

Thesis Title	Analyses of Genogroups and Genotypes of Norovirus, Sapovirus and Astrovirus Isolated from Children Hospitalized with Acute Gastroenteritis in Chiang Mai Province	
Author	Ms. Rungnapa Malasao	
Degree	Master of Science (Microbiology)	
Thesis Advisory Committee	Assoc. Prof. Supatra Peerakome	Chairperson
	Prof. Dr. Niwat Maneeekarn	Member

ABSTRACT

Norovirus (NV), Sapovirus (SV), and Human Astrovirus (HAstV) are the important cause of acute gastroenteritis in infants and young children. The present study investigated the prevalence of NV, SV and HAstV infections in children under 5 years of age hospitalized with acute gastroenteritis in Chiang Mai province during May 2000 to March 2002. The fecal specimens were tested for the presence of NV genogroup I (NVGI) and II (NVGII), SV, and HAstV by reverse transcription polymerase chain reaction (RT-PCR) using degenerate specific primers. These viruses were identified further by sequence and phylogenetic analyses of partial

capsid gene, in which their genogroups and genotypes were assigned based on the relative homology with those of the reference strains available in the GenBank database. A total of 296 fecal specimens tested, 13.5% (40 of 296) were positive for NV, SV, and HAstV. Of these, NV was the most predominant with the prevalence of 58.5% (24 of 41), of which 17.1% were NVGI and 41.4% were NVGII. Of note, one specimen was positive for both NVGI and SV. The SV was detected at 24.4% (10 of 41) while HAstV was detected at 17.1% (7 of 41).

Analysis of nucleotide and amino acid sequences revealed that NVGI strains comprised of GI/3, GI/4, GI/6, GI/7, and GI/13 genotypes. Among NVGII strains, approximately half of them belonged to genotype GII/4 (Lordsdale virus cluster), followed by GII/3, GII/10, GII/1, GII/6, GII/8, and GII/15 genotypes. Analysis of SV sequences revealed that SVGI (Manchester virus) was more common than SVGII (London virus). The SV genotypes detected in this study were SVGI/1, SVGI/4, SVGI/5, SVGII/1, and SVGII/2 whereas the HAstV were genotypes HAstV-1, HAstV-2, HAstV-3, and HAstV-5.

In conclusion, the prevalence of NV infection was higher than those of SV and HAstV in children hospitalized with diarrhea. The findings also suggested that NVGI, NVGII, SVGI, SVGII, and HAstV were cocirculating among hospitalized children in Chiang Mai.

ชื่อเรื่องวิทยานิพนธ์	การวิเคราะห์จีโนมกรู๊ปและจีโนมโทป์ของเชื้อโนโรไวรัส ซาโปไวรัส และแอสโทรไวรัส ที่แยกได้จากเด็กที่มีอาการ กระเพาะอาหารและลำไส้อักเสบเฉียบพลันที่เข้ารับการ รักษาในโรงพยาบาลในจังหวัดเชียงใหม่	
ผู้เขียน	นางสาวรุ่งนภา มาละเสาร์	
ปริญญา	วิทยาศาสตรมหาบัณฑิต (จุลชีววิทยา)	
คณะกรรมการที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์	รศ. สุพัตรา พิราคม	ประธานกรรมการ
	ศ.ดร. นิวัฒน์ มณีกาญจน์	กรรมการ
	บทคัดย่อ	

โนโรไวรัส ซาโปไวรัส และ แอสโทรไวรัส เป็นเชื้อไวรัสที่เป็นสาเหตุสำคัญของโรคกระเพาะอาหารและลำไส้อักเสบเฉียบพลันในเด็กทารกและเด็กเล็ก การศึกษานี้ได้ตรวจหาความชุกของการติดเชื้อโนโรไวรัส ซาโปไวรัส และแอสโทรไวรัส ในเด็กที่มีอายุต่ำกว่า 5 ปีที่เข้ารับการรักษาในโรงพยาบาลด้วยโรคกระเพาะอาหารและลำไส้อักเสบเฉียบพลันในจังหวัดเชียงใหม่ ในช่วงเดือนพฤษภาคม ปี พ.ศ.2543 ถึง เดือนมีนาคม ปี พ.ศ.2545 โดยนำตัวอย่างอุจจาระมาตรวจหาเชื้อโนโรไวรัส จีโนมกรู๊ป I (NVGI) และ II (NVGII) ซาโปไวรัส (SV) และแอสโทรไวรัส (HAstV) โดยวิธี reverse transcription polymerase chain reaction (RT-PCR) โดยใช้ degenerate primers ที่จำเพาะต่อเชื่อนั้นๆ จากนั้นวิเคราะห์หาจีโนมกรู๊ปและจีโนมโทป์ของเชื้อไวรัสเหล่านี้โดยตรวจหาลำดับนิวคลีโอไทด์ของจีน capsid เพื่อเปรียบเทียบความเหมือนกับของเชื้อมาตรฐานที่ใช้ในการอ้างอิงซึ่งมีข้อมูลอยู่ในฐานข้อมูล GenBank จากการตรวจตัวอย่างอุจจาระที่เก็บจากเด็กที่เข้ารับการรักษาในโรงพยาบาลด้วยโรคอุจจาระร่วงจำนวน 296 ตัวอย่าง พบโนโรไวรัส ซาโปไวรัส และแอสโทรไวรัส คิดเป็น 13.5% (40 จาก 296 ตัวอย่าง) จากกลุ่มของไวรัสที่ตรวจพบนี้มีเชื้อโนโรไวรัสเป็นสาเหตุสำคัญที่สุด คิดเป็น 58.5% (24 จาก 41 ตัวอย่าง) โดยที่ 17.1% เป็นโนโรไวรัสจีโนมกรู๊ป I และ 41.4% เป็นจีโนมกรู๊ป II มี 1 ตัวอย่างที่ให้ผลบวกต่อทั้งเชื้อโนโรไวรัสจีโนมกรู๊ป I และ

จากการวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์และลำดับกรดอะมิโนของ NVGI strains พบว่าจัดอยู่ในจีโนไทป์ GI/3, GI/4, GI/6, GI/7 และ GI/13 ในกลุ่มเชื้อ NVGII strains ประมาณครึ่งหนึ่งจัดอยู่ในจีโนไทป์ GII/4 (Lordsdale virus cluster) ตามด้วย GII/3, GII/10, GII/1, GII/6, GII/8, และ GII/15 การวิเคราะห์เชื้อซาโปไวรัสพบว่า เชื้อซาโปไวรัสจีโนกรุป I (Manchester virus) พบได้บ่อยกว่าจีโนกรุป II (London virus) เชื้อซาโปไวรัสเมื่อถูกจำแนกต่อพบเป็นจีโนไทป์ GI/1, GI/4, GI/5, GII/1 และ GII/2 ขณะที่เชื้อแอสโตรไวรัสที่ตรวจพบในการศึกษาครั้งนี้เป็นจีโนไทป์ HAstV-1, HAstV-2, HAstV-3 และ HAstV-5

โดยสรุปความชุกของการติดเชื้อโนโรไวรัส พบสูงกว่าการติดเชื้อซาโปไวรัสและแอสโตรไวรัสในกลุ่มเด็กที่เข้ารับการรักษาในโรงพยาบาลด้วยโรคอุจจาระร่วง นอกจากนี้การศึกษานี้ยังบ่งชี้ว่าเชื้อ NVGI, NVGII, SVGI, SVGII และ HAstV เป็นเชื้อที่มีการระบาดร่วมกันอยู่ในกลุ่มเด็กที่เข้ารับการรักษาในโรงพยาบาลในจังหวัดเชียงใหม่