

| | |
|-----------------|--|
| ชื่อวิทยานิพนธ์ | ลักษณะของ <i>Vibrio parahaemolyticus</i> สายพันธุ์ <i>trh</i> positive ในสิ่งส่งตรวจจากผู้ป่วย |
| ผู้เขียน | ว่าที่ ร.ต.ท.(ญ) ณัฐฐาภรณ์ วุฒิภุมิ |
| สาขาวิชา | จุลชีววิทยา |
| ปีการศึกษา | 2549 |

บทคัดย่อ

Vibrio parahaemolyticus เป็นสาเหตุสำคัญที่ก่อโรคลำไส้อักเสบ ความรุนแรงของโรคมักเกี่ยวข้องกับสารพิษสองชนิด thermostable direct hemolysin (TDH) และ TDH related hemolysin (TRH) ซึ่งถูกควบคุมการสร้างโดยยีน *tdh* และ *trh* ตามลำดับ ตั้งแต่ปี พ.ศ. 2539 พบ *Vibrio parahaemolyticus* สายพันธุ์ $tdh^+ trh^-$ ซีโรทัยป์ O3:K6 ระบาดทั่วโลกรวมทั้งประเทศไทยด้วย ในปี พ.ศ. 2543-2548 จากการศึกษา *V. parahaemolyticus* สายพันธุ์ที่สร้างสารพิษ TRH (trh^+) ที่แยกจากโรงพยาบาลขนาดใหญ่พบว่า สายพันธุ์ $tdh^+ trh^+$ เพิ่มขึ้น คือ 0%, 4.1%, 5.6%, 5.5%, 8.8% และ 8.2% ตามลำดับ จากการศึกษาลักษณะของ *V. parahaemolyticus* สายพันธุ์ $tdh^+ trh^+$ พบ O ซีโรทัยป์ที่แตกต่างจากสายพันธุ์ระบาดทั่วโลก และที่น่าสนใจคือสายพันธุ์ $tdh^+ trh^+$ พบ KUT สูงถึง 61.8% การศึกษาลักษณะของ *V. parahaemolyticus* $tdh^+ trh^+$ เทียบกับ *V. parahaemolyticus* กลุ่ม $tdh^+ trh^-$ $tdh^- trh^+$ และ $tdh^- trh^-$ พบว่า ทุกสายพันธุ์ที่มียีน *trh* จะให้ผลบวกกับการทดสอบ urease ไม่มีความแตกต่างของการทดสอบความทนเกลือต่อการเจริญของเชื้อและการเคลื่อนที่ของเชือบนสารอาหารกึ่งแข็งเมื่อเทียบกับเชื้อ *V. parahaemolyticus* กลุ่มอื่น การทดสอบความไวของเชื้อต่อยาต้านจุลินทรีย์ของสายพันธุ์ $tdh^+ trh^+$ จะคล้ายกับสายพันธุ์ $tdh^- trh^+$ และ $tdh^- trh^-$ แต่ต่างจากสายพันธุ์ $tdh^+ trh^-$ ผลลายพิมพ์ดีเอ็นเอโดยวิธี AP-PCR พบว่าซีโรทัยป์ O1:KUT สายพันธุ์ $tdh^+ trh^+$ จะเหมือนกันและพบมากที่สุดในปี พ.ศ. 2546 ในขณะที่การทดสอบ southern blot hybridization พบว่า 90% ของ *trhI* พบในสายพันธุ์ $tdh^+ trh^+$ แต่พบ 33.3% ในสายพันธุ์ $tdh^- trh^+$ จากการศึกษาพบว่าไม่มีความสัมพันธ์ระหว่างสายพันธุ์ $tdh^+ trh^+$ และ $tdh^- trh^+$ การศึกษานี้บ่งชี้ว่าการเพิ่มขึ้นของ *V. parahaemolyticus* สายพันธุ์ $tdh^+ trh^+$ และการลดลงของ *V. parahaemolyticus* สายพันธุ์ระบาดทั่วโลกอาจเนื่องจากประชากรในพื้นที่ศึกษา มีการพัฒนาระบบภูมิคุ้มกันต้านทานต่อ *V. parahaemolyticus* สายพันธุ์ระบาดทั่วโลก ทำให้ไวต่อการติดเชื้อ *V. parahaemolyticus* สายพันธุ์อื่น

| | |
|----------------------|--|
| Thesis Title | Characterization of <i>trh</i> positive <i>Vibrio parahaemolyticus</i> in clinical specimens |
| Author | Police Lieutenant Natthakul Wootipoom |
| Major Program | Microbiology |
| Academic Year | 2006 |

ABSTRACT

Vibrio parahaemolyticus is a leading cause of seafood-borne gastroenteritis. Virulence is commonly associated with, thermostable direct hemolysin (TDH) and TDH related hemolysin (TRH) which are encoded by *tdh* and *trh* genes respectively. Since 1996, *V. parahaemolyticus* tdh^+trh^- serotype O3:K6 (pandemic strain) has caused infection worldwide including Thailand. Surveillance program has been established at Hat Yai hospital, in 2000-2005, trh^+ *V. parahaemolyticus* was investigated. It was found that percentage of tdh^+trh^+ strains were 0%, 4.1%, 5.6%, 5.5%, 8.8% and 8.2% of the total isolates respectively. The characteristics of the tdh^+trh^+ strains were investigated. O serotype of tdh^+trh^+ isolates differed from those of the tdh^+trh^- pandemic isolates. In addition, 61.8% of tdh^+trh^+ serotypes were KUT. All urease-positive strains possessed the *trh* gene. No significant difference in NaCl requirement and swarming activity were observed in tdh^+trh^+ isolates compared to other isolates. The antibiograms of the tdh^+trh^+ isolates were similar to the tdh^-trh^+ and the tdh^-trh^- isolates but differed from those of the tdh^+trh^- isolates. An AP-PCR comparison of O1:KUT tdh^+trh^+ isolates showed that the profile of one clone dominated in 2003 but the profiles in the other years varied. Southern blot hybridization revealed that the *trh* subgroup was 90% *trh1* in the tdh^+trh^+ isolates but only 33.3% in tdh^-trh^+ isolates. We speculate that there is no connection between tdh^+trh^+ isolates and tdh^-trh^+ isolates and the proportional increase in infection by tdh^+trh^+ strains and the proportional decrease in infection by pandemic strains is due to people in this area developing immunity to the pandemic clone (tdh^+trh^-) but being still susceptible to other strains.