

การศึกษาครั้งนี้มีวัตถุประสงค์เพื่อตรวจติดตามและศึกษาลักษณะพันธุศาสตร์ของเชื้อไข้หวัดนกสายพันธุ์ H5N1 จากสัตว์ปีกในตลาดค้าสัตว์ปีกมีชีวิตและตลาดสดในกรุงเทพมหานคร และจังหวัดใกล้เคียง ระหว่างเดือนสิงหาคม พ.ศ. 2549-กรกฎาคม พ.ศ. 2550 โดยเก็บตัวอย่างจำนวน 836 ตัวอย่าง แบ่งเป็นตัวอย่างจากสัตว์ปีกมีชีวิตจำนวน 354 ตัวอย่าง และเนื้อสัตว์ปีกจำนวน 482 ตัวอย่าง จากนั้นนำตัวอย่างทั้งหมดมาเพาะแยกเชื้อไข้หวัดนกสายพันธุ์ H5N1 ด้วยวิธีการฉีดเข้าไขไก่ฟัก และตรวจพิสูจน์ด้วยวิธี hemagglutination test (HA) และ multiplex RT-PCR จากนั้นศึกษาลักษณะทางพันธุศาสตร์ด้วยวิธีการถอดรหัสพันธุกรรมของยีน hemagglutinin (H5) และ neuraminidase (N1) วิเคราะห์รหัสพันธุกรรมด้วยวิธี phylogenetic analysis และวิเคราะห์การเปลี่ยนแปลงของกรดอะมิโนในตำแหน่งต่างๆ ที่มีความสำคัญบนยีน H5 และ N1 ผลการศึกษาพบอุบัติการณ์ของเชื้อไข้หวัดนกสายพันธุ์ H5N1 คิดเป็น 1.4 เปอร์เซ็นต์ (12/836) โดยเชื้อไข้หวัดนกที่พบเป็นเชื้อไข้หวัดนกชนิดก่อโรครุนแรง (Highly Pathogenic Avian Influenza; HPAI) ซึ่งพบการเรียงตัวของกรดอะมิโนชนิดเบสหลายตัวที่ HA cleavage site และการลดจำนวนของกรดอะมิโน 20 ตัว ที่ NA stalk region รวมถึงไม่พบการเปลี่ยนแปลงของกรดอะมิโนในตำแหน่งที่มีความสำคัญต่อการกลายพันธุ์ การศึกษาทาง phylogenetic analysis ของยีน H5 และ N1 พบว่าเชื้อไข้หวัดนกที่พบจัดอยู่ในกลุ่มเดียวกันกับเชื้อที่แยกได้ในประเทศไทยและประเทศเวียดนาม (genotype Z) ดังนั้นเชื้อไข้หวัดนกที่พบในตลาดค้าสัตว์ปีกมีชีวิตและตลาดสดมีความใกล้เคียงกับเชื้อไข้หวัดนกที่แยกได้ในประเทศไทยในปี พ.ศ. 2547-2548 การศึกษาครั้งนี้แสดงให้เห็นว่ามีการปนเปื้อนของเชื้อไข้หวัดนกในตลาดค้าสัตว์ปีกมีชีวิตและตลาดสด ดังนั้นการเฝ้าระวังโรคและลดความเสี่ยงของเชื้อไข้หวัดนกในตลาดค้าสัตว์ปีกมีชีวิตและตลาดสดจะช่วยควบคุมและป้องกันการติดเชื้อไข้หวัดนกสายพันธุ์ H5N1 ในคน

The aims of this study were to monitor and characterize Avian influenza virus (H5N1) in live bird and food markets in Bangkok and vicinity, Thailand, from August 2006 to July 2007. Eight hundreds and thirty six samples, including 354 live birds and 482 bird meats, were collected from the markets. H5N1 viruses were isolated, identified and characterized using embryonated egg inoculation, hemagglutination assay (HA), multiplex RT-PCR, nucleotide sequencing and phylogenetic analysis. The results revealed that the incidence of avian influenza virus (H5N1) was 1.4% (12/836). The viruses had common genetic characteristics of Highly Pathogenic Avian Influenza (HPAI), with multiple basic amino acids in the HA cleavage site and a 20-amino acid deletion on NA stalk region. No significant point mutations were identified in critical regions of HA and NA genes. Phylogenetic analysis of the HA and NA genes showed that the viruses clustered within the lineage of H5N1 avian isolates from Thailand and Vietnam (genotype Z). Therefore, H5N1 viruses circulating in live birds and bird meats were more genetically related to H5N1 viruses in 2004-2005 in Thailand. In summary, this study presented the evidence of HPAI contamination in live bird and food markets. Increased public awareness of the risks of H5N1 virus associated with live bird and food markets will help prevent and control H5N1 infection in humans.