

บทคัดย่อ

สัญญาเลขที่ RSA5680031

โครงการวิจัย ระบาดวิทยาและการจำแนกสายพันธุ์ระดับโมเลกุลของเชื้อไวรัสอุบัติใหม่ในประเทศไทยตั้งแต่ปี 2012-2013

ผู้วิจัยหลัก รองศาสตราจารย์ ดร.สัญญา พยุงบวร

อีเมลล์ sp.medbiochemcu@gmail.com

ระยะเวลา 3 ปี (พ.ศ. 2556-2559)

โรคติดเชื้อในระบบทางเดินหายใจ เป็นสาเหตุหลักที่ทำให้เกิดอาการเจ็บป่วย และเสียชีวิต โดยมีสาเหตุหลักมาจากการติดเชื้อไวรัส ซึ่งไวรัสที่ก่อโรคติดเชื้อในระบบทางเดินหายใจในมนุษย์ มีหลายชนิด ได้แก่ influenza viruses, parainfluenza viruses, respiratory syncytial viruses, rhinoviruses, adenoviruses, coronaviruses และ metapneumoviruses เป็นต้น ในงานวิจัยนี้มุ่งเน้นในการศึกษาการระบาดวิทยาและการจำแนกสายพันธุ์ระดับโมเลกุลของเชื้อไวรัส human polyomavirus (HPyV) และ human coronavirus (HCoV) จากผู้ป่วยติดเชื้อระบบทางเดินหายใจ ในประเทศไทย ตั้งแต่ปี ค.ศ. 2012-2013 โดยใช้เทคนิค semi-nested PCR และลำดับพันธุกรรม เพื่อใช้ในการจำแนกลักษณะทางพันธุกรรม จากผลการทดลองพบการติดเชื้อ WU polyomavirus (WUPyV) ประมาณ 0.16% ในขณะที่ไม่พบการติดเชื้อ human polyomavirus สายพันธุ์อื่นๆ เช่น KIPyV, HPyV9 และ MCPyV สำหรับการติดเชื้อ human coronavirus (HCoV) พบประมาณ 0.79% ซึ่งจำแนกได้เป็นสายพันธุ์ HCoV-HKU1 จำนวน 19 ตัวอย่าง (0.32%), HCoV-NL63 จำนวน 19 ตัวอย่าง (0.32%), HCoV-229E จำนวน 5 ตัวอย่าง (0.09%) และ HCoV-OC43 จำนวน 3 ตัวอย่าง (0.05%) ทั้งนี้ไม่พบการติดเชื้อ MERS-CoV โดยสรุปข้อมูลที่ได้จากการศึกษาทำให้ได้องค์ความรู้ในแง่ระบาดวิทยาและการจำแนกสายพันธุ์ของเชื้อไวรัส HPyV และ HCoV ในประเทศไทย ตั้งแต่ปี ค.ศ. 2012-2013 ซึ่งมีประโยชน์อย่างยิ่งในด้านระบาดวิทยาและการจำแนกสายพันธุ์ของเชื้อไวรัส รวมทั้งสามารถประยุกต์ใช้ในการควบคุมการระบาดและการพัฒนาวัคซีนในอนาคต

คำหลัก: Human coronavirus; human polyomavirus; ระบาดวิทยา; โรคติดเชื้อระบบทางเดินหายใจ

Abstract

Project Code: RSA5680031

Project Title: Prevalence and molecular characterization of emerging respiratory viruses in Thailand during 2012-2013

Investigator: Associate Professor Sunchai Payungporn, Ph.D.

E-mail Address: sp.medbiochemcu@gmail.com

Project Period: 3 years (2013-2016)

Acute respiratory diseases are a major cause of morbidity and mortality in humans and most acute respiratory infections are caused by viruses. The viruses associated with respiratory disease that are well documented in human populations include influenza viruses, parainfluenza viruses, respiratory syncytial viruses, rhinoviruses, adenoviruses, coronaviruses, and metapneumoviruses. This study focuses on the prevalence and genetic characterization of human polyomavirus (HPyV) and human coronavirus (HCoV) obtained from patients with respiratory diseases in Thailand during 2012-2013. HPyV and HCoV were detected by using semi-nested PCR and then characterized by multiple sequences alignment and phylogenetic tree. The result revealed that 0.16% was positive for WU polyomavirus (WUPyV) whereas KIPyV, HPyV9 and MCPyV were not detected in this study. HCoV infection was found in 46 (0.79%) of the total samples: 19 (0.32%) for HCoV-HKU1, 19 (0.32%) for HCoV-NL63, 5 (0.09%) for HCoV-229E, and 3 (0.05%) for HCoV-OC43. None of the sample tested positive for MERS-CoV. In conclusion, data obtained from this study provides the HPyV and HCoV infection rate in a Thai cohort during 2012-2013 which might be useful in terms of epidemiology and genetic characterization of HPyV and HCoV for disease prevention and vaccine development in the future.

Keywords: Human coronavirus; human polyomavirus; epidemiology; respiratory tract infection (RTI)