

**ที่มา** เนื่องจากโรคติดเชื้อไวรัสเดงกีเป็นปัญหาที่สำคัญในประเทศไทย จากการตรวจสำรวจทางน้ำเหลืองวิทยาพบว่าประชากรผู้ใหญ่ไทยเกือบทั้งหมดเคยผ่านการติดเชื้อไวรัสเดงกีมาก่อนแล้ว โดยที่ส่วนใหญ่เป็นการติดเชื้อที่ไม่มีอาการ การติดเชื้อส่วนใหญ่ในผู้ใหญ่มักจะเป็นการติดเชื้อแบบทุติยภูมิและยังไม่มีการศึกษาที่แสดงให้เห็นว่าไวรัสเดงกีสามารถที่จะคงอยู่ภายหลังจากที่มีการติดเชื้อครั้งก่อน แต่มีการศึกษาไวรัสชนิดอื่นที่อยู่ในกลุ่มเดียวกัน ได้แก่ไวรัสตับอักเสบบี และไวรัสจีบีวี สามารถที่จะคงอยู่และมีการแบ่งตัวในผู้ที่เคยติดเชื้อนี้มาก่อนได้ เนื่องจากไวรัสเดงกีเป็นไวรัสที่มีความจำเพาะต่อการติดเชื้อในเซลล์เม็ดเลือดขาวกลุ่มโมโนไซต์และลิมโฟไซต์ คณะผู้ทำการศึกษาจึงสนใจที่จะตรวจหาไวรัสเดงกีในไขกระดูกของผู้ป่วยที่เคยมีการติดเชื้อไวรัสเดงกีในอดีตมาก่อน

**วิธีการศึกษา** ผู้วิจัยได้ทำการตรวจหาไวรัสเดงกีโดยใช้วิธีทางชีวโมเลกุล reverse transcription-polymerase chain reaction (RT-PCR) ในผู้ป่วยที่มารับการเจาะไขกระดูกที่โรงพยาบาลจุฬาลงกรณ์ โดยที่มีการถามประวัติเพื่อที่จะใช้เป็นข้อมูลเกี่ยวกับการติดเชื้อไวรัสเดงกีแบบมีอาการในอดีต และใช้การตรวจทางน้ำเหลืองวิทยา (HAI และ ELISA) เพื่อเป็นหลักฐานยืนยันการติดเชื้อไวรัสเดงกีในอดีต นอกจากนี้ได้มีการเก็บรวบรวมข้อมูลเกี่ยวกับการวินิจฉัยโรคของผู้ป่วยแต่ละราย

**ผลการศึกษา** จากจำนวนผู้ป่วยที่เข้าในการศึกษา 74 ราย สามารถตรวจพบ ไวรัสเดงกีในผู้ป่วย 3 ราย โดยที่ทั้งผู้ป่วยทั้ง 3 รายมีผลการตรวจ HAI และ ELISA เข้าได้กับการติดเชื้อไวรัสเดงกีในอดีต และทั้งสามรายมีผลการตรวจทางพยาธิวิทยาของไขกระดูกที่แสดงว่าอยู่ในช่วงที่โรคเลือดสงบ

**สรุปผลการศึกษา** สามารถที่จะตรวจพบไวรัสเดงกีในไขกระดูกของผู้ที่เคยติดเชื้อไวรัสเดงกีมาก่อนในอดีต ซึ่งการที่มีไวรัสเดงกีอยู่ในร่างกายหลังจากการติดเชื้อครั้งก่อนอาจจะมีผลต่อการเกิดโรคติดเชื้อเดงกีภายหลัง เนื่องจากที่ไวรัสที่อยู่ในไขกระดูกอาจจะมีการแบ่งตัว หรือเนื่องทำให้มีผลต่อความรุนแรงของการติดเชื้อซ้ำโดยไวรัสเดงกีซีโรไทป์อื่นๆ ต่อมา แต่อย่างไรก็ตามยังคงต้องมีการศึกษาเพิ่มเติมเพื่อให้ได้รายละเอียดเกี่ยวกับผลของไวรัสที่อยู่ในร่างกายต่อไป

**Background** Our country is considered endemic area for dengue virus infection. Serosurveillance indicates that almost native all adults have been infected, mostly asymptotically. A long-held mechanism for clinical severity involves sequential infections by different serotypes. Even though some of its peer flaviviruses are known to reside persistently within the host and contribute to host illnesses, dengue virus has not been shown to behave in a similar fashion. As dengue is a haematotropic virus, we sought to find evidence of its persistence in the bone marrow of previously-infected persons.

**Methods** We studied patients clinically suspected of haematologic malignancies and indicated to have diagnostic bone marrow studies. A fraction of cellular marrow was employed for RNA extraction for reverse transcription-polymerase chain reaction (RT-PCR) by dengue-specific primers. Serologic assessment by haemagglutination inhibition test (HI) and enzyme-linked immunosorbent assay (ELISA) was performed to minimise a chance of including patients with recent dengue infection. Demographic data of all patients were analysed, especially for the history of prior recent febrile illness and diagnosis of dengue infection.

**Results** Of 74 enrolled patients, dengue genome was detected in cellular marrow of 3 cases. These patients had had no history of febrile illness prior to the bone marrow study and HI and ELISA results of single or paired sera of from these patients were, similar to those of the rest, compatible with either remote or remote/no infection by flaviviruses. Indication for bone marrow examination in these patients were for follow-up and pathological results also confirmed they were in the stage of remission.

**Conclusions** Dengue virus genome could be detected in bone marrow of asymptomatic haematologic patients by using RT-PCR. Sequential infections by different serotypes seem to be a key in severe dengue pathogenesis. The persistent first-serotype virus, defective or complete, could possibly confer a biological influence when co-infected with a second serotype later on in their life. As our understanding of dengue pathogenesis is far from perfect, this finding obviously opens up a door to a new arena of dengue research.