

ชื่อเรื่อง	: ลักษณะทางพันธุกรรมของไวรัส Influenza A สายพันธุ์ H5N1 ที่แยกได้จาก <i>Tachybaptus ruficollis</i> (นกเป็ดน้ำเล็ก) ในประเทศไทย
ผู้วิจัย	: นายนิคม นาคสุพรรณ
ประธานที่ปรึกษา	: ดร.ดลฤดี สงวนเสริมศรี
กรรมการที่ปรึกษา	: นายสัตวแพทย์ ดร.พันธุ์ชนะ สงวนเสริมศรี : ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร.พรรณนิกา ฤตวิรุฬห์
ประเภทสารนิพนธ์	: วิทยานิพนธ์ วท.ม.(จุลชีววิทยา) มหาวิทยาลัยนครสวรรค์, 2549

บทคัดย่อ

วัตถุประสงค์ของการศึกษานี้ เพื่อวิเคราะห์ข้อมูลลำดับพันธุกรรมทั้งหมดของไวรัสไข้หวัดนก A/little grebe/Thailand/Phichit-01/2004 (H5N1) ที่แยกได้จากนกเป็ดน้ำเล็กในประเทศไทย เปรียบเทียบกับไวรัสสายพันธุ์อื่นที่แยกได้จากสัตว์ปีกในประเทศไทย

เช่นเดียวกับไวรัสไข้หวัดนกที่พบในประเทศไทย A/little grebe/Thailand/Phichit-01/2004 (H5N1) ถูกจัดอยู่ในจีโนไทป์ Z ตามลักษณะที่มีการขาดหายของกรดอะมิโน 20 ตัวใน neuraminidase และกรดอะมิโน 5 ตัวใน non-structural protein นอกจากนี้ยังพบลักษณะที่บ่งบอกความเป็นไวรัสแบบรุนแรงจากลำดับ polybasic amino acid ใน cleavage site ของ HA0 และบ่งบอกความต้านทานต่อยาต้านไวรัส amantadine จากการเปลี่ยนแปลงของกรดอะมิโน ลำดับที่ 31 ในโปรตีน M2 (serine เป็น asparagine) จากการศึกษาครั้งนี้พบว่า เมื่อเปรียบเทียบร้อยละของความเหมือนจากสายพันธุกรรมทั้งแปดเส้น ซึ่งประกอบไปด้วย PB2, PB1, PA, HA, NP, NA, M, และ NS มีค่าเป็น 99.0-99.8 (99.4-99.7), 99.0-99.8 (98.0-99.4), 99.8-99.9 (99.5-99.7), 99.8-99.9 (99.8-99.5), 99.7-99.9 (99.0-99.8), 99.7-99.9 (98.6-99.7), 99.7-100 (99.5-100, 99.8-100), and 99.7-99.9 (98.9-99.2, 99.2-100) สำหรับนิวคลีโอไทด์ (และโปรตีน) ตามลำดับ จากการวิเคราะห์ความสัมพันธ์เชิงวิวัฒนาการของไวรัส A/Little grebe/Thailand/Phichit-01/2004 (H5N1) พบว่ามีความสัมพันธ์ใกล้ชิดกับไวรัส influenza ที่มีการระบาดในสัตว์ปีกเศรษฐกิจ และจากคน ในประเทศไทย

ความคล้ายคลึงกันในระดับสูงของลำดับพันธุกรรม และจากความสัมพันธ์เชิงวิวัฒนาการ บ่งชี้ว่าไม่มีความแตกต่างของไวรัสจากสัตว์ปีกเศรษฐกิจ และนกน้ำที่แยกได้จากประเทศไทยในช่วงเวลาที่ทำการศึกษา ผลการศึกษาบ่งชี้ว่าแหล่งของไวรัสในนกเป็ดน้ำเล็กและสัตว์ปีกอื่นๆ ในประเทศไทยน่าจะมาจากต้นกำเนิดเดียวกัน

The purpose of the study is to analyze the whole genome sequences data of influenza A virus A/little grebe/Thailand/Phichit-01/2004 (H5N1) isolated from a little grebe in Thailand. The sequences were compared with other viruses isolated from avian species in the country.

As other avian influenza viruses found in Thailand, A/little grebe/Thailand/Phichit-01/2004 (H5N1) is categorized into the genotype Z according to its characteristics of 20 amino acids deletion in the neuraminidase and five amino acids deletion in the non-structural protein. The indicator for highly pathogenic trait of the virus is the present of polybasic amino acid sequence in the cleavage site of HA0. The feature of the resistant to an antiviral drug amantadine is found in the 31st amino acid position of M2 (serine to asparagine). Percentage of experimented nucleotide sequence (and predicted amino acid sequence) identity with other isolates for the eight genes PB2, PB1, PA, HA, NP, NA, M, and NS are 99.0-99.8 (99.4-99.7), 99.0-99.8 (98.0-99.4), 99.8-99.9 (99.5-99.7), 99.8-99.9 (99.8-99.5), 99.7-99.9 (99.0-99.8), 99.7-99.9 (98.6-99.7), 99.7-100 (99.5-100, 99.8-100), and 99.7-99.9 (98.9-99.2, 99.2-100), respectively. Phylogenic analyses revealed that the present Thai avian influenza virus; A/Little grebe/Thailand/Phichit-01/2004 (H5N1) was closely clustered with the chicken and human isolates recovered from Thailand.

The high degrees of similarity among the sequences and phylogenic tree indicate that there is no difference between the viruses isolated from poultry and aquatic birds in Thailand at the time of study. The results also suggest that the sources of viruses in a little grebe and others in Thailand might come from the same origin.