



Bu çalışma Creative Commons GayriTicari 4.0 Uluslararası lisansı ile lisanslanmıştır

Van Tıp Derg 30 (3):332-338, 2023
DOI: [10.5505/vtd.2023.03592](https://doi.org/10.5505/vtd.2023.03592)

Van İlindeki Hepatit C Genotip Dağılımı ve Bulaş için Öngörülen Risklerin Değerlendirilmesi

The Genotype of Hepatitis C Distribution in Van and Evaluation of the Predicted Risks For Transmission

Dilek Bulut¹, Merve Sefa Sayar²

¹TC. SBÜ. Ankara Etilik Şehir Hastanesi Enfeksiyon Hastalıkları ve Klinik Mikrobiyoloji Uzmanı, Ankara, Türkiye

²TC. SBÜ. Bursa Yüksek İhtisas Eğitim ve Araştırma Hastanesi Enfeksiyon Hastalıkları ve Klinik Mikrobiyoloji Uzmanı, Bursa, Türkiye

Özet

Giriş: Hepatit C virüsü (HCV) 7 ana genotip ve 100'den fazla alt tipte yüksek genetik heterojeniteye sahiptir. Nüfus hareketlilikleri genotip oranlarında oynamalara neden olduğu için epidemiyolojik verilerin düzenli güncellenmesi ihtiyacı doğmaktadır. Bu yazının amacı HCV genotip verilerini ortaya koymak, yaş ve cinsiyet ile ilişkisini irdelemek, risk faktörlerine göre genotip dağılımını belirlemektir.

Yöntem: Retrospektif/tek merkezli olan çalışmamızda 2017-2021 tarihleri arasında, 95 HCV hastası çalışmaya dahil edildi. Hastaların Anti HCV, HCV RNA polimeraz zincir reaksiyonu (PCR) ve HCV genotip durumu kaydedildi. HCV RNA PCR testi pozitif saptanan hastaların HCV genotiplendirmesinde Abbott Real Time HCV Genotype II genotipleme kiti kullanıldı.

Bulgular: Çalışmaya 56 (59%) erkek ve 39 (41%) kadın hasta dahil edildi. Her iki cinsiyet incelendiğinde en yaygın genotip 1b (%65.3), ikinci sıklıkta genotip 3 (%16.8) ve genotip 1a (%13.7) olduğu görüldü. Hastalar arasında genotip 2 (%2.1) ve genotip 4 (%2.1) en az görülen genotiplerdi. HCV genotip türü ve cinsiyet açısından istatistiksel olarak anlamlı bir fark izlenmedi. Ancak genotip türü ve yaş açısından değerlendirildiğinde istatistiksel olarak anlamlı fark bulunmaktaydı. Hastaların en sık görülen olası bulaş yolu cerrahi operasyon varlığı olup (%45.3), bu grupta en çok genotip 1b olduğu görüldü. Diyaliz 19 (%20) ve İntravenöz (IV) uyuşturucu kullanımı 16 (16.8%) sık görülen bulaş yolları arasında yer alırken; dental girişim, kan transfüzyonu, aile içi bulaş ve cinsel ilişki ile bulaşın daha az sıklıkta görüldüğü saptandı.

Sonuç: HCV genotiplerinin ve bulaş yollarının belirlenerek bölgesel verilerin düzenli bildirilmesi epidemiyolojik verilere katkı sağlayacaktır. Bu durum HCV'ye yönelik sağlık politikalarının geliştirilmesi ve HCV'nin ortadan kaldırılması adına yol gösterici olacaktır.

Anahtar Kelimeler: Genotip; hepatit c; risk faktörleri.

Abstract

Introduction: With 7 primary genotypes and more than 100 subgroups, the hepatitis C virus (HCV) exhibits considerable genetic variability. Due to changes in genotype rates brought on by population migrations, epidemiology data must be updated regularly. This article's aims are to present HCV genotype data, investigate the link between age and gender, and establish the genotype distribution in relation to risk variables.

Materials and Methods: Between 2017 and 2021, 95 HCV patients were included in this retrospective, single-center investigation. Anti HCV, HCV RNA polymerase chain reaction results (PCR) and HCV genotype status of the patients were recorded. Abbott Real Time HCV Genotype II genotyping kit was used for HCV genotyping of patients with positive HCV RNA PCR test.

Results: 56 (59%) male and 39 (41%) female patients were included in the study. When both genders were examined, it was discovered that genotype 1b (65.3%) was the most common genotype, followed by genotypes 3 (16.8%) and genotypes 1a (13.7%). The least frequent genotypes among the patients were genotype 2 (2.1%) and genotype 4 (2.1%). Regarding HCV genotype type and gender, no statistically meaningful variation was found. However, the evaluation made in terms of genotype type and age showed a statistically significant difference. The most common possible transmission route of the patients was the presence of surgical operation (45.3%), and genotype 1b was the most common in this group. Dialysis 19 (20%) and Intravenous (IV) drug use 16 (16.8%) were among the other common transmission routes, while dental intervention, blood transfusion, family transmission and sexual intercourse were found to be less common.

Conclusion: Determination of HCV genotypes and transmission routes and regular reporting of regional data will contribute to epidemiological data. This will guide the development of health policies for HCV and the elimination of HCV.

Keywords: Genotype; hepatitis c; risk factors

Giriş

HCV enfeksiyonu kronikleşme oranı yüksek, hepatosellüler karsinom (HCC) ve karaciğer (KC)

sirozu gibi ciddi komplikasyonlara neden olan küresel bir sağlık sorunudur (1). Türkiye'de HCV prevalansı %1 olup yaklaşık 1 milyar kişinin

*Sorumlu Yazar: Dilek Bulut Enfeksiyon Hastalıkları ve Klinik Mikrobiyoloji Uzmanı

Ankara Etilik Şehir Hastanesi, Ankara E-mail: dilekerdim@hotmail.com

Orcid: Dilek Bulut [0000-0001-5874-174X](https://orcid.org/0000-0001-5874-174X), Merve Sefa Sayar [0000-0002-0436-4122](https://orcid.org/0000-0002-0436-4122)

Geliş Tarihi:15.08.2023, Kabul Tarihi:14.09.2023

enfekte olduğu bilinmektedir (2). Genellikle asemptomatik enfeksiyona yol açması nedeniyle (%85), HCV surveyans sistemi yetersiz olup çoğu enfekte hastalar tespit edilememektedir (3). Dünya Sağlık Örgütü verilerine göre HCV hastalarının %20'sinin teşhis edildiği, %7.4'ünün ise tedavi edildiği bilinmektedir (4). HCV'nin başlıca tanımlanmış ve en çok görülen bulaş yolu parenteral yoldur. Ancak cinsel ilişki, aile içi temas ve anneden bebeğe geçiş gibi başka bulaşma yolları da bildirilmiştir (5). HCV flaviviridea ailesi, hepacivirus cinsi içinde sınıflandırılmakta olup pozitif polariteli RNA virüsüdür (6). Virüs yüksek replikatif aktivitesi nedeniyle genetik heterojeniteye sahiptir (7). HCV 7 ana genotip ve 100'den fazla alt tipe sahiptir. Genotipler 5 ve 7 dışında çok sayıda alt tipe ayrılır. Genotiplerin dağılımı coğrafi olarak farklılık gösterir (8). Salgın genotipler (genotip 1a, 1b, 2a, 2b, 3a ve 4a) dünya genelinde yaygın iken, endemik genotip olarak adlandırılan genotip 5 ve genotip 6 sırasıyla Güney Afrika ve Güneydoğu Asya'da daha sık görülmektedir (1). Dünya'da en yaygın genotip, genotip 1 ve alt tip 1b'dir (3, 9). Ülkemizde de yaygın tür genotip 1b olup farklı bölgelerden farklı oranlar bildirilmektedir (10). Kitleli insan hareketleri, turizm, ticaret, savaş ve göçler ülkeler arası sınırların daha rahat aşılması sonucunu doğurarak bulaşıcı hastalıkların epidemiyolojik verilerinde oynamalara neden olmaktadır. Son verilere göre Dünya nüfusunun %2.3'ünün göçmen olduğu bildirilmektedir (11). Türkiye Cumhuriyeti Göç İdaresi Başkanlığı verilerine göre 2022 yılında 43.761.189 kişi çeşitli nedenlerle Türkiye Hudut kapılarından giriş yapmıştır (12). Bu nüfus hareketliliği epidemiyolojik verilerin düzenli güncellenmesi ihtiyacını doğurmaktadır. Genotipler hastalığın klinik gidişatını ve tedavi seçimini etkileyeceğinden, tedavi öncesi belirlenmesi gerekir. Günümüzde pangentotipik antiviral ilaçların kullanımının yaygınlaşmasına rağmen genotip surveyansı yapmak ve her bölgenin kendi verilerini paylaşması önem arz etmektedir. Bölgesel verilerin düzenli olarak güncellenmesi hastalığın daha iyi yönetimi için klinik hazırlığı geliştirecektir. Çalışmamızın ana hedefi kronik HCV enfeksiyonu olan hastalarda genotip dağılımını belirleyerek bölgesel verilere katkı sağlamaktır. Ek hedefler ise genotipin yaş ve cinsiyet ile ilişkisini ortaya koymak, genotip türlerinin risk faktörlerine göre dağılımını değerlendirmektir.

Gereç ve Yöntem

Çalışmamıza Ocak 2017- Şubat 2021 tarihleri arasında TC. SBÜ. Van Eğitim ve Araştırma

Hastanesi, enfeksiyon hastalıkları ve klinik mikrobiyoloji polikliniğine başvuran ve genotip tayini yapılmış olan eski ve yeni 95 kronik hepatit C hastası dahil edildi.

Hastaların dahil edilme kriterleri:

- 18 yaş ve üzeri olmak,
- Anti-HCV tetkikinün pozitif olması,
- HCV-RNA tetkikinün en az bir kez pozitif bulunması (daha önceki tedavilerle negatifleşen ve takibimizde bulunan ve genotip tayini kaydedilmiş hastalar da çalışmaya dahil edildi),
- HCV genotip tayininin yapılmış olması,

HCV'nin olası bulaş yolu ile ilgili bilgiye ulaşılması (bulaş yolu bilinmeyen hastalar çalışma dışı bırakıldı). Çalışmamızın dizaynı retrospektif olup tek merkezlidir. Hastaların demografik verilerine, genotip bilgilerine ve bulaşma yolları ile ilgili risk faktörlerine hastane bilgi sistemi ve hasta dosyalarından ulaşıldı. Genotip tayini Abbott Real Time HCV Genotype II (Abbott Molecular Inc., ABD) kiti kullanılarak test edildi.

Etik onam: Etik Kurul izni TC. SBÜ. Van Eğitim ve Araştırma Hastanesi Klinik Araştırmalar Etik Kurulundan 04.03.2021 tarihinde 2021/05 numaralı karar ile alınmıştır.

İstatistiksel analiz: Çalışmada ele alınan özellikler için tanımlayıcı istatistikler kategorik değişkenlerde sayı ve yüzde olarak, sürekli değişkenlerde ise ortanca değer, minimum ve maksimum değer olarak sunuldu. Kategorik değişkenler arasındaki ilişkileri belirlemede Ki-kare testi kullanıldı. İstatistik anlamlılık (önemlilik) düzeyi %5 olarak alındı. Araştırma verilerinin istatistik analizi için R Studio versiyon 1.4.1106 istatistik programı kullanıldı.

Bulgular

95 hastadan 56 'sı erkek (%59), 39' u kadındı (%41). En çok görülen genotip 1b olup 62 (%65.3) hastada mevcuttu. 13 (%13.7) hastada 1a, 2 (%2.1) hastada genotip 2, 16 (%16.8) hastada genotip 3, 2 (%2.1) hastada genotip 4 mevcuttu. Kadın ve erkek hastaların genotiplere göre dağılım yüzdeleri Tablo-1' de verilmiştir. Hastaların cinsiyetlerine göre genotip dağılımı arasında anlamlı bir farklılık izlenmedi ($p=0.09$). HCV genotiplerinin yaşa göre dağılımı Tablo-2'de verilmiştir. Genotip 1' de yaş ortalaması en yüksek olup 62 olarak bulunurken, genotip 3 'te en düşüktü ve 34 saptandı. HCV genotip türü ve hasta yaşı açısından aradaki fark istatistiksel olarak anlamlı bulunmuştur ($p<0.001$). 95 hastanın olası HCV bulaş yolları ve genotiplerine göre dağılımı Tablo-3'te verilmiştir. Buna göre en sık görülen HCV bulaş için olası

risk faktörü operasyon olup 43 (%45.3) hastada mevcuttu. İkinci en sık risk faktörü hemodiyaliz (HD) 19 (%20) hastada mevcuttu. Diğer olası risk faktörlerinden iv uyuşturucu kullanımı 16 (%16.8),

dental girişim 8 (%8.4), kan transfüzyonu 5 (%5.3), aile içi bulaş 2 (%2.1), cinsel ilişki 2 (%2.1) hastada mevcuttu.

Tablo 1: HCV Genotiplerinin Cinsiyete Göre Dağılımı

Cinsiyet	Genotipler					Toplam	p
	1a	1b	2	3	4		
Erkek n (%)	6 (10.7%)	33 (58.9%)	2 (3.6%)	13 (23.2%)	2 (3.6%)	56 (59%)	0.09
Kadın n (%)	7 (17.9%)	29 (74.4%)	0	3 (7.7%)	0	39 (41%)	
Toplam n (%)	13 (13.7%)	62 (65.3%)	2 (2.1 %)	16 (16.8%)	2 (2.1%)	95 (100%)	

Tablo 2: HCV Genotiplerinin Yaşa Göre Dağılımı

	Genotipler					P
	1a	1b	2	3	4	
Yaş median (min-max)	62 (23-84)	62 (24-80)	60 (58-62)	34 (29-52)	52.5 (50-55)	0.001

Tablo 3: HCV Genotiplerinin Risk Faktörlerine Göre Dağılımı

Risk Faktörleri	Genotipler					Toplam n (%)
	1a n (%)	1b n (%)	2 n (%)	3 n (%)	4 n (%)	
Operasyon	3 (23.1%)	37 (59.6%)	0	1 (6.3%)	2 (100%)	43 (45.3%)
Diyaliz	6 (46.1%)	13 (21%)	0	0	0	19 (20%)
IV Uyuşturucu	1 (7.7%)	4 (6.5%)	0	11 (68.7%)	0	16 (16.8%)
Dental Girişim	2 (15.4%)	4 (6.5%)	0	2 (12.5%)	0	8 (8.4%)
Kan Transfüzyonu	1 (7.7%)	2 (3.2%)	2 (100%)	0	0	5 (5.3%)
Aile İçi Bulaş	0	2 (3.2%)	0	0	0	2 (2.1%)
Cinsel ilişki	0	0	0	2 (12.5%)	0	2 (2.1%)
Toplam	13	62	2	16	2	95

HCV bulaşı için risk faktörü operasyon olan hastalarda en çok görülen genotip 1b olup, hemodiyaliz olan hastalarda ise genotip 1a'ydı. İv uyuşturucu kullananlarda genotip 3, dental girişim yapılanlarda genotip 1b, kan transfüzyonu yapılanlarda ise 1b ve 2 en sık görülen genotipti. Risk faktörlerine göre genotiplerin dağılımı Tablo-3'te verilmiştir.

Tartışma

HCV enfeksiyonunun genotiplendirilmesi ve epidemiyolojik verilerin düzenli surveyansı tedavi yönetimi, aşı geliştirme ve klinik yönetim açısından önem arz etmektedir. HCV enfeksiyonlarının tam sayısal değerini veren bir bildirim ve kayıt sistemi bulunmamaktadır. Epidemiyolojik veriler çoğunlukla yerel çalışmalardan elde edilmektedir. Türkiye 'de genotip 1 ve alt tip 1b en yaygın genotip olup %52,7-%97,4 arasında değişen bir prevalansa sahiptir (13, 14). Yeni yayınlanan ulusal bir çalışmada 1b %67,8 ile en sık görülen alt tipti (15). Çalışmamızda da en çok görülen genotip 1b olup %65,23 orana sahiptir ve sonuçlarımız belirtilen çalışmayla benzerdir. Genotip 1 ve genotip 3 enfeksiyonları dünya çapında en yaygın görülen genotiplerdir (16). Çalışmamızda genotip 1b'den sonra ikinci sıklıkta genotip 3 görülmekteydi ve 16 (%16,8) hastada mevcuttu. Bu oran ülkemiz verilerine göre yüksek olup genotip 3' ün yüksek saptandığı bazı çalışmalarla benzerdir (9, 17). Türkiye'de genotip 3 dağılımında önemli farklılıklar vardır. Türkiye'nin 7 bölgesinden alınan örneklerle yapılan bir çalışmada genotip 3 oranı %6,7 olarak tespit edilmiştir (18). Karabulut ve arkadaşlarının çalışmasında, bizim çalışmamızda olduğu gibi genotip 3 ikinci en yaygın genotip bulunmuştur. Ancak % 6,7 değer ile çalışmamızdan daha düşük bir yüzdeye sahiptir (6). Selek ve arkadaşları çalışmamıza benzer bir şekilde genotip 3 oranını %16 bulmuşlardır (9). Çalışmamızın retrospektif dizaynı nedeniyle hastaların seyahat öykülerine ulaşamadı. Ancak diğer çalışmalar incelendiğinde yabancı uyruklu hastaların ve yurt dışı seyahat öyküsü olanların genotip 3 ile enfekte olma durumu daha yüksekti (19). Bizim çalışmamızda da bu oranın yüksek çıkmasını Van'ın sınır ili olmasının sonucu olarak turizm faaliyetlerinin fazla olması, kaçakçılık ve yasadışı mülteci girişinin kontrolünün zor olmasına bağlamaktayız. Genotip 2 ve genotip 4 gibi daha nadir görülen genotipler özellikle düşük gelirli ülkelerde yaygındır. Batı Afrika' da genotip 2, Orta ve Kuzey Afrika' da ise genotip 4 baskındır (16). Karabulut ve arkadaşlarının çalışmasında genotip 2 ve genotip 4 oranları sırasıyla %4.6 ve %2.2 bulunmuştur (6).

Ülkemizdeki çalışmalarda genotip 4 yüzdesi genellikle % 2 civarı ve altındaydı (17, 20). Çalışmamızda da mevcut verilerle uyumlu olarak genotip 2 ve genotip 4 %2.1 bulunmuş olup her ikisi de 2 hastada mevcuttu. HCV genotip oranlarının cinsiyetlere göre farklılık gösterdiği çeşitli çalışmalarda bildirilmiştir. Bir çalışmada genotip 1a ve genotip 1b kadın hastalarda (3); başka bir çalışmada ise 1b kadın, 1a ve genotip 3 erkek hastada daha yüksek bulunmuştur (9, 21). Farklı çalışmalarda ise genotip 1 ve genotip 2 kadın, genotip 3 ve genotip 4 erkek cinsiyet ile ilişkilendirildi (6). Bunun nedeni de kadınların kan transfüzyonuna daha yatkın olmaları ve ana genotiplerin genotip 1 ve 2 olması, erkeklerin ise uyuşturucu kullanımı ve yüksek riskli cinsel davranışlara daha yatkın olmaları olarak yorumlandı. Tezcan ve arkadaşları ise genotiplerin kadın ve erkeklerde benzer dağılım gösterdiğini bulmuşlardır ve bu sonuç bizim çalışmamızla uyumludur (21). Çalışmamızda hastaların cinsiyetlerine göre genotip dağılımında anlamlı bir farklılık izlenmedi. Yaş ve cinsiyet ile genotip arasında istatistiksel olarak anlamlı bir farkın olmadığını bildiren birçok ulusal yayın mevcuttur (9, 21). Avrupa'da yapılan çalışmalarda özellikle genç hastalarda ve iv uyuşturucu kullananlarda genotip 1b ve genotip 2'de azalma, genotip 1a,3 ve 4'te ise artış olduğu bildirilmektedir (22). Sağlık ve arkadaşları genotip 1 ile enfekte hastaların ortalama yaşının, diğer genotiplerle enfekte olanların ortalama yaşından önemli ölçüde yüksek olduğunu buldu (17). Çalışmamızda da genotip 1'in yaş ortalaması 62 olup, genotip 3'ün 34 olarak tespit edildi. Yapılan istatistiksel analizde de yaş ve genotip grupları arasında istatistiksel olarak anlamlı fark mevcuttu. Bu sonucu bulaş yolunun genotip türünü belirlemede önemli bir etken olmasına bağlamaktayız. Genotip 1'de cerrahi operasyon, diyaliz gibi ileri yaş grubunda risk faktörü olabilecek nedenler ön plana çıkarken, genotip 3'te iv uyuşturucu ve riskli cinsel davranışlar gibi genç yaş grubunu ilgilendiren risk faktörleri daha yüksekti. Savaş, göç, turistik aktivite, bulaş için öngörülen risk faktörleri enfeksiyonların epidemiyolojisini etkilemektedir (23). Özellikle HCV bulaşı için öngörülen risk faktörü, enfeksiyonun genotipik yapısını da etkilemektedir. Çalışmamızda en sık bildirilen risk faktörü olan operasyonda baskın genotip 1b' ydi. Risk faktörü HD olarak bildirilen hastalarda da en sık 1a genotipi tespit edildi. HD öyküsünün olması, yapılan çalışmalarda önemli bir risk faktörü olarak görülmüştür (24). HD ünitelerinde yapılan kan transfüzyonları, hasta ve sağlık personeli ile temasa bağlı bulaşma ve yetersiz

enfeksiyon kontrol önlemlerinin bu duruma yol açtığını düşünmekteyiz. Çalışmamızın verileriyle uyumlu olarak Duran ve arkadaşları 1a ve 1b ile enfekte hastalarda cerrahi /invaziv tıbbi prosedür, HD ve kan transfüzyonunu olası en önemli bulaş yolu olarak bildirmişlerdir (25). Avrupa ülkelerinde HCV enfeksiyonu için en önemli risk faktörü, iv uyuşturucu kullanımı olup tüm HCV enfeksiyonlarının % 23-53'ünü oluşturur (26, 27). Ancak ülkemizde iv uyuşturucu kullananlarda HCV enfeksiyonuna ilişkin veriler sınırlıdır. Üçbilek ve arkadaşlarının çalışmasında iv uyuşturucu kullanan 97 hastada en sık görülen genotipin 3 ve 2 olduğu bildirilmiştir. Genotip 3 tüm hastaların %58.6 'sını oluşturmaktaydı (28). Başka bir çalışmada genotip 3 ile enfekte olan hastaların %45'i iv uyuşturucu kullanıcısıydı ve bu hasta grubunun çoğunluğunu genç erkekler (%83,3) oluşturuyordu (29). Çalışmamızda hastaların %16,8 'inde (16 hasta) risk faktörü olarak iv uyuşturucu kullanımı tespit edildi. Bunların %68.7' si (11 hasta) genotip 3 ile enfekteydi ve belirtilen çalışmalarla uyumlu olarak iv uyuşturucu kullananlarda baskın genotip, genotip 3'tü. Genotip 3' ün uluslararası yayılımın alt tip 3a' ya bağlı olduğuna inanılmaktadır. İv uyuşturucu kullanımı ve alt tip 3a 'nın baskın olduğu Hindistan ve Pakistan gibi ülkelerden göç ile ilişkili olduğu düşünülmektedir (23). Cinsel temas ve aile içi bulaş HCV'nin daha az görülen ve daha nadir bildirilen bulaş yollarındandır. Ülkemizde yapılan bir çalışmada aile içinde bulaşma %6.1 oranında tespit edilmiştir (24). Yapılan bazı çalışmalarda da aile içi bulaş, kontrol grubuna göre anlamlı olarak daha yüksek bulunmuştur (30). Çalışmamızda 2 hastada (%2.1) aile içi bulaş bildirilmekteydi ve bu hastalarda genotip 1b tespit edildi. Ülkemizde yapılan bir çalışmaya göre şüpheli cinsel ilişki ile bulaş oranı %1.2 olarak bildirilmektedir (24). Çalışmamızda 2 hastada (%2.1) şüpheli cinsel ilişki risk faktörü olarak kaydedildi ve bu 2 hastada genotip 3 tespit edildi.

Çalışma kısıtlılıkları: Çalışma retrospektif tasarımından kaynaklı biaslar içeriyor olabilir. Bunun yanında çalışmanın tek merkezin verileri ile dizayn edilmesi ve örneklem sayısının yüksek olmaması önemli kısıtlayıcı faktörlerdendir. Tek bir bölgenin hasta popülasyonu ile yapılan bu çalışmanın sonuçlarını ülke popülasyonuna genellemek mümkün olmayabilir.

Sonuç

HCV yüksek kronikleşme oranı, ciddi KC hastalıklarını tetikleme, toplumdaki gerçek prevalansının bilinmemesi ve etkili bir aşının

olmaması gibi nedenlerle tüm dünyada ciddi bir halk sağlığı sorunu olmaya devam etmektedir. Bu nedenle HCV enfeksiyonunu ortadan kaldırmak için kanıta dayalı sağlık politikalarını geliştirmek ve kaynakları rasyonel kullanmak adına HCV'nin epidemiyolojisinin ve bulaşma yollarının iyi anlaşılması gerekir. Epidemiyolojik veriler savaş, göç, turistik aktivite gibi insan faaliyetlerinden etkilendiği için bölgesel verilerin belirli periyotlarla güncellenmesi önemlidir. Bu verilerin düzenli surveyansı aşı çalışmaları ve yeni tedavilerin geliştirilmesinin yanı sıra, bulaş yolları açısından koruyucu hekimlik önlemlerinin alınması açısından da yol gösterici olacaktır. Bu verilerin düzenli bildirimini yaptığı ulusal kayıt sistemlerinin ve bulaş yollarının engellenmesi adına ulusal sağlık politikalarının geliştirilmesine ihtiyaç vardır.

Etik onam: Etik Kurul izni TC. SBÜ. Van Eğitim ve Araştırma Hastanesi Klinik Araştırmalar Etik Kurulundan 04.03.2021 tarihinde 2021/05 numaralı karar ile alınmıştır.

Çıkar çatışması: Yazarların bu çalışma ile ilgili herhangi bir çıkar çatışması yoktur.

Finansal destek: Bu çalışması için herhangi bir finansal destek alınmamıştır.

Yazar katkıları: Konsept (DB, MSS), Tasarım (DB, MSS), Veri Toplama ve/veya İşleme (DB, MSS), Analiz ve/veya Yorumlama (DB)

Kaynaklar

1. Gower E, Estes C, Blach S, Razavi-Shearer K, Razavi H. Global epidemiology and genotype distribution of the hepatitis C virus infection. *Journal of hepatology* 2014;61(1):45-S57.
2. Tozun N, Ozdogan O, Cakaloglu Y, Idilman R, Karasu Z, Akarca U, et al. Seroprevalence of hepatitis B and C virus infections and risk factors in Turkey: a fieldwork TURHEP study. *Clinical Microbiology and Infection* 2015;21(11):1020-1026.
3. Çizmeci Z. The distribution of hepatitis C virus genotypes in patients with chronic hepatitis C infection. *Türk Mikrobiyol Cem Derg* 46(1):27-32, 2016.
4. Cooke GS, Andrieux-Meyer I, Applegate TL, Atun R, Burry JR, Cheinquer H, et al. Accelerating the elimination of viral hepatitis: a Lancet Gastroenterology & Hepatology Commission. *The lancet Gastroenterology & hepatology* 2019;4(2):135-184.

5. Parsons G. Hepatitis C: epidemiology, transmission and presentation. *Prescriber* 2022;33(6), 20-23.
6. Karabulut N, Alacam S, Yolcu A, Onel M, Agacfidan A. Distribution of hepatitis C virus genotypes in Istanbul, Turkey. *Indian journal of medical microbiology* 2018;36(2):192-196.
7. Gong T, Zhao X, Luo Y, Hong Y, Li S, Fu X. Distribution of hepatitis C virus genotypes in volunteer blood donors from Chengdu, China. *Arch Virol*. 2016;161(7):1873-1882.
8. Abdel-Ghaffar TY, Sira MM, El Naghi S. Hepatitis C genotype 4: The past, present, and future. *World journal of hepatology* 2015;7(28):2792.
9. Selek MB, Baylan O, Karagöz E, Özyurt M. Changes in hepatitis C virus genotype distribution in chronic hepatitis C infection patients. *Indian Journal of Medical Microbiology* 2018;36(3):416-421.
10. Bozok TŞ, Çelik AK. Kronik Hepatit C enfeksiyonu olan hastaların Hepatit C virüs genotip ve viral yüklerinin değerlendirilmesi: Beş yıllık tek merkezli retrospektif çalışma. *Mersin Univ Sağlık Bilim Derg* 2022;16(1):686-693.
11. International Migration Policies and Data. Available from: <http://www.oecd.org/els/mig/>. [
12. T.C. İçişleri Bakanlığı Göç İdaresi Başkanlığı İstatistikler/Giriş -Çıkış <https://www.goc.gov.tr/giris-cikis> [
13. Aktaş E, Ogedey ED, Külah C. Hepatitis C virus genotypes in a province of western Black-Sea region, Turkey. *Mikrobiyoloji Bulteni* 2010;44(4):647-650.
14. Gökahmetoğlu S, Atalay MA, Kılınç A. Determination of the hepatitis C virus genotypes with 'pyrosequencing' method. *Erciyes Medical Journal* 2011;33(2):99-102.
15. Bulut ME, Topalca US, Murat A, Teke L, Canalp HZ, Ocal M, et al. HCV genotype distribution of patients with chronic Hepatitis C in Istanbul. *The Medical Bulletin of Sisli Etfal Hospital* 2021;55(1):86.
16. Daw MA, El-Bouzedi AA, Ahmed MO, Dau AA, Agnan MM, Draha AM. Geographic integration of hepatitis C virus: a global threat. *World journal of virology* 2016;5(4):170.
17. Sağlık İ. mutlu D, Öngüt G, İnan D, Ögünç D, Sarinoğlu Can r, et al. Distribution of hepatitis C virus genotypes among patients with chronic hepatitis C infection in Akdeniz University Hospital, Antalya, turkey: a five-year evaluation *mikrobiyol Bul* 2014;48(3):429-437.
18. Altindis M, Dal T, Akyar I, Karatuna O, Gokahmetoglu S, Ulger ST, et al. Six-year distribution pattern of hepatitis C virus in Turkey: a multicentre study. *Biotechnology & Biotechnological Equipment* 2016;30(2):335-340.
19. Kuzin S, Samokhvalov E, Zabolina E, Kudriavtseva E, Krel P, Korabel'nikova M, et al. Hepatitis virus genotype structure in patients with chronic hepatitis C. *Zhurnal mikrobiologii, epidemiologii i immunobiologii* 2011(3):33-38.
20. Caliskan A, Kirisci O, Ozkaya E, Ozden S, Tumer S, Çağlar S, et al. Distribution and predominance of genotype 3 in hepatitis C virus carriers in the province of karamanmaraş, Turkey. *Hepatitis monthly* 2015;15(4):e25142.
21. Tezcan S, Ulger M, Aslan G, Yaraş S, Altıntaş E, Sezgin O, et al. Determination of hepatitis C virus genotype distribution in Mersin province, Turkey. *Mikrobiyoloji bulteni* 2013;47(2):332-338.
22. Kırdar S, Yaşa MH, Aydın N, Korkmazgil BG, Öztürk ŞB, Ömürlü İK. The distribution of hepatitis C virus genotypes in patients with chronic hepatitis C infection. *Meandros Medical And Dental Journal* 2015;16(3):108-113.
23. Zhang Y, Chen L-M, He M. Hepatitis C Virus in mainland China with an emphasis on genotype and subtype distribution. *Virology Journal* 2017;14(1):1-14.
24. ÖzdEn HT. Kronik Hepatit C'li Hastaların Hastalıklarını Fark Etme Yolları ve Risk Faktörleri. *FLORA* 2019;24(3):170-174.
25. Duran AÇ, Çetinkaya ÖK, Sayiner AA, Şeydaoğlu G, Özkarataş E, Abacioğlu H. Changes on Hepatitis C virus genotype distribution in Western Turkey: Evaluation of twelve-year data. *The Turkish Journal of Gastroenterology* 2020;31(2):128.
26. Han R, Zhou J, François C, Toumi M. Prevalence of hepatitis C infection among the general population and high-risk groups in the EU/EEA: a systematic review update. *BMC Infectious Diseases* 2019;19:655:1-14.

27. Thoraval PR. Epidemiology of hepatitis C virus infection. *Clinics and Research in Hepatology and Gastroenterology* 2021; 45(3):101596.
28. Üçbilek E, Abaylı B, Koyuncu MB, Midikli D, Gözüküçük S, Akdağ A, et al. Distribution of hepatitis C virus genotypes among intravenous drug users in the Çukurova region of Turkey. *Turkish journal of medical sciences* 2016;46(1):66-71.
29. Çetin Duran A, Kibar F, Çetiner S, Yaman A. Determination of Hepatitis C virus genotype and HCV infection transmission routes in Cukurova University Medical Faculty Hospital. *Turkish Bulletin of Hygiene and Experimental Biology* 2017;74(3):201-210.
30. Mıstık R. HEV, HGV, TTV ve SEN virüs enfeksiyonlarının epidemiyolojisi,“Tabak F, Tosun S. *Viral Hepatit* 2013:113-120.