

RINGKASAN

Infeksi Virus Hepatitis B (HBV) dapat menyebabkan berbagai spektrum penyakit hati seperti hepatitis fulminan, hepatitis kronis, sirosis, dan hepatoma. Jumlah penderita infeksi HBV di seluruh dunia diperkirakan mencapai 350 juta orang, dan Indonesia mempunyai endemisitas yang sedang sampai tinggi. Genotipe HBV berpengaruh pada progresivitas dan hasil akhir dari penyakit hati kronis akibat HBV. Di seluruh dunia, terdapat 8 genotipe HBV yang berhasil diidentifikasi (A-H) serta 4 sub tipe utama HBsAg yaitu adw, ayw, adr dan ayr. Berdasarkan penelitian sebelumnya diketahui terdapat perbedaan distribusi genotipe dan sub tipe VHB secara geografik dan etnik. Selain itu genotipe VHB diduga mempengaruhi manifestasi klinis hepatitis B kronis, kepekaan terhadap perkembangan hepatoseluler karsinoma (HCC) dan respon terhadap antiviral.

Tujuan penelitian ini adalah untuk mengetahui apakah terdapat perbedaan distribusi genotipe dan sub tipe HBV pada berbagai manifestasi klinis hepatitis B kronis di Pekanbaru. Penelitian ini merupakan penelitian analitik dengan desain *cross sectional*. Penentuan genotipe VHB dilakukan dengan membandingkan sikuens gen S pada penelitian ini dengan sikuens gen S yang telah dipublikasi pada GenBank. Gen S diperoleh melalui amplifikasi dengan metode *polymerase chain reaction* (PCR), dilanjutkan dengan *sequencing* dengan metode *dye-labelled terminators*.

Sebanyak 52 serum penderita hepatitis B kronis telah diperiksa pada penelitian ini, yang terdiri dari 10 orang donor darah, 12 orang penderita hepatitis B kronik aktif, 10 orang penderita sirosis, dan 20 orang penderita HCC. Berdasarkan homologi sikuens gen S, terdapat dua genotipe VHB yang teridentifikasi pada penelitian ini, yaitu genotipe B dan C, dimana genotipe C merupakan genotipe yang dominan (59.6%) dan selebihnya adalah genotipe B (40.4%). Berdasarkan manifestasi klinis, genotipe C merupakan genotipe yang paling banyak ditemukan pada donor darah (70%) dan sirosis (70%). Sedangkan pada penderita hepatitis B kronik aktif dan HCC ditemukan frekuensi genotipe B dan C yang hampir sama. Sub tipe adr (59.6%) merupakan sub tipe yang paling banyak ditemukan, diikuti oleh sub tipe adw (38.5%) dan ayw (1.9%). Tidak terdapat perbedaan bermakna pada distribusi genotipe dan sub tipe VHB antara donor darah, hepatitis B kronik aktif, sirosis dan HCC. Namun terdapat perbedaan bermakna pada distribusi genotipe antara kelompok HCC dengan sirosis dan HCC tanpa sirosis. Genotipe C (88.9%) merupakan genotipe VHB yang paling banyak ditemukan pada penderita HCC dengan sirosis, sedangkan genotipe B (72.7%) merupakan genotipe VHB yang paling banyak menginfeksi penderita HCC tanpa sirosis ($p=0.01$).