

บทคัดย่อ

229467

ปัจจุบันอุบัติการณ์ของเชื้อไวรัสตับอักเสบ เอ บี และซี ในประเทศเพื่อนบ้าน พม่า กัมพูชา และลาว ยังมีข้อมูลน้อยมากหรือมีไม่เพียงพอ โดยเฉพาะในแนวลึก งานวิจัยนี้มีจุดประสงค์หาความชุก และจีโนไทป์ของเชื้อไวรัสตับอักเสบ เอ บี และซี ของแรงงานต่างด้าวในประเทศไทย ตรวจสอบ mutation ของไวรัสในบริเวณส่วนของยีนที่สนใจ เพื่อเป็นแนวทางในการบอกวิวัฒนาการและเป็นข้อมูลพื้นฐานที่จะใช้ในการป้องกันโรคให้กับคนไทยในอนาคต

ไวรัสตับอักเสบ เอ: ตัวอย่างชาวต่างด้าวทั้งหมด 1,183 คน (394 คน, 394 คน และ 395 คน จากชาวพม่า กัมพูชา และลาวตามลำดับ) เป็นเพศชาย 594 คน เพศหญิง 589 คน อายุโดยเฉลี่ย 28.1 ปี (ค่าความแปรปรวนมาตรฐานเท่ากับ 9 ปี) จากการตรวจ Anti-HAV ด้วยวิธี ELISA พบความชุก 85.6% ในผู้ป่วยชาวลาว และประมาณ 100% ในผู้ป่วยชาวพม่าและกัมพูชา

ไวรัสตับอักเสบ บี: ตัวอย่างนำเหลือจากชาวพม่า กัมพูชา และลาว จำนวน 1,103 คน, 1,119 คน และ 787 คน ตามลำดับ พบความชุกของ HBsAg 9.7%, 10.8% และ 6.9% ในแรงงานชาวพม่า กัมพูชา และลาว ตามลำดับ ตัวอย่างที่ให้ผลบวกของ HBsAg ทั้งหมด 282 ตัวอย่าง ตรวจพบสารพันธุกรรมของไวรัสจำนวน 224 ตัวอย่าง (9.4%) โดยจำแนกออกเป็นจีโนไทป์ C (86%, 99% จำแนกเป็นจีโนไทป์ย่อย C1) และจีโนไทป์ B (11.6%, 30.8% จำแนกเป็นจีโนไทป์ย่อย B2, 34.6% จำแนกเป็นจีโนไทป์ย่อย B3 และ 30.8% จำแนกเป็นจีโนไทป์ย่อย B4) 18% ของตัวอย่างที่ให้ผลบวกของดีเอ็นเอไวรัส พบ point mutation ในบริเวณ “a” determinant หลายจุด โดยการกลายพันธุ์ที่พบมากเป็นแบบ Ile126/Ser/Asn จากการวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของไวรัสทั้งหมดพบ 19.1% เป็น pre-s mutation 7.7% เป็น pre-s start deletion 3.8% เป็น pre-s start codon mutation 3.3% เป็น pre-s start codon deletion/mutation

ไวรัสตับอักเสบ ซี: ชาวต่างด้าวอายุตั้งแต่ 15-60 ปี จากชาวพม่า กัมพูชา และลาว จำนวน 1,594 คน, 143 คน และ 882 คน ตามลำดับ พบความชุกของ Anti-HCV ในแรงงานชาวพม่า 1.7%, กัมพูชา 2.3% และลาว 0.8% ในจำนวนตัวอย่างที่ให้ผลบวกของ Anti-HCV ตรวจพบพบสารพันธุกรรมของไวรัสในชาวพม่าจำนวน 15 คน กัมพูชา 25 คน และลาว 1 คน ในตัวอย่างที่ให้ผลบวกทั้งหมดถูกนำไปวิเคราะห์รหัสสารพันธุกรรม และจัดจำแนกจีโนไทป์เรียงตามลำดับความชุกที่พบได้ดังนี้ จีโนไทป์ 1a, 1b, 3a, 3b และ 6 (6e, 6f, 6m, 6p และ 6n)

กลุ่มผู้ใช้แรงงานชาวต่างด้าวจากพม่า กัมพูชา และลาว พบความชุกของไวรัสตับอักเสบ เอ ในอัตราสูงมาก ความชุกของไวรัสตับอักเสบ บี ในอัตราค่อนข้างสูง โดยพบจีโนไทป์ C1 มากที่สุด และพบความหลากหลายจากการกลายพันธุ์ของไวรัสตับอักเสบ บี หลายชนิด และพบความชุกของไวรัสตับอักเสบ ซี ในอัตรากว้างและต่ำกว่าประเทศไทย รวมทั้ง พบความหลากหลายของไวรัสตับอักเสบ ซี จีโนไทป์ 6 ทั้งที่พบได้ในประเทศไทย และไม่พบในประเทศไทยหลายชนิด งานวิจัยนี้อาจสะท้อนให้เห็นแนวโน้ม

229467

ของการติดเชื้อไวรัสทั้งสามชนิดในประชากรปกติของประเทศพม่า กัมพูชา และลาว รวมทั้งชาวไทยควร
ได้รับวัคซีนป้องกันไวรัสตับอักเสบบี เอ และซี ก่อนเดินทางไปยังประเทศดังกล่าวด้วย

Abstract

229468

Little is known on the epidemiology of Hepatitis A virus, Hepatitis B virus and Hepatitis C virus in neighboring countries such as Myanmar, Cambodia and Laos. The data on anti-HAV, HBsAg and anti-HCC seroprevalence among subjects from Laos, Cambodia and Myanmar are limited. Therefore, this study has been aimed at exploring the seroepidemiology, molecular characterization and genetics variability of these hepatitis viruses among these migrant workers in Thailand. Data from this study may directly reflect on the seroepidemiology within those countries and thus be useful for planning a preventive strategy.

HAV: Overall, 1,183 subjects (394, 394, and 395 from Myanmar, Cambodia and Laos, respectively) were investigated for anti-HAV seroprevalence by ELISA. They comprised 594 males and 589 females. The mean age \pm standard deviation was 28.1 \pm 9.0 years. The seroprevalences of anti-HAV varied from 85.6% in Laos workers to almost 100% in those from Myanmar and Cambodia.

HBV: Sera collected from 1,119 Cambodian, 787 Laotian and 1,103 Myanmar workers were tested for HBsAg. HBV DNA was amplified and the preS/S region was sequenced for genotyping and genetic mutation analysis. HBsAg was detected in 282 (9.4%). The prevalence of HBsAg among migrant workers from Cambodia, Laos and Myanmar was 10.8%, 6.9% and 9.7%, respectively. Of 224 subjects positive for HBV DNA, 86% were classified as genotype C (99% were sub-genotype C1) and 11.6% were genotype B (30.8%, 34.6% and 30.8% were sub-genotypes B2, B3 and B4, respectively). Various point mutations in the 'a' determinant region were detected in approximately 18% of these samples, of which Ile126Ser/Asn was the most frequent variant. Sequencing analysis showed that 19.1% of samples had pre-S mutations, with pre-S2 deletion as the most common mutant (7.7%) followed by pre-S2 start codon mutation (3.8%) and both pre-S2 deletion and start codon mutation (3.3%).

HCV: Immigrants aged between 15 and 60 years (143 Cambodians, 1,594 Myanmar and 882 Laotians) were recruited to investigate hepatitis C virus infection. The prevalence of HCV infection in immigrant workers from Cambodia, Myanmar and Laos was 33 (2.3%) and 27 (1.7%) and 7 (0.8%) samples, respectively. Of the anti-HCV positive individuals, 25 samples from Cambodia, 15 samples from Myanmar and 1 sample from Laos harbored viral RNA. Phylogenetic analysis showed that the predominant HCV genotypes in this group were 1a, 1b, 3a, 3b and 6 (6e, 6f, 6m, 6p and 6r).

Seroprevalence of HAV among immigrant workers was extremely high. High prevalence of HBV infection (approximately 7-11%) was found among migrant workers from Cambodia, Laos and Myanmar. Our data also demonstrated that HBV sub-genotype C1 was the predominant strain and various naturally occurring mutations of HBV were not uncommon among these populations. HCV seroprevalence among

these groups was closely related to those in Thailand. Most HCV isolates can be found in Thailand, though some subtypes of HCV-6 are uncommon. Travelers from countries with low prevalence will require HAV and HBV immunization prior to entering these neighboring countries since hepatitis A and B epidemics might occur as a consequence of travelers returning from HAV and HBV endemic countries.