บทคัดย่อ

190661

เป็นที่ยอมรับอย่างกว้างขวางแล้วว่าเชื้อ nontypeable *Haemophilus influenzae* (NTHi) เป็นเชื้อก่อโรคที่สำคัญในทางเดินหายใจของคน โดยก่อให้เกิดโรคได้ทั้งในเด็กและผู้ใหญ่ทั่วโลก เชื้อ nontypeable *H. influenzae* นี้เป็นสาเหตสำคัญของโรคหูชั้นกลางอักเสบในเด็ก โรคปอดบวมในผู้ใหญ่ โรคไซนัสอักเสบในเด็กและผู้ใหญ่ และโรคติดเชื้อในทางเดินหายใจส่วนล่างในผู้ป่วยที่เป็นโรคปอดอุดกั้นเรื้อรัง เนื่องจากข้อมูลการติดเชื้อของ NTHi ในประเทศไทยยังมีไม่มากนัก โครงการวิจัยนี้จึงมุ่งศึกษาถึงความชุกและคุณสมบัติของเชื้อ NTHi ที่แยกได้จากผู้ป่วยไทย โดยทำการเก็บตัวอย่างจากสิ่งส่งตรวจของผู้ป่วยที่เข้ารับการรักษาที่โรงพยาบาลพุทธชินราช จังหวัดพิษณุโลก ตั้งแต่วันที่ 1 กรกฎาคม 2548 ถึงวันที่ 31 สิงหาคม 2549 โดยอาศัยเทคนิค PCR-serotyping จากเชื้อ *H. influenzae* 102 isolate พบว่าเป็นเชื้อ NTHi จำนวน 94 (92.16%) isolate และส่วนใหญ่ของเชื้อ NTHi แยกได้จากเสมหะของผู้ป่วย เป็นที่น่าสนใจว่าเชื้อ NTHi ที่ตรวจพบจำนวนหนึ่งมาจากสิ่งส่งตรวจที่เป็นเลือดของผู้ป่วย invasive infection และจำนวนที่ตรวจพบนี้ใกล้เคียงกันกับเชื้อ *H. influenzae* serotype b เชื้อ NTHi ในการศึกษานี้แยกได้จากผู้ป่วยทุกวัย (อายุ 1 ถึง 105 ปี) โดยพบการติดเชื้อในอัตราที่สูงในผู้ป่วยอายุตั้งแต่ 46 ปีขึ้นไป การศึกษา biotype ของเชื้อ NTHi ที่แยกได้พบว่าเป็น biotype III 63.83% รองลงมาเป็น biotype II (7.45%), VIII (7.45%), I (6.38%), V (6.38%), IV (5.32%) และ VI (3.19%) ตามลำดับ และ 37 (37.23%) จาก 94 NTHi strains พบว่าดื้อต่อยา ampicillin และ 16 strains (17.02%) ดื้อต่อยา chloramphenicol นอกจากนี้พบการดื้อต่อทั้งยา ampicillin และ chloramphenicol จำนวน 16 (17.02%) isolate เชื้อ NTHi ที่แยกได้สามารถสร้างเอนไซม์ β-lactamase โดยคิดเป็นร้อยละ 37.23 ของ NTHi isolate ทั้งหมด และเชื้อที่สร้างเอนไซม์ β-lactamase ทุก isolate จะดื้อต่อยา ampicillin เชื้อ NTHi ทั้งหมดยังคงมีความไวต่อยา cefotaxime และ ofloxacin จากการศึกษารูปแบบของ outer membrane proteins (OMPs) ของเชื้อ NTHi สายพันธุ์ไทยที่แยกได้ โดยเทคนิค SDS-PAGE พบว่ามีความหลากหลายมากในการแสดงออกของ OMPs และจากการทำ Pulsed-field gel electrophoresis (PFGE) ของเชื้อเหล่านี้พบความแตกต่างของ PFGE pattern มากถึง 46 (83.63%) pattern จากจำนวน 55 NTHi isolate ที่นำมาศึกษา ซึ่งชี้ให้เห็นถึงความแตกต่างทางพันธุกรรมของเชื้อ NTHi สายพันธุ์ที่แยกได้จากผู้ป่วยไทยเป็นอย่างมาก ถึงแม้ว่าการบ่งชี้ถึงการระบาดของเชื้อ NTHi ในประเทศไทยยังต้องอาศัยจำนวนตัวอย่างมากกว่านี้ ผลการศึกษาที่ได้รับครั้งนี้แสดงให้เห็นถึงความชุก ความหลากหลายทางฟีโนทัยป์และจีโนทัยป์ของเชื้อ NTHi ในผู้ป่วยไทยที่แยกได้จากโรงพยาบาลแห่งหนึ่งในเขตภาคเหนือตอนล่าง จึงสมควรอย่างยิ่งที่จะตระหนักถึงความสำคัญ และบทบาทของ NTHi ในฐานะเชื้อก่อโรคในผู้ป่วยไทย

Abstract

190661

Nontypeable *Haemophilus influenzae* (NTHi) has become a significant human pathogen causing mild to severe respiratory illnesses worldwide. The pathogen is associated with a wide variety of diseases including otitis media in infants and children, pneumonia in adults, sinusitis in children and adults, and lower respiratory tract infection in adults with chronic obstructive pulmonary disease. There has been limited data concerning NTHi infections in Thailand. This study thus carried out to determine the prevalence of, and to characterize the clinical NTHi isolates among Thai patients. One hundred and two strains of *H. influenzae* isolated from patients at a Buddhachinaraj Hospital, Phitsanulok during July, 2005 to August, 2006 were serotyped by PCR. Of 102 isolates, 94 (92.16%) were identified as non(sero)typeable. Most of these NTHi isolates were from sputum. Interestingly, a comparative number of NTHi and *H. influenzae* serotype b isolates was observed among patiants with invasive infections. The NTHi population in this study were from patients at all ages (1 year to 105 years), with most of the infections found in patients aged 46 years or over. Biotype analysis showed that the majority (91.67%) of NTHi strains were biotype iii. The rest belonged to biotype II (7.45%), VIII (7.45%), followed by biotypes I (6.38%), V (6.38%), IV (5.32%) and VI (3.19%). Thirty-seven (37.23%) out of 94 NTHi strains were resistant to ampicillin, and 16 strains (17.02%) to chloramphenicol. Resistance to both ampicillin and chloramphenicol was present in 16 (17.02%) of NTHi strains. β-lactamase production was detected in 37.23% of isolates. All β-lactamase strains were resistant to ampicillin. However, all NTHi strains were found to be susceptible to cefotaxime and ofloxacin. SDS-PAGE analysis of outer membrane protein profiles showed a marked OMP patterns among Thai NTHi isolates. Pulsed-field gel electrophoresis (PFGE) analysis revealed 46 (83.63%) pattern of NTHi 55 isolates studied, suggesting the genetic heterogeneity among Thai NTHi strains. Although additional clinical samples are required to define the burden of NTHi in Thailand, the results in this study suggest the high prevalence of NTHi infections among Thai patients, and that role(s) of NTHi as a significant pathogen should be assessed in Thailand.