180229

กมล สุวรรณการ : การจำแนกสายพันธุ์ และ จีโนไทป์ ทางอณูชีวโมเลกุลของไวรัสตับอักเสบ บี ที่พบในประเทศไทย. (MOLECULAR CHARACTERIZATION AND GENOTYPE OF HEPATITIS B VIRUS IN THAILAND) อ. ที่ปรึกษา : ศ.นพ.ยง ภู่วรวรรณ, อ.ที่ปรึกษาร่วม : รองศาสตราจารย์แพทย์หญิง วรนุช จงศรีสวัสดิ์, 408 หน้า. ISBN 974-17-4590 -7.

ไวรัสตับอักเสบ บี เป็นสาเหตุสำคัญที่ทำให้เกิดโรคตับแข็งและมะเร็งตับ มีผู้ติดเชื้อเรื้อรังทั่วโลกมากกว่า 350 ล้านคน ประเทศไทยจัดเป็นประเทศที่มีความชุกชุมของไวรัสตับอักเสบ บี สูง ปัจจุบันไวรัสตับอักเสบ บี สามารถจำแนกออกได้เป็น 8 genotype โดยวิธีการอ่านรหัสพันธุกรรม และสามารถจำแนกออกด้วยทาง serotype เป็น subtype และพบการกระจายตัวของ genotype และ subtype แตกต่างกันในแต่ละภูมิภาคของโลก การศึกษาระบาดวิทยาของไวรัสตับอักเสบ บี ที่พบในประเทศไทย ได้ทำการศึกษาการจำแนก genotype และ subtype ของไวรัสตับอักเสบ บี ในประเทศไทย โดยทำการเก็บตัวอย่างทั้งหมด 6,239 ตัวอย่าง จากโรงพยาบาลของรัฐทั้งหมดใน 4 จังหวัดตัวแทน ทั้ง ภาคเหนือ ภาคตะวันออกเฉียงเหนือ ภาคกลาง และ ภาคใต้ ของประเทศไทย ทำการตรวจด้วย ELISA พบว่าให้ผลบวกต่อ HBsAg ทั้งหมด 246 ตัวอย่าง (3.94%) โดยเหลือตัวอย่างที่สามารถทำการตรวจได้ทั้งหมด 201 ตัวอย่าง เมื่อทำการตรวจสอบด้วยวิธี PCR พบว่ามีจำนวนตัวอย่าง 147 ตัวอย่างที่ให้ผลบวกต่อวิธี PCR โดยสามารถจำแนกได้เป็น genotype C จำนวน 128 ตัวอย่าง (87.08%) genotype B จำนวน 17 ตัวอย่าง (11.56%) และ genotype A จำนวน 2 ตัวอย่าง (1.36%) และพบ subtype เป็น adr จำนวน 124 ตัวอย่าง(84.35%) และ adw จำนวน 21 ตัวอย่าง (14.23%) และ ayw จำนวน 2 ตัวอย่าง (1.36%) ลำดับนิวคลีโอไทด์ที่ได้มีความใกล้เคียงกับสายพันธุ์ของประเทศเวียดนาม จากตัวอย่างที่ทำการศึกษา พบว่ามีผู้ได้รับวัคซีนป้องกันแต่ยังพบการติดเชื้อทั้งหมด 43 ตัวอย่าง แต่ไม่พบการเปลี่ยนแปลงของกรดอะมิโนในส่วนของ 'a' determinant ซึ่งทำให้เกิด vaccine escape mutant ทั้งในกรดอะมิโนตำแหน่งที่ 145 ของ HBsAg และตำแหน่งอื่นๆอย่างมีนัยสำคัญ พบตัวอย่างบางกลุ่มที่มีการกลายพันธุ์ในส่วนของ Pre-S gene จำนวน 14 ตัวอย่าง โดยเกิดการ deletion ในส่วนของ Pre-S1, Pre-S2 และเกิดการกลายพันธุ์ในตำแหน่ง start codon ของ Pre-S2 จากข้อมูลที่ได้ทำให้ทราบถึงข้อมูลด้านระบาดวิทยาพันธุกรรมของไวรัสตับอักเสบ บี และเพื่อทำความเข้าใจในการกลายพันธุ์ เพื่อนำเป็นข้อมูลประกอบในการพัฒนาการป้องกันไวรัสตับอักเสบ บี ต่อไปได้

180229

4774703530 : MAJOR MEDICAL SCIENCE

KEY WORD: Hepatitis B virus / Genotype / Subtype / "a" determinant / Escape mutant

KAMOL SUWANNAKARN : MOLECULAR CHARACTERIZATION AND GENOTYPE OF HEPATITIS B VIRUS IN THAILAND. THESIS ADVISOR : PROF. YONG POOVORAWAN, MD., THESIS COADVISOR : ASSOC. PROF. VORANUSH CHONGSRISAWAT, MD. , 85 pp. ISBN 974-17-4590-7.

More than 350 million people worldwide are chronically infected by the hepatitis B virus (HBV), Thailand is one of the high endemic areas for hepatitis B. Hepatitis B virus can be classified into 8 genotypes and subtypes by direct sequencing. The prevalence of specific genotypes varies geographically. In this study, 6,239 sera samples from 4 provinces of Northern, Northeast, Middle and Southern part of Thailand were 246 (3.94%) positive for HBsAg by ELISA. The 147 samples from 201 of HBsAg positive were positive for HBV- DNA by PCR method. All the HBV-DNA positive were classified in genotype C = 128 (87.08%), genotype B = 17 (11.56%), genotype A = 2 (1.36%), subtype adr = 124 (84.35%), adw = 21 (14.23%), ayw = 2 (1.36%) and the similarity of nucleotides were closed to Vietnam strain. Of those, 43 samples were vaccine failure and didn't show the "a" determinant mutation (cause of vaccine escape mutant at position 145). Fourteen samples results the mutation in Pre-S gene showing deletion in Pre-S1 or Pre-S2 and Pre-S2 point mutation at start codon. From this study the elucidation of the predominant viral strains might well prove crucial regarding the development and implementation of preventive measures. Hence, the investigation of HBsAg subtype and genotype distribution in Thailand, emphasizing the molecular characteristics of the HBV isolates examine.