

เชื้อโรโนไวรัสเป็นเชื้อก่อโรคในระบบทางเดินหายใจที่พบได้ทั่วไป และเป็นเชื้อที่มีความหลากหลายทางสายพันธุ์มาก สามารถจัดจำแนกสายพันธุ์ด้วยวิธีทางชีวโมเลกุลได้ 3 สายพันธุ์ ได้แก่ HRV-A, HRV-B และ HRV-C ซึ่งเป็นสายพันธุ์ใหม่ และมีรายงานว่า การติดเชื้อ HRV-C ในระบบทางเดินหายใจอาจทำให้อาการของโรคมีความรุนแรงมากขึ้น และพัฒนาเป็นโรคเรื้อรังได้ งานวิจัยนี้จึงมีวัตถุประสงค์เพื่อศึกษาระบาดวิทยาของเชื้อ HRV ในประเทศไทย และวิเคราะห์ข้อมูลเชิงชีวโมเลกุลของ HRV แต่ละสายพันธุ์เปรียบเทียบกัน ผลการศึกษาที่ได้พบว่าจากจำนวนตัวอย่าง NP suction ทั้งสิ้น 289 ตัวอย่าง จากผู้ป่วย 286 ราย ตรวจพบเชื้อโรโนไวรัส 87 ตัวอย่าง มีค่าความชุกเท่ากับ 30% และพบว่า 5 ตัวอย่างจากผู้ป่วย 2 ราย มีการติดเชื้อ HRV ซ้ำซ้อน ร่วมกับเชื้อชนิดอื่น โดยจากตัวอย่างที่ให้ผลบวกทั้งหมด พบว่า HRV-C เป็นสายพันธุ์ที่มีการระบาดมากในประเทศไทย คิดเป็น 58% ผู้ป่วยส่วนใหญ่ที่ติดเชื้อโรโนไวรัสสายพันธุ์นี้แสดงอาการหลอดลมตีบ มากกว่าอาการอื่นๆ อย่างมีนัยสำคัญ ซึ่งเป็นอาการเริ่มแรกของโรคหืด ผลจากการวิเคราะห์ข้อมูลในส่วน coding sequence ของ HRV พบว่า CU211 เป็น strain ที่พบ recombination ภายในส่วน structural gene และผลการวิเคราะห์ข้อมูลในระดับ polyprotein ของ CU072 แสดงให้เห็นถึงความแตกต่างจาก strain อื่นๆ มาก สามารถสรุปได้ว่า CU072 จัดเป็น strain ใหม่ในสายพันธุ์ HRV-C และการเกิด recombination เป็นกระบวนการสำคัญต่อวิวัฒนาการของเชื้อไวรัส

Human rhinovirus (HRV) is one of the most common agents causing ARTI. HRV are divided by molecular analysis into 3 species (A, B and recently C). Several studies showed the association between HRV and asthma exacerbation. However, the epidemiology of the novel identified HRV-C amongst Asian pediatric patients with ARTI and its ability to trigger asthma exacerbation has been limited. Based on amplification of VP4/2 by semi-nested PCR, 87 of 289 samples obtained from 286 hospitalized pediatric patients during 2006 and 2007 were positive for HRV indicating an annual prevalence of 30%. Most of all HRV positive specimens were belonged to HRV-C (58%) and showed seasonality pattern in fall and winter in Thailand ($p < 0.05$). Wheezing or asthma exacerbation was the most common clinical presentation. Co-infection between HRV and RSV had higher risk of wheezing and asthma than single infection. Comparative analysis of the complete coding sequence of the field strains suggested that CU211 showed apparent additional recombination event in structural region. Moreover, different in overall polyprotein defined CU072 as a novel HRV-C strain. This study clarifies the diversity and explains the recombination events could represent a driving force for the HRV evolution in their natural environment.