Thesis Title Epidemiology and Molecular Characterization of

Diarrheal Viruses in Adults

**Author** Miss Boonpa Suantai

**Degree** Master of Science (Microbiology)

**Thesis Advisory Committee** Prof. Dr. Niwat Maneekarn Advisor

Dr. Pattara Khamrin Co-advisor

## **ABSTRACT**

Viral gastroenteritis is a common public health problem that causes morbidity and mortality worldwide, particularly in developing countries. The purpose of this study was to investigate the epidemiology and molecular characterization of the viruses detected in fecal samples collected from adult patients with diarrhea. A total of 332 fecal specimens collected between January to December, 2008 were screened for the presence of group A and C rotaviruses, sapovirus, Aichi virus, human parechovirus, noroviruses GI and GII, enterovirus, adenovirus and astrovirus by reverse transcription (RT) and multiplex-PCR methods. The genogroups and genotypes of these viruses were further identified by multiplex-PCR using genotype-specific primers and by nucleotide sequencing. Out of 332 fecal specimens tested, the overall detection rate of diarrheal viruses was 4.2%. Adenovirus and enterovirus were the most predominant viruses detected with the prevalent rate of 1.2%, followed by Aichi virus at 0.9%, and norovirus GII at 0.6%. In addition, mixed infection of norovirus GII and human parechovirus was also detected in one fecal specimen

(0.3%). However, rotaviruses of both groups A and C, astrovirus, norovirus GI and sapovirus were not detected in this study. Based on nucleotide sequence and phylogenetic analyses, the results indicated that all of 3 norovirus GII detected in the present study belonged to GII/4 genotype. Additionally, 3 strains of NoV GII/4 can be subdivided into 2 distinct variant groups, 2006a and 2006b variants. For adenoviruses, 3 genotypes were found to be circulated in this area, including AdV24, AdV25, and AdV40. For enterovirus, 4 genotypes of enterovirus were identified, including echovirus 30, enterovirus 99, poliovirus genotype 3 (PV3), and coxsackievirus A20 (CV-A20). Interestingly, Aichi viruses of both genotypes A and B were also detected in this surveillance. In conclusion, this study provided the molecular epidemiological data of wide variety of diarrheal viruses circulating in adults with diarrhea in Chiang Mai, Thailand.

## ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่ Copyright<sup>©</sup> by Chiang Mai University All rights reserved

ชื่อเรื่องวิทยานิพนธ์

วิทยาการระบาดและการตรวจหาคุณลักษณะเฉพาะในระดับ

โมเลกุลของเชื้อไวรัสก่อโรคอุจจาระร่วงในผู้ใหญ่

ผู้เขียน

นางสาวบุญพา สวนใต้

ปริญญา

วิทยาศาสตรมหาบัณฑิต (จุลชีววิทยา)

อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์

ศ. คร. นิวัตน์ มณีกาญจน์

อาจารย์ที่ปรึกษาหลัก

อ. คร. ภัทรา คำรินทร์

อาจารย์ที่ปรึกษาร่วม

## บทคัดย่อ

โรคกระเพาะอาหารและลำไส้อักเสบหรือโรคอุจจาระร่วงที่เกิดจากการติดเชื้อไวรัสยังเป็น ปัญหาที่สำคัญทางด้านสาธารณสุขทำให้เกิดการเจ็บป่วยและการตายที่พบได้บ่อยทั่วโลกโดยเฉพาะ อย่างยิ่งในประเทศที่กำลังพัฒนา วัตถุประสงค์ของงานวิจัยนี้เป็นการศึกษาระบาควิทยาและการ ตรวจหาคุณลักษณะเฉพาะในระดับโมเลกุลของเชื้อไวรัสก่อโรคอุจจาระร่วงในผู้ใหญ่ โดยนำ ตัวอย่างอุจจาระจากผู้ใหญ่ที่มีอาการอุจจาระร่วง จำนวนทั้งหมด 332 ตัวอย่าง ที่เก็บในช่วงเดือน มกราคมถึงเดือนธันวาคม พ.ศ. 2551 มาตรวจกัดกรองหาเชื้อไวรัสโรตา กรุ๊ป A และ C ไวรัสซาโป ไวรัสไอชิ ไวรัสพารีโค ไวรัสโนโร GI และ GII ไวรัสเอ็นเทอโร ไวรัสอะดิโน และไวรัสแอสโทร โดยวิธี revese transcription (RT) และ multiplex-PCR หลังจากนั้นนำไวรัสที่ตรวจพบไปจำแนก genogroups และ genotypes ต่างๆ โดยวิธี multiplex-PCR โดยใช้ primer ที่จำเพาะและโดยการทำ nucleotide sequencing เพื่อถอดรหัสพันธุกรรมของเชื้อ ผลการตรวจตัวอย่างจำนวน 332 ตัวอย่าง พบเชื้อไวรัสที่เกี่ยวข้องกับโรคอุจจาระร่วงในผู้ใหญ่ร้อยละ 4.2 โดยพบเชื้อไวรัสอะดิโนและไวรัส เอ็นเทอโร สูงสุดโดยแต่ละเชื้อพบร้อยละ 1.2 รองลงมาคือ ไวรัสไอชิ ร้อยละ 0.9 ไวรัสโนโร GII ร้อยละ 0.6 นอกจากนี้ยังพบการติดเชื้อร่วมระหว่างไวรัสโนโร GII กับไวรัสพารีโลในหนึ่งตัวอย่าง ตรวจคิดเป็นร้อยละ 0.3 อย่างไรก็ตาม การศึกษาในครั้งนี้ตรวจไม่พบไวรัสโรตา กรุ๊ป A และ C

ไวรัสแอสโทร ไวรัสโนโร GI และไวรัสซาโปเลย ผลจากการตรวจวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ และการวิเคราะห์วิวัฒนาการของตัวเชื้อโดยการวิเคราะห์ทาง phylogenetic พบว่าเชื้อไวรัสโนโร GII ทั้งหมด 3 ตัวอย่าง ที่พบในการศึกษาในครั้งนี้จัดอยู่ใน GII/4 genotype ซึ่ง 3 สายพันธุ์ของเชื้อ ไวรัสโนโรที่พบสามารถจำแนกย่อยออกเป็น 2 variants คือ variants 2006a และ 2006b สำหรับเชื้อ ไวรัสอะดิโนที่พบในการศึกษานี้พบว่ามีอยู่ทั้งหมด 3 สายพันธุ์ คือ AdV24, AdV25, AdV40 และ เชื้อไวรัสเอ็นเทอโรพบ 4 สายพันธุ์ คือ echovirus 30, enterovirus 99, poliovirus 3, และ coxsackievirus A20 นอกจากนี้ยังพบว่าเชื้อไวรัสไอชิที่แยกได้จากการศึกษาในครั้งนี้มีทั้งชนิคที่ เป็น genotype A และ B โดยสรุป การศึกษาในครั้งนี้ทำให้ได้ข้อมูลทางด้านระบาดวิทยาของเชื้อ ไวรัสหลากหลายชนิดที่ก่อโรคอุจจาระร่วงในผู้ใหญ่ในจังหวัดเชียงใหม่ของประเทศไทย

## ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่ Copyright<sup>©</sup> by Chiang Mai University All rights reserved