210685

ศึกษาการติดเชื้อไวรัสไข้สมองอักเสบ Japanese encephalitis (เจอี) ในตัวอย่างยุงจากฟาร์มสุกร แหล่งนกธรรมชาติ และแหล่งชุมชน ในเขตจังหวัดนครสวรรค์โดยทำการเก็บตัวอย่างจากฟาร์มสุกร จำนวน 100 pools จากแหล่งนกธรรมชาติ จำนวน 100 pools และจากแหล่งชุมชน จำนวน 24 pools (pool ละไม่เกิน 50 ตัว) ตรวจหาไวรัสเจอีโดยตรงด้วยวิธี reverse transcriptase polymerase chain reaction (RT-PCR) ซึ่งตรวจพบเชื้อในตัวอย่างยุงจำนวน 1 ตัวอย่าง จากยุงในกลุ่ม *Culex vishnui* subgroup ที่ทำการเก็บตัวอย่างจากแหล่งนกธรรมชาติเท่านั้น เมื่อนำตัวอย่างยุงที่ให้ผลลบด้วยวิธี RT-PCR มาทดสอบต่อด้วยการแยกเชื้อในเซลล์เพาะเลี้ยงยุง C6/36 และเซลล์เพาะเลี้ยง vero cells และพิสูจน์เชื้อโดยวิธี immunocytochemistry staining ผลการทดสอบพบว่าให้ผลบวกจากแหล่งชุมชน แหล่งนก และฟาร์มสุกร เป็น 5/17, 5/37 และ 4/26 pools (pool ละไม่เกิน 250 ตัว) ตามลำดับจากยุง *Culex spp. และ Mansonia spp.* ในแหล่งชุมชน จากยุง *Mansonia spp.* ในแหล่งนก และจากยุง *Culex spp.* ในฟาร์มสุกร จากการศึกษาระดับภูมิคุ้มกันต่อเชื้อไวรัสไข้สมองอักเสบเจอีในตัวอย่างซีรั่มลูกสุกรยืนยันได้ว่าฟาร์มสุกรที่ทำการศึกษามี หลักฐานการติดเชื้อไวรัสเจอี

การติดเชื้อไวรัสเจอีในยุงจากแหล่งชุมชน แหล่งนก และฟาร์มสุกรพบจำนวนของยุง *Culex* spp. สูงสุด โดยเฉพาะอย่างยิ่ง *Culex visnui* subgroup ที่พบว่าเป็นพาหะหลักในการนำเชื้อไวรัสเจอี จากแหล่งที่เกี่ยวข้องจากวงจร เชื้อไวรัสเจอีทั้งสามแหล่งการศึกษา รองลงมาคือ *Mansonia* spp., *Anopheles* spp. และ *Armigeres* spp. นอกจากนั้นยังสามารถตรวจพบเชื้อไวรัสเจอีได้จากยุง *Culex* spp. และ *Mansonia* spp. ในแหล่งชุมชน จากยุง *Mansonia* spp. ในแหล่งนกธรรมชาติ และจากยุง *Culex* spp. ในฟาร์มสุกร ในช่วงเดือนที่ทำการศึกษา และสามารถตรวจพบเชื้อไวรัสเจอีในยุงจากช่วงเดือนต่างๆทั้งก่อน และ/หรือ ระหว่าง ฤดูฝน จากแหล่งต่างๆที่เกี่ยวข้องกับวงจรไวรัสเจอี

210685

Japanese Encephalitis virus (JEV) infection was investigated in mosquitoes collected from pig farms, bird colony, and human community in Nakornsawan province. A hundred pools of mosquitoes collected from pig farms, 100 pools collected from bird colony area and 24 pools collected from human community area were tested for JEV by using Reverse Transcriptase Polymerase Chain Reaction (RT-PCR) ($\leq$ 50 mosquitoes per pool). Only one pool of *Culex vishnui* subgroup collected from the bird colony was positive for JEV. Negative samples were pooled ($\leq$ 250 same mosquitoes species collected from the same place at the same time) and were further tested by virus isolation and identification. Virus isolation were performed by using mosquito cell line (C6/36) with secondary passage in African green monkey kidney cell line (Vero cells). Specific virus antigen was identified by immunocytochemistry staining with JEV-specific monoclonal antibody. We identified five (5/17), five (5/37) and four (4/26) positive pools from human community, bird colony and pig farms, respectively. It appeared that *Culex* spp. and *Mansonia* spp. pools collected from the human community, *Mansonia* spp. collected from the bird colony and *Culex* spp. collected from pig farms were the species of mosquitoes with positive results for JEV. In addition, the JE seroprevalence by haemagglutination inhibition test was confirmed among the swine farms studied.

In conclusion, the most collected mosquitoe species from the 3 study areas were *Culex* spp. particularly *Culex vishnui* subgroup which is known as the main vector of JEV. The positive mosquito samples found in this study were *Culex* spp. and *Mansonia* spp. from human community, *Mansonia* spp. from bird colony area and *Culex* spp. from pig farms. These positive mosquito samples were collected before and/or between Thailand's rainy season.