

บทคัดย่อ

วัตถุประสงค์ 1. เพื่อศึกษาลักษณะพันธุกรรมของ HIV-1 ในประชากรที่เตรียมสำหรับการศึกษาวัคซีนเอดส์ชนิด prime-boost ในประเทศไทย และ 2. เพื่อสร้างวิธีใหม่สำหรับศึกษาพันธุกรรมของ HIV-1

วิธีทดลอง เก็บตัวอย่างเลือดจากผู้ติดเชื้อ HIV-1 จากคลินิกวางแผนครอบครัวของจังหวัดระยอง และกลุ่มชุมชนศึกษาของจังหวัดชลบุรี เก็บระหว่างปี ค.ศ.1998 ถึง 2001 นำมาศึกษาลักษณะพันธุกรรมของเชื้อ HIV-1 ได้สร้างเทคนิคใหม่เรียกว่า Multiregion Hybridization Assay (MHA_{bce}) ใช้ตรวจสอบสายพันธุกรรมของเชื้อ HIV-1 โดยสามารถตรวจแยก CRF01_AE, subtype B, subtype C และสายพันธุ์ลูกผสม ได้นำ MHA_{bce} มาตรวจในผู้ติดเชื้อเก่า สุกท้ายผู้ติดเชื้อเก่าที่ตรวจด้วย MHA_{bce} แล้วพบว่าน่าสนใจและผู้ติดเชื้อใหม่จะได้รับการตรวจสอบสายพันธุกรรมของ HIV-1 ทั้งสาย (full genome sequences)

ผลการทดลอง ตัวอย่างเลือดจากผู้ติดเชื้อ HIV-1 เก่าจำนวน 194 รายได้รับการตรวจด้วย MHA_{bce} จำนวน 168 ราย พบว่าเป็น CRF01_AE 1 รายเป็น subtype B อีก 1 รายเป็นสายพันธุ์ลูกผสมระหว่าง CRF01 กับ subtype B นอกจากนี้ยังพบสายพันธุ์ลูกผสมของ CRF01 กับ subtype B จำนวน 2 รายและลูกผสมของ CRF01 กับ subtype C 1 รายในผู้ติดเชื้อเก่า

สรุป จากผลการศึกษาทำให้ทราบว่าลักษณะพันธุกรรมของ HIV-1 ที่จังหวัดระยองและจังหวัดชลบุรีระหว่างปี 1998 - 2001 มี CRF01_AE ร้อยละ 90, subtype B ร้อยละ 3 และลูกผสม/ติดเชื้อมากกว่าหนึ่งสายพันธุ์ร่วมกันร้อยละ 7 การศึกษานี้ทำให้ทราบพันธุกรรมของ HIV-1 ในกลุ่มประชากรที่เตรียมไว้สำหรับวัคซีนเอดส์ชนิด prime – boost ระยะที่ 3 ที่กำลังศึกษาอยู่ ข้อมูลเหล่านี้จะมีประโยชน์ในการแปลผลและวิเคราะห์ผลของการฉีดวัคซีนต่อไป

ข้อเสนอแนะสำหรับงานวิจัยในอนาคต

1. การตรวจสอบสายพันธุกรรมทั้งสายของ HIV-1 เป็นวิธีมาตรฐานในการศึกษาพันธุกรรมของ HIV-1 แต่ราคาแพงมาก ใช้เวลานาน และใช้เทคโนโลยีสูง ไม่สามารถนำมาใช้ตรวจทั่วไป วิธีใหม่ที่พัฒนาขึ้นมาคือ MHA_{bce} จะช่วยในการศึกษาพันธุกรรมของ HIV-1 โดยแก้ไขข้อเสียดังกล่าว อย่างไรก็ตามเทคนิคนี้ต้องคอยหมั่นตรวจสอบความไว ความจำเพาะของ primers และ probes ที่ใช้
2. เทคนิค MHA_{bce} สามารถนำไปใช้ศึกษาในกลุ่มประชากรอื่นๆ ที่น่าสนใจเพื่อให้ทราบระบาดวิทยาที่ถูกต้องของ HIV-1 ในประเทศไทย

คำหลัก HIV-1 subtypes Rayong Chon-Buri Thailand

ABSTRACT

Objectives: 1) To characterize HIV-1 genotypes in candidate populations for a prime-boost phase III vaccine trial in Thailand. 2) To develop a new Multiregion Hybridization Assay, MHAbce, capable of distinguishing HIV-1 CRF01_AE, subtype B, and subtype C and their recombinants.

Methods: Specimens from prevalent and incident HIV-1 infections from Rayong and Chon Buri Provinces, collected during 1998-2001, were genotyped. MHAbce was developed and applied to prevalent infections. Most incident and selected prevalent infections were studied by full genome sequencing.

Results: By MHAbce, 168 of 194 prevalent infections were genotyped. 90.5% were CRF01_AE, 2.4% were subtype B, and 7.2% showed discordant or dual probe reactivity, indicative of recombination or dual infection, respectively. Among 23 incident infections, 20 were sequenced. Eighteen CRF01_AE, one subtype B, and one CRF01/B recombinant strains were seen. Two CRF01/B and one CRF01/C recombinants were identified among selected prevalent infections.

Conclusion: These results indicate that incident and prevalent HIV-1 infections in Rayong and Chon Buri during 1998-2001 were 90% CRF01_AE, 3% subtype B, and 7% either recombinant or dual. This study frames the genetic diversity of HIV-1 in these cohorts in their preparatory phase for the ongoing prime-boost, phase III HIV vaccine trial and will provide a benchmark for interpretation and analysis.

Suggestion for further study: 1) Full genome sequences is a gold standard method for studying HIV-1 genetic, but it is an expensive, labored, and sophisticate method. It cannot be widely used. The new developed assay, MHAbce, overcomes these limitations, however it requires regular check for the precision of the primers and probes. 2) We encourage of the use of MHAbce in other groups of population in order to gather the precise epidemiology of HIV-1 in Thailand.

Keywords: HIV-1 Subtypes Rayong Chon-Buri Thailand