

ชื่อเรื่องวิทยานิพนธ์ ทรายพิมพ์สารพันธุกรรมของเชื้อแคมไพโลแบคเตอร์ เจจูไน
ที่แยกจากไก่เนื้อและเด็กที่ป่วยด้วยอาการท้องเสียใน
ภาคเหนือของประเทศไทย

ผู้เขียน นางสาวบุณิกา วงษ์บัณฑิตย์

ปริญญา วิทยาศาสตรมหาบัณฑิต (วิทยาศาสตร์สัตวแพทย์)

คณะกรรมการที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์ ดร. ณัฐวุฒิ สติเมธิ ประธานกรรมการ
ดร. กรรณิการ์ ฌ ลำปาง กรรมการ

บทคัดย่อ

งานวิจัยนี้มีวัตถุประสงค์เพื่อ ระบุแหล่งที่มาของเชื้อ *แคมไพโลแบคเตอร์ เจจูไน* ที่พบในคนไทย และ ศึกษาโครงสร้างประชากรของเชื้อ *C. jejuni* โดยใช้เทคนิค Multi Locus Sequence Typing (MLST) ของเชื้อ *C. jejuni* ที่แยกจากเด็กที่ป่วยด้วยอาการท้องเสียในปี พ.ศ. 2550 จำนวน 12 ตัวอย่าง เชื้อจากไก่เนื้อในปี พ.ศ.2545 จำนวน 9 ตัวอย่าง และข้อมูลคนไทยจากฐานข้อมูล MLST จำนวน 42 ตัวอย่างในระหว่างปี พ.ศ. 2540-2548 ผลการศึกษาพบว่า ตัวอย่างจากไก่เนื้อส่วนใหญ่ให้ผลตรงกับลักษณะที่พบในคน ซึ่งมีการรายงานก่อนหน้านี้ในฐานข้อมูล MLST โดยเฉพาะ ST-2921 และ ST-2276 ซึ่งเป็นลักษณะที่ก่อนหน้านี้พบเฉพาะตัวอย่างจากคนไทย (จากปี พ.ศ. 2541 และ พ.ศ. 2548 ตามลำดับ) และสามารถพบจากตัวอย่างไก่ในการศึกษาี้เช่นกัน นอกจากนี้จำนวน Sequence types ถึงร้อยละ 74.5 (41/55 STs) ยังมีแหล่งที่มาจากประเทศไทยเท่านั้น ดังนั้นการกระจายของลักษณะทางพันธุกรรม ของตัวอย่างจากประเทศไทยที่แบ่งโดยวิธี MLST นี้มีความแตกต่างจากประเทศอื่นๆ ยิ่งกว่านั้นจากลักษณะทางพันธุกรรมที่มีความหลากหลายสูงในคนและแตกต่างที่พบในไก่ แสดงว่าการติดเชื้อในคนอาจสัมพันธ์กับแหล่งน้ำที่ปนเปื้อนมูลนกป่าและพาหะอื่นในสิ่งแวดล้อม จากข้อมูลข้างต้นสรุปได้ว่า เชื้อ *C. jejuni* ที่พบในไก่เนื้อมีความสัมพันธ์กับ *C. jejuni* จากคนที่พบในประเทศไทย ยิ่งไปกว่านั้นยังมีความเป็นไปได้ที่การติดเชื้อ *C. jejuni* ในคนจะมีแหล่งที่มาของเชื้อจากในสิ่งแวดล้อม

Thesis Title Molecular Typing of *Campylobacter jejuni* Isolated from Broilers and Diarrhea Children in Northern Thailand

Author Miss Bhunika Wongbundit

Degree Master of Science (Veterinary Science)

Thesis Advisory Committee Dr. Nattawooti Sthitmatee Chairperson

Dr. Kannikar Na Lampang Member

Abstract

This research aims to identify source of *Campylobacter jejuni* infection in Thai human and investigate the population structure of *C. jejuni* by performed multilocus sequence typing (MLST). Twelve *C. jejuni* isolates isolated from diarrhea children in 2008, other 9 isolates from broilers in 2002 and 42 isolates of Thai human MLST database in 1997-2005. The results indicated that the majority of broilers isolates were similar to humans in previous records on MLST database. Expectially, ST-2276 and ST-2971 were the sequence types found only in Thai population (found in 2005 and 1998 respectively), were found from chicken isolates in this study too. Moreover, 74.5% of STs (41/ 55 STs) were grouped into only Thailand-origin isolates. Thus, the distribution of MLST genotypes from Thailand seems to differ from other country. Furthermore, genotypes among human isolates are high diversity and some differ from chicken genotypes, given that the source of human infection may associated with water which contaminated with fecal matter from wild birds and other environmental reservoirs. These data demonstrated that *C. jejuni* in broilers are related with *C. jejuni* in human isolates. Moreover, there are possibility that sources of *C. jejuni* infection in human that persist in environment.