่วนของยีน VP1, VP3 และ NSP4 มี 2 ตัวอย่าง ได้แก่ CU110-BK/08 และ CU209-KK/08 มีการ cluster และ % Homology ใกล้เคียงกับไวรัสโรตาสายพันธุ์ที่พบในสัตว์ด้วย ซึ่งได้แก่ แพะ และวัว โดยที่ยีน VP1 พบว่า ทั้งสองตัวอย่างดังกล่าวมีค่า % nucleotide และ amino acid similarity ใกล้เคียงกับไวรัสโรตาสายพันธุ์ GO34 (>96%) ที่พบในแพะจากประเทศบังคลาเทศ ส่วนที่ยีน VP3 พบว่าตัวอย่าง CU110-BK/08 มีการ cluster ร่วมกับสายพันธุ์ที่พบในคน (MMC88) และแพะ (GO34) จากประเทศบังกลาเทศเช่นกัน โดยมีค่า % nucleotide และ amino acid similarity มากกว่า 97.3% และในส่วนของยีน NSP4 พบว่าตัวอย่าง CU110-BK/08 มีการ cluster ร่วมกับไวรัสโรตาหลายสายพันธุ์ที่พบในวัว และ 1 สายพันธุ์ที่พบในคน จากประเทศอินเดีย และเมื่อเปรียบเทียบค่า % nucleotide และ amino acid similarity พบว่ามีความใกล้เคียงกับไวรัสโรตาที่แยกได้จากวัวสายพันธุ์ B-47 ที่พบในประเทศอินเดีย จากปี พ.ศ. 2551 ซึ่งเป็นปีเดียวกับตัวอย่างที่ศึกษาด้วย ส่วนตัวอย่าง CU209-KK/08 พบว่าในยีนเดียวกันนี้มี %nucleotide และ amino acid similarity ใกล้เคียงกับไวรัสโรตาในคนสายพันธุ์ 048348 ที่พบใน

ประเทศอินเดีย (99.2%) และมีการ cluster ใกล้กับสายพันธุ์ไวรัสโรตาที่พบในแพะจากบังคลาเทศอีก 3 สายพันธุ์ (GO34, GO102 และ GO100) โดยมีค่า % nucleotide และ amino acid similarity เมื่อเทียบกับสายพันธุ์ดังกล่าวเท่ากับ 97.7% และ 96.6-95.9 % ตามลำดับ ซึ่งจากรายงานการศึกษาพบว่าไวรัสโรตาที่แยกได้จากแพะสายพันธุ์ GO34 นี้ มีจีโนมไทป์ VP7-VP4-VP6-VP1-VP2-VP3-NSP1-NSP2-NSP3-NSP4-NSP5/6 เป็น G6-P[1]-I2-R2-C2-M2-A11-N2-T6-E2-H3 ตามลำดับ โดยในส่วนของยีน VP1 และ VP3 ของสายพันธุ์นี้พบที่มีความสัมพันธ์กับไวรัสโรตาในคนมากกว่าสายพันธุ์ที่พบในแพะด้วยกัน และในส่วนของยีน NSP4 นั้น พบที่มีความสัมพันธ์กับไวรัสโรตาสายพันธุ์ทั้งที่พบในวัวและในคน (48) ซึ่งจากรายงานการศึกษานี้แสดงให้เห็นว่าตัวอย่าง CU110-BK/08 และ CU209-KK/08 ในส่วนของยีน VP1, VP3 และ NSP4 น่าจะมีจุดกำเนิดวิวัฒนาการร่วม (common evolutionary origin) มาจากคน ซึ่งอาจจะเป็นไปได้ว่ามีการเกิด reassortments ของยีนข้ามไปมาหลายครั้งระหว่างแพะ วัว และคน หลังจากนั้นไวรัสสายพันธุ์ลูกผสมนี้ข้าม species มาติดเชื้อในคนอีกครั้งก็เป็นได้

ผลจาก phylogenetic analysis ของ complete nucleotide sequences ในส่วนของยีน VP6-VP1-VP2-VP3-NSP1-NSP2-NSP3-NSP4-NSP5/6 ของตัวอย่างที่มีสายพันธุ์ G3P[9] (CU365-KK/08) สามารถจำแนกจีโนมไทป์ได้เป็น I3-R3-C3-M3-A3-N3-T3-E3-H6 ตามลำดับ ซึ่งมีความสัมพันธ์กับไวรัสโรตาในคนสายพันธุ์ AU-1 ซึ่งเป็น prototype ของจีโนมไทป์ G3P[9] จากรายงานการศึกษาที่ผ่านมาพบว่าไวรัสโรตาจีโนมไทป์ P[9] จะพบได้บ่อยในแมว ซึ่งแยกได้จากคนเป็นครั้งแรก เมื่อปี พ.ศ. 2520 จากผู้ป่วยเด็กในประเทศญี่ปุ่น ให้ชื่อสายพันธุ์เป็น K8 ต่อมาในปี พ.ศ.2525 ก็สามารถแยกเชื้อ P[9] ตัวที่สองได้ ซึ่งพบในประเทศญี่ปุ่นเช่นเดียวกัน และให้ชื่อสายพันธุ์ว่า AU-1 ซึ่งมี G-genotype เป็น G3 ไวรัสสายพันธุ์ AU-1 นี้จะมีลักษณะเหมือนไวรัสโรตาของแมว เชื่อว่าเป็นไวรัสของแมวที่ติดต่อมาสู่คน (40) สำหรับในประเทศไทยพบว่าสายพันธุ์ T152 ซึ่งมี G-P combination เป็น G12P[9] ในส่วนของยีน VP4 จะเหมือนกับ K8 และ AU-1 และยังเหมือนกับไวรัสโรตาของแมวสายพันธุ์ Cat2 และ FRV-1 ด้วย ซึ่งน่าจะเป็นสายพันธุ์ลูกผสมระหว่างไวรัสโรตาของคนและแมวเช่นเดียวกัน (45) สำหรับในการศึกษานี้พบว่าตัวอย่าง CU365-KK/08 ซึ่งเป็นตัวอย่างจากจังหวัดขอนแก่น ในปี พ.ศ. 2551 มี nucleotide และ amino acid sequences ของยีน VP7, VP4 และ NSP1 เหมือนกับไวรัสโรตาสายพันธุ์ AU-1 ที่ยีน VP1, VP2, VP3 และ NSP2 เหมือนกับไวรัสโรตาสายพันธุ์ T152 ที่ยีน VP6 และ NSP4 เหมือนกับไวรัสโรตาของคนในประเทศไทยสายพันธุ์ CMH120 และ CMH134 จากจังหวัดเชียงใหม่ พ.ศ. 2547 ซึ่งจาก

รายงานการศึกษา nucleotide sequences ในส่วนของยีน VP6 และ NSP4 ของ CMH120 และ CMH134 นี้ พบว่ามีความสัมพันธ์กับสายพันธุ์ AU-1 prototype และสายพันธุ์ FRV-1 ที่พบในแมว (46) และในส่วนของยีน NSP3 และ NSP5 ของตัวอย่าง CU365-KK/08 พบว่าเหมือนกับไวรัสโรตาที่แยกได้จากลิงสายพันธุ์ RRV ในประเทศสหรัฐอเมริกา พ.ศ. 2523 ซึ่งจากรายงานการศึกษา nucleotide sequences ในส่วนของยีน VP6 และ NSP4 ของ RRV นี้ พบว่ามีความสัมพันธ์กับไวรัสโรตาสายพันธุ์ที่เป็น canine, feline และ canine/feline human โดยเฉพาะสายพันธุ์ T152 ที่พบในประเทศไทย (47) ซึ่งผลจากการศึกษาทั้งหมดนี้สนับสนุนแนวความคิดที่ว่าตัวอย่างอุจจาระ CU365-KK/08 จากผู้ป่วยเด็ก รายนี้ อาจได้รับเชื้อมาจากไวรัสโรตาสายพันธุ์ลูกผสมระหว่างของคนและแมว