

บทคัดย่อ

รหัสโครงการ: RDG3/26/2543

ชื่อโครงการ: ระบาดวิทยาโมเลกุลของเชื้อ *Mycobacterium avium* ในผู้ป่วยที่ติดเชื้อเอชไอวี

ชื่อหลักวิจัย: สุชาติ ปันจยสิทธิ์¹, อรรถวุฒิ ดีสมโชค², พิเชษฐ์ อักษร³, ธนพันธ์ ชันธนิก⁴,

วรวิทย์ ไชยวัชรกุล⁵, เนาวรัตน์ กันยานนท์⁶

¹คณะเทคนิคการแพทย์ มหาวิทยาลัยเชียงใหม่, ²คณะแพทยศาสตร์ มหาวิทยาลัยเชียงใหม่,

³โรงพยาบาลสันป่าตอง จังหวัดเชียงใหม่, ⁴โรงพยาบาลนครพิงค์ จังหวัดเชียงใหม่, ⁵โรงพยาบาล

สันทราย จังหวัดเชียงใหม่, ⁶โรงพยาบาลศูนย์เชียงใหม่ราชประชานุเคราะห์ จังหวัดเชียงใหม่

email address: asispnjs@chiangmai.ac.th

ระยะเวลาโครงการ: มิถุนายน 2543- เมษายน 2546

การศึกษานี้มีวัตถุประสงค์เพื่อให้ทราบถึงอัตราการระบาดของเชื้อ *Mycobacterium avium* ในผู้ป่วยที่ติดเชื้อเอชไอวีและเพื่อทราบถึงสายพันธุ์ของเชื้อรวมทั้งเพื่อหาแหล่งที่แพร่เชื้อเข้าสู่ผู้ป่วยจากสิ่งแวดล้อม ตัวอย่างที่ใช้เพาะเลี้ยงเชื้อ mycobacteria ได้แก่เลือดและเสมหะจากผู้ป่วยที่ติดเชื้อเอชไอวีจำนวน 500 รายที่เข้ารับการรักษาด้วยอาการเป็นไข้ไม่ทราบสาเหตุเป็นเวลานานอย่างน้อยสองสัปดาห์หรือมีอาการแสดงออกคล้ายเป็นวัณโรคจากโรงพยาบาล 4 แห่งในจังหวัดเชียงใหม่ ตั้งแต่เดือนมิถุนายน 2543 ถึงเดือนเมษายน 2546 เชื้อ mycobacteria ที่พบจะทำการตรวจพิสูจน์โดยเทคนิค PCR-REA ตัวอย่างจากสิ่งแวดล้อมในบริเวณบ้านหรือบริเวณใกล้เคียงของผู้ป่วยที่ตรวจพบเชื้อ *M. avium* จะถูกเก็บมาตรวจหาเชื้อ *M. avium* ทุกสาย ผลการเพาะเลี้ยงเชื้อจากเลือดพบเชื้อ *M. avium* มากที่สุดคือพบ 46 isolates (9.2%) สำหรับในเสมหะพบเชื้อ *M. tuberculosis complex* ได้มากที่สุดคือ 23 ใน 182 ราย (12.6%) และพบเชื้อ *M. avium* ได้น้อยเพียง 8 ราย (4.4%) และปรากฏว่าตรวจไม่พบเชื้อ *M. avium* ในสิ่งแวดล้อมเลยจึงไม่อาจสรุปได้ว่าผู้ป่วยได้รับเชื้อจากสิ่งแวดล้อมใด จากการศึกษาด้าน DNA fingerprint ของเชื้อ *M. avium* ที่แยกได้จากผู้ป่วย 40 รายโดยใช้ IS1245 เป็น probe พบว่าเชื้อ *M. avium* จากผู้ป่วย 12 ราย (30%) ตรวจไม่พบ IS1245 ที่เหลืออีก 28 รายตรวจพบ IS1245 ได้ตั้งแต่ 2-31 copies (เฉลี่ย 13 copies) จากการศึกษานี้พบว่ามีความหลากหลายของ RFLP pattern มาก (82.1% diversity) แสดงให้เห็นว่าผู้ป่วยน่าจะได้รับเชื้อจากสิ่งแวดล้อมแตกต่างกันมากกว่าจากการระบาดของเชื้อสายพันธุ์ใดสายพันธุ์หนึ่งโดยเฉพาะ

คำหลัก: *Mycobacterium avium*, Polymerase chain reaction – restriction enzyme analysis

Restriction fragment length polymorphism, DNA fingerprint, IS1245.

Abstract

Project Code: RDG3/26/2543

Project Title: Molecular epidemiology of *Mycobacterium avium* in HIV infected patients

Investigators: Punjaisee S.¹, Deesomchok A.², Aksorn P.³, Kantanigorn T.⁴, Kowatcharakul W.⁵, Kunyanone N.⁶

¹Faculty of Associated Medical Sciences, Chiangmai University, ²Faculty of Medicine, Chiangmai University, ³Sanpatong Hospital, Chiangmai Province, ⁴Nakornping Hospital, Chiangmai Province, ⁵Sansai Hospital, Chiangmai Province, ⁶Chiangrai Prachanukraw Central Hospital, Chiangrai Province.

email address: asispnjs@chiangmai.ac.th

Project Duration: June 2000 – April 2003

The aims of this study are for knowing the rate of *Mycobacterium avium* infection, epidemic strains in HIV infected patients, and the source of infection from the environments. The study was performed by culturing the mycobacteria from blood and sputum from 500 HIV infected patients that were admitted with the symptom of fever of unknown origin for at least 2 weeks or with the clinical symptom similar to tuberculosis at 4 hospitals in Chiangmai province, during June 2000 to April 2003. The mycobacteria were identified by PCR-REA technique. The environmental samples around the houses of the patients who were infected with *M. avium* were collected and cultured for *M. avium*. The results showed that *M. avium* were detected most from blood culture as 46 isolates (9.2%) where as *M. tuberculosis* complex were detected most in sputum as 23 isolates from 182 patients (12.6%), *M. avium* were detected only 8 isolates (4.4%). The results of environmental culturing of *M. avium* showed negative detection, so, it still can't be concluded what is the origin of the infection. The DNA fingerprints of *M. avium* isolated from 40 patients were studied by using IS1245 as the probe. The results showed that *M. avium* isolated from 12 patients (30%) didn't harbour IS1245. IS1245 were found in the isolates from 28 patients ranging from 2-31 copies (average 13 copies). This study showed that with the high diversity (82.1%) of the RFLP pattern, it was more likely that the patients were infected with various strains of *M. avium* from the environments than from one specific strain.

Keywords: *Mycobacterium avium*, Polymerase chain reaction - restriction enzyme analysis, Restriction fragment length polymorphism, DNA fingerprint, IS1245.