การศึกษาด้านลักษณะ วิวัฒนาการเชิงโมเลกุล และการตอบสนองทางภูมิคุ้มกันต่อไวรัส ไข้หวัดใหญ่ชนิดเอ ในประเทศไทย



นางสาวจาริกา มากคช

วิทยานิพนธ์นี้เป็นส่วนหนึ่งของการศึกษาตามหลักสูตรปริญญาวิทยาศาสตรดุษฎีบัณฑิต

สาขาวิชาชีวเวชศาลตร์ (ลหลาขาวิชา)

บัณฑิตวิทยาลัย จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

ปีการศึกษา 2555

สิขสิทธิ์ของจุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

551663

GENOME CHARACTERIZATION, MOLECULAR EVOLUTION AND ANTIBODY RESPONSE AGAINST INFUENZA A VIRUS IN THAILAND

Miss Jarika Makkoch

A Dissertation Submitted in Partial Fulfillment of the Requirements for the Degree of Doctor of Philosophy Program in Biomedical Sciences

(Interdisciplinary Program)

Graduate School

Chulalongkorn University

Academic Year 2012

Copyright of Chulalongkorn University



Thesis Title	GENOME CHARACTERIZATION, MOLECULAR
	EVOLUTION AND ANTIBODY RESPONSE AGAINST
	INFUENZA A VIRUS IN THAILAND
Ву	Ms. Jarika Makkoch
Field of Study	Biomedical Sciences
Thesis Advisor	Professor Yong Poovorawan, M.D.
	raduate School, Chulalongkorn University in Partial Fulfillment
of the Requirements for the	Dean of the Graduate School
(Associate P	rofessor Amorn Petsom, Ph.D.)
THESIS COMMITTEE	Chairman Chairman
(Associate P	rofessor Kanisak Oraveerakul, D.V.M.)
Yon	g Pow- Thesis Advisor
(Professor Y	ong Poovorawan, M.D.) Examiner
(Associate P	rofessor Chintana Chirathaworn, Ph.D)
Sunga	hai Payingfoin Examiner
(Assistant Pr	ofessor Sunchai Payungporn, Ph.D)
Chan	topog Wasi External Examiner
(Associate F	rofessor Chantapong Wasi, M.D.)

จาริกา มากคช: การศึกษาด้านลักษณะ วิวัฒนาการเชิงโมเลกุล และการตอบสนองทางภูมิคุ้มกันต่อ ไวรัสไข้หวัดใหญ่ชนิดเอ ในประเทศไทย. (GENOME CHARACTERIZATION, MOLECULAR EVOLUTION AND ANTIBODY RESPONSE AGAINST INFUENZA A VIRUS IN THAILAND) อ.ที่ ปริกษาวิทยานิพนธ์หลัก: ศ.นพ.ยง ภู่วรวรรณ, 144 หน้า.

้เชื้อไวรัสไข้หวัดใหญ่เป็นเชื้อไวรัสสำคัญที่ก่อให้เกิดโรคติดเชื้อในระบบทางเดินหายใจในกลุ่ม Influenza-like illness (ILI) ในมนุษย์ นอกจากนี้ยังพบการติดเชื้อไวรัสไข้หวัดใหญ่ในสัตว์ชนิดอื่นเช่น สัตว์ปีก และสัตว์เลี้ยงลูกด้วยนมเช่น สุกร แมว เสือหรือสุนัข เชื้อไวรัสไข้หวัดใหญ่มีการแพร่ระบาดของเชื้ออย่างต่อเนื่อง ทั้งในประชากรมนุษย์และสัตว์ ก่อให้เกิดปัญหาแก่ระบบธารณสุขและความสูญเสียทางเศรษฐกิจอย่างมากมาย จากการศึกษาพบว่า เชื้อไวรัสไข้หวัดใหญ่ มีอัตราการกลายพันธ์ที่รวดเร็ว ทั้งการเกิดกระบวนการกลายพันธ์ อย่างค่อยเป็นค่อยไป และจากการเกิดการแลกเปลี่ยนชิ้นส่วนสารพันธุกรรม ซึ่งมักเป็นที่มาของการเกิดการ ระบาดใหญ่ในแต่ละครั้ง การศึกษาทางด้านระบาดวิทยา การหาลำดับวิวัฒนาการของไวรัส และการตอบสนอง ทางภูมิคุ้มกันของเซลล์เจ้าบ้านต่อการติดเชื้อไวรัสไข้หวัดใหญ่จึงล้วนมีความสำคัญในการหาทางควบคุมและ การวางนโยบายเพื่อแก้ไขปัญหาการระบาดของเชื้อไวรัสไข้หวัดใหญ่ที่กำลังมีการระบาด หรือกำลังจะเกิดการ ระบาดขึ้นในอนาคต การศึกษาครั้งนี้ มีจุดประสงค์เพื่อการหาลำดับวิวัฒนาการ และแนวโน้มการกลายพันธุ์ของ เชื้อไวรัสไข้หวัดใหญ่ ชนิดเอ ที่มีการระบาดในประเทศไทย ประสิทธิภาพของชุดเครื่องมือที่นำมาใช้ทดสอบการ ติดเชื้อ รวมทั้งการศึกษาด้านการตอบสนองทางภูมิคุ้มกันของประชากรที่มีการติดเชื้อไวรัสไข้หวัดใหญ่ใน ประเทศไทย จากการศึกษาพบว่าเชื้อไวรัสไข้หวัดใหญ่ที่มีการระบาดในประเทศไทยในช่วงปี 2009-2012 เป็น จำนวนมากที่สุดได้แก่ เชื้อไวรัสไข้หวัดใหญ่สายพันธุ์ใหม่ 2009 ซึ่งมีการแพร่ระบาดออกเป็น 3 ระลอก และมี แนวโน้มการกลายพันธุ์ที่ค่อยเป็นค่อยไปอย่างต่อเนื่อง และไวรัสในแต่ละ clade ก็มีแนวโน้มที่จะมีการกลาย พันธุ์ในบางจุดอย่างเฉพาะเจาะจง ซึ่งอาจมีผลต่อรูปแบบการติดเชื้อและความรุนแรงของโรคได้ จากการกลาย พันธุ์อย่างต่อเนื่อของเชื้อไวรัสไข้หวัดใหญ่ทำให้ชุดเครื่องมือที่นิยมนำมาตรวจสอบการติดเชื้อไวรัสไข้หวัดใหญ่ ได้แก่ ชุดทดสอบชนิด rapid test ควรมีการตรวจสอบความถูกต้องและแม่นยำในการตรวจเป็นระยะ นอกจากนี้ การศึกษาครั้งนี้ยังพบว่า ภายหลังการติดเชื้อไวรัสไข้หวัดใหญ่แล้ว เจ้าบ้านยังมีการตอบสนองทางภูมิคุ้มกันโดย การสร้างแอนติบอดีที่เฉพาะเจาะจงที่สามารถตรวจสอบได้โดยวิธี Hemagglutination Inhibition Test (HI) หรือ Microneutralzation (MN) ที่จำเป็นจะต้องมีการทดสอบความแม่นยำในการหาระดับแอนติบอดีที่มีต่อการติด เพื่อในประชากรด้วย

สาขาวิชา	ชีวเวชศาสตร์	ลายมือชื่อนิสิต จาริกา มาก	AY	
ปีการศึกษา	2555	ลายมือชื่ออ.ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์หลัก	Ora spr-	

5187763020 : MAJOR BIOMEDICAL SCIENCE

KEYWORDS: GENOME CHARACTERIZATION/INFLUENZA/ANTIBODY RESPONSE

JARIKA MAKKOCH: GENOME CHARACTERIZATION, MOLECULAR EVOLUTION AND ANTIBODY RESPONSE AGAINST INFUENZA A VIRUS

IN THAILAND. ADVISOR: PROF. YONG POOVORAWAN, MD., 144 pp.

The continuously sporadic outbreaks of influenza A virus in human and animal populations have impacts on public health problems and economic lost. Previous studies found that influenza virus has high mutation rates in antigenic drift process and antigenic shift process, which is the major cause of epidemic of influenza A virus worldwide. Epidemiological study, molecular evolution and immunological response in host cell against influenza A virus infection will be essential for evaluation and surveillance for being well-prepared and be able to control the current outbreak or future outbreaks. This study aimed to perform the genomic characterization, phylogenetic analysis, and mutational trend of influenza A virus circulated in Thailand, including the study of rapid test efficiency used in influenza A detection and the study of antibody response against influenza virus infection in Thai population. The study found that the human pandemic influenza virus H1N1 is the major influenza A virus circulating in Thailand during 2009-2012, which expressed in 3 peaks with the continuous and gradual mutation, while each clade of virus expressed some significant mutation points, which may affect the virus pathogenesis and transmission process. The rapid test used in influenza virus infection should be evaluated for the accuracy due to the gradual mutation. This study also found that influenza A virus infection will cause the antibody response in human which can be detected by using Haemagglutination Inhibition Test (HI) or Microneutralization (MN) assay which should be assessed before perform the test.

Field of Study: Biomedical Sciences Student's signature Academic Year: 2012 Advisor's Signature Year

ACKNOWLEDGEMENTS

First of all, I would like to express my devout gratitude and appreciation to my supervisor, Professor Yong Poovorawan for his encouragement, inspirational and motivational supports. Being his student, I could not ask for better role model who can sacrifice his own happiness for scientific research. Hopefully, I can pass my knowledge and research skills to other people like I have learned from him. I would like to extend my heartfelt thanks to all of my thesis examiners, Associate Professor Chantapong Wasi, Associate Professor Kanisak Oraveerakul, Associate Professor Chintana Chirathaworn, and Assistant Professor Sunchai Payungporn, who provided me many constructive feedbacks and guided me with valuable comments which inspired me a higher level of thinking. I would like to thank my training supervisor, Professor Paul Digard, University of Edinburgh, for his kind supports, teaching and all suggestions which make me extend my knowledge in pathogenesis of influenza virus. A would also express sincere thank for Dr.Xinhua Lu, Mr.David Wang from Centers for Disease Control and Prevention, Atlanta, USA for valuable training in Microneutralization techniques and also wonderful memories in Atlanta. I also want to give gratitude for Chula Dusadee Pipat Fund and Chulalongkorn University for scholarship and co-funding support. I would like to thank to Centers of Excellence in Clinical Virology, Faculty of Medicine and Faculty of Sciences, Chulalongkorn University, which make me view this wonderful world from new perspectives of study. Special thanks for Miss Slinporn Prachayangpreecha, who is willing to give her helping hands as soon as I am in need.

Finally, I am grateful to my beloved parents, who always support me and provide me wonderful will power, love and also carefree environment, so that I can concentrate on my study and I also know that they will always beside me and encourage me as long as they can in this long journey.

CONTENTS

		Page
Abstr	act in Thai	iv
Abstr	act in English	V
Ackn	owledgements	vi
Conte	ents	vii
List o	of Tables	viii
List o	of Figures	Χ
СНА	PTER	
I	General introduction	1
П	Whole genome characterization, phylogenetic and genome signature	
	analysis of human pandemic H1N1 virus in Thailand, 2009-2012	31
Ш	Evaluation of rapid influenza virus tests in patients with influenza-like	
	illness in Thailand	52
IV	Determination of antibody response to the human pandemic influenza	
	H1N1 2009 among patients with influenza-like-illness and high risk	
	groups	65
V	Erythrocyte binding preference of human pandemic influenza virus A and	
	its effect on antibody response detection	82
VI	Evaluation of H5N1 specific antibody in high risk people in Thailand	98
VII	Summarizing discussion	108
Refer	rences	116
Appe	Appendix	
Riography		1/1/

LIST OF TABLES

lable		Page
1	Characteristics and functions of several genes of influenza	2
2	Properties of techniques measuring antibody against influenza virus	23
3	Details of patients and pH1N1 influenza virus isolated in Thailand from	
	May 2009 to April 2012	36
4	Diversity percentages, selection pressure and substitution rates of 40	
	whole genome sequences of pH1N1 virus circulating in Thailand from May	
	2009 to April 2012	38
5	Amino acid residues of whole genome sequences of human pandemic	
	H1N1 influenza virus strains at 77 positions separated by genes	42
6	Amino acid residues of partial sequences of human pandemic H1N1	
	influenza virus strains at 7 positions separated by gene	45
7	Sensitivity and specificity of SD and QV rapid test based on age groups	59
8	Sensitivity and specificity of SD and QV rapid test based on types of	
	influenza virus	61
9	Sensitivity and specificity of SD and QV rapid test during high and low	
	season of influenza activity	62
10	Paired sera with real-time RT-PCR positive for human pandemic influenza	
	(H1N1)	75
11	Paired sera with real-time RT-PCR negative for human pandemic influenza	
	(H1N1)	77
12	HA titers of H1N1 obtained using 6 different erythrocyte	
	species	91
13	CT values of 8 hemagglutination unit serial dilutions for 4 erythrocyte	
	species of human pandemic H1N1 and seasonal H1N1, obtained using	
	real-time reverse transcription (RT)-PCR assays	92

LIST OF TABLES

Table	e	Page
14	GMTs, percent accuracy, and percent acceptability of HI assays obtained	
	with each erythrocyte species, compared to MN assay titers	93
15	Characteristics of population study of high risk people of h5N1 avian	
	influenza virus infection in Thailand	104
16	Neutralizing antibody titers against avian influenza virus (H5N1) among	
	high risk people in Thailand, determined by microneutralization (MN) assay	105
47		405
17	Characteristics of H5N1 antibody positive participants	105

LIST OF FIGURES

Figu	re	Pag
1	Influenza A virus particle	3
2	Host Range Restriction of Influenza A virus in 17 HA and 9 NA	6
3	Influenza virus Life Cycle	7
4	Antigenic drift and antigenic shift in influenza virus mutation processes	11
5	Timeline of Influenza Pandemics and Outbreaks	12
6	History of Reassortment Events in the Evolution of the 2009 Influenza A	
	(H1N1) Virus	17
7	Influenza A viruses activity in Thailand since 2009-2012, correlated with	
	relative humidity and temperature	19
8	Phylogenetic tree demonstrate the molecular evolution of influenza A virus	20
9	Principle of hemagglutination (HA) andhemagglutination inhibition (HI)	
	Test	24
10	Phylogenetic tree of concatenated sequences of pH1N1 influenza viruses	
	circulating in Thailand during 2009-2012	39
11	Phylogenetic tree of the HA gene of pH1N1 influenza viruses circulating in	
	Thailand during 2009-2012	40
12	Genome signatures in amino acid residues of human pandemic H1N1 in	
	Thailand during 2009-2011	42
13	Percentage of NP Swab Samples Positive for Influenza Viruses in Thailand	
	during 2010-2011	64
14	Sero-conversion of HI titer in patients with influenza-like illness	76
15	Antibody titers against the human pandemic influenza (H1N1) in single sera	
	obtained from various groups	79
16	HA crystal structure showed antigenic sites of A/California/04/2009	110
17	Structure of N-acetyl and N-glycolylneuraminic acids	113
18	Structure of 2 types of glycosidic linkage of sialic receptor	113

LIST OF FIGURES

Figure		
19	Antibody titer against influenza A pandemic (H1N1) 2009 by	
	hemagglutination inhibition (HI) test on days 10, 24, and 42 of life of the	
	patient	140