

ชื่อวิทยานิพนธ์	ความชุกของ <i>Vibrio parahaemolyticus</i> สายพันธุ์ที่กำลังระบาด ในอาหารทะเลและสิ่งส่งตรวจในภาคใต้ของประเทศไทย
ผู้เขียน	นางสาวสุภาภินี โสบุญ
สาขาวิชา	จุลชีววิทยา
ปีการศึกษา	2546

บทคัดย่อ

Vibrio parahaemolyticus เป็นแบคทีเรียที่ทำให้เกิดโรคลำไส้อักเสบในมนุษย์ เนื่องจากการบริโภคอาหารทะเลแบบสุกๆดิบๆ งานวิจัยครั้งนี้ได้ทำการตรวจสอบ *V. parahaemolyticus* จากสิ่งแวดล้อม(อาหารทะเล)และผู้ป่วยในภาคใต้ของประเทศไทยเป็นจำนวน 666 สายพันธุ์ และ 188 สายพันธุ์ ตามลำดับ พบยีนสร้างสารพิษ *tdh* และ *trh* ในสายพันธุ์ที่แยกได้จากสิ่งแวดล้อม 14 สายพันธุ์ และ 2 สายพันธุ์ตามลำดับ ส่วนสายพันธุ์ที่แยกได้จากผู้ป่วยพบยีน *tdh* 168 สายพันธุ์ ยีน *trh* 10 สายพันธุ์ สายพันธุ์ที่มีทั้งยีน *tdh* และ *trh* มี 5 สายพันธุ์ เมื่อนำไปทดสอบหาซีโรทัยป์พบ *V. parahaemolyticus* สายพันธุ์ที่แยกได้จากสิ่งแวดล้อมซีโรทัยป์ O3:K6 มากที่สุด (50.0%) รองลงมาคือ ซีโรทัยป์ O1:K25 (31.3%)และซีโรทัยป์อื่นๆ (18.8%) ส่วนสายพันธุ์ที่แยกได้จากผู้ป่วยเป็นซีโรทัยป์ O3:K6 มากที่สุด (50.0%) รองลงมาคือ ซีโรทัยป์ O1:K25 (10.1%) O4:K68(5.3%) และ ซีโรทัยป์อื่นๆ (34.6%) เมื่อนำสายพันธุ์ทั้งหมดมาทดสอบ Group Specific-Polymerase Chain Reaction (GS-PCR) พบ *V. parahaemolyticus* ซีโรทัยป์ O1:K25 เป็นซีโรทัยป์ใหม่ที่แยกได้จากสิ่งแวดล้อมที่มีแหล่งกำเนิดเดียวกับสายพันธุ์ที่กำลังระบาด เมื่อนำมาตรวจยืนยันโดยวิธี Arbitrarily Primed Polymerase Chain Reaction (AP-PCR) และ Pulse Field Gel Electrophoresis(PFGE) พบว่ารูปแบบของแถบดีเอ็นเอของ *V. parahaemolyticus* ซีโรทัยป์ O3:K6, O1:K25, O3:KUT ที่แยกได้จากสิ่งแวดล้อมและ สายพันธุ์ที่แยกได้จากผู้ป่วยมีลักษณะที่คล้ายคลึงกันแสดงว่า *V. parahaemolyticus* ซีโรทัยป์เหล่านี้ที่แยกได้จากสิ่งแวดล้อมและผู้ป่วยมาจากแหล่งกำเนิดเดียวกัน

Thesis Title	Prevalence of Pandemic Strains of <i>Vibrio parahaemolyticus</i> in Seafood and its Association with Clinical Case in Southern Thailand
Author	Miss Supatinee Soboon
Major Program	Microbiology
Academic Year	2003

Abstract

Vibrio parahaemolyticus is bacterium which cause gastroenteritis in human due to consumption of seafood. In this study, 666 and 188 strains of *Vibrio parahaemolyticus* were isolated from seafood and patients in southern Thailand, respectively. Virulence genes detected by PCR of environmental strains showed 14 strains *tdh* positive and 10 strains *trh* positive and 5 strains *tdh* and *trh* positive. All environmental and clinical strains were examined for their serovars. It was found that, the serovars of the environmental strains were O3:K6 50%, O1:K25 31.2% and other diverse serovars 18.7% and for clinical strains, there were O3:K6 50%, O1:K25 10.1%, O4:K68 5.3% and other diverse serovars 34.6%. All strains were investigated for their relationship by Group Specific-PCR (GS-PCR) and it was found that O1:K25 environmental strain was a new pandemic serovar. Confirmation by Arbitrarily Primed Polymerase Chain reaction (AP-PCR) and Pulse Field Gel Electrophoresis (PFGE), showed that the DNA patterns of O3:K6, O1:K25, O3:KUT from environmental and clinical *Vibrio parahaemolyticus* strains were similar. It was concluded that these serovars from environmental and clinical samples are unique clone.