

- หัวข้อวิจัย** บทบาทของยุงชนิดต่างๆและพฤติกรรมเสี่ยงของยุงที่ส่งเสริมในการเป็นพาหะนำโรคอาร์โบไวรัส จากกรณีศึกษาในพื้นที่ระบาดโรคชิคุนกุนยาสายพันธุ์แอฟริกันในประเทศไทยพ.ศ.2551-2552
- ชื่อผู้วิจัย** ดร. ปิติ มงคลกลางกูร¹, ดร. คณิงนิช คงพ่วง², นพรัตน์มงคลกลางกูร³
- หน่วยงาน** 1. กองโรคติดต่อนำโดยแมลง กรมควบคุมโรค
2. สาขาวิชาเทคนิคการแพทย์ คณะวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี มหาวิทยาลัยราชภัฏบ้านสมเด็จเจ้าพระยา
3. กองโรคติดต่ออุบัติใหม่ กรมควบคุมโรค
- ปีงบประมาณ** 2552

บทคัดย่อ

โรคชิคุนกุนยาเป็นโรคติดต่อนำโดยแมลงชนิดหนึ่งซึ่งเชื้อก่อโรคเป็นไวรัสในวงศ์ Togaviridae สกุล Alphavirus ในประเทศไทยพบโรคนี้ไม่มากนักในแต่ละปี สายพันธุ์ที่พบเป็นสายพันธุ์เอเชีย แต่ในปีพ.ศ. 2551 – พ.ศ. 2552 เกิดการระบาดครั้งใหญ่มีหลายประเทศในโลกได้รับผลกระทบจากโรคนี้ รวมถึงประเทศไทยด้วย เชื้อก่อโรคที่ทำให้เกิดการระบาดเป็นสายพันธุ์แอฟริกันกลายพันธุ์ซึ่งเป็นสายพันธุ์ที่ไม่เคยพบในประเทศไทย ดังนั้นจึงถือว่าเป็นโรคติดต่ออุบัติใหม่ องค์การอนามัยโลกรายงานว่ายุงพาหะนำโรคคือยุงลายบ้าน (*Aedes aegypti*) และยุงลายสวน (*Aedes albopictus*) โดยเฉพาะยุงลายสวนถูกกล่าวถึงมากที่สุดว่าเป็นพาหะหลักในการระบาดนี้ การศึกษานี้เป็นการศึกษาในช่วงการระบาดของโรคโดยมีวัตถุประสงค์เพื่อศึกษายุงพาหะหลักที่ทำให้เกิดการระบาดของโรคในประเทศไทยว่าเป็นยุงลายบ้านหรือยุงลายสวน และเพื่อศึกษายุงชนิดอื่นสามารถเป็นพาหะได้หรือไม่ โดยดูจากอัตราการติดเชื้อของยุงและพฤติกรรมเสี่ยงของยุงเหล่านี้ที่จะแพร่โรคมายังคน โดยดูจากอัตราการติดเชื้อของยุงที่จับได้ในบ้านเปรียบเทียบกับนอกบ้านและความสามารถในการถ่ายทอดเชื้อจากแม่ยุงสู่รุ่นลูกโดยผ่านทางไข่ยุง อันจะเป็นประโยชน์ในการเฝ้าระวังป้องกันและควบคุมยุงพาหะนำโรคได้ถูกต้องตามชนิดของยุง วิธีการศึกษานี้เก็บตัวอย่างยุงและเก็บตัวอย่างลูกน้ำทุกชนิดทั้งเพศผู้ และเพศเมียที่อาศัยอยู่ในบ้านและนอกบ้านที่มีประวัติพบผู้ป่วยโรคชิคุนกุนยา รวมถึงบ้านใกล้เคียงที่อยู่ภายในรัศมี 100 เมตรจากบ้านผู้ป่วย นำไปตรวจหาเชื้อไวรัสก่อโรคโดยวิธี RT-PCR พื้นที่เก็บตัวอย่างยุงและลูกน้ำคือ

จังหวัดชุมพร ตรัง ประจวบคีรีขันธ์ ภูเก็ต สงขลา และสตูล ผลการศึกษาสรุปได้ว่ายุงพาหะหลักนำโรคชิคุนกุนยาในภาคใต้ของประเทศไทยมี 2 ชนิดคือ ยุงลายบ้าน และยุงลายสวน พบว่ายุงลายบ้านมีอัตราการติดเชื้อสูงกว่ายุงลายสวน *Aedes aegypti* (MIR=112.32, RIR=16.67%) > *Aedes albopictus* (MIR=23.02, RIR=14.29%) แต่อย่างไรก็ตามพบว่ายุงลายสวนเป็นพาหะหลักของโรคชิคุนกุนยาสายพันธุ์แอฟริกันกลายพันธุ์ในภาคใต้ของประเทศไทยเช่นเดียวกันกับในประเทศอื่นๆ จากข้อมูลพฤติกรรมของยุงลายสวนพบว่าชอบอาศัย และหากินอยู่นอกบ้าน (ยุงเพศเมียอาศัยหรือหากิน ในบ้าน(0.43%) น้อยกว่านอกบ้าน(99.57%) และ MIR ในบ้าน = 0, MIR นอกบ้าน = 23.12) ดังนั้นจึงมีโอกาที่จะแพร่โรคสู่ประชาชนที่ทำงานอยู่นอกบ้านและเกษตรกรที่ต้องทำงานในป่าในสวนได้มากและทำให้โรคกระจายตัวได้กว้างไกลกว่ายุงลายบ้าน ส่วนยุงชนิดอื่นที่อาจเป็นพาหะนำโรคชิคุนกุนยาได้ คือ *Mansonia uniformis* (MIR=1,000, RIR=100%) = *Culex vishnui* (MIR=1,000, RIR=100%) > *Coquillettidia crassipes* (MIR=333.33, RIR=33.33%) > *Culex quinquefasciatus* (MIR=15.91, RIR=5.88%) และ *Armigeres subalbatus* (พบเชื้อเฉพาะในยุงเพศผู้) นอกจากนี้ยังพบว่าไวรัสโรคชิคุนกุนยาสายพันธุ์แอฟริกันกลายพันธุ์สามารถส่งผ่านจากแม่ยุงไปสู่รุ่นลูกได้โดยผ่านทางไข่ด้วย (Transovarial transmission) ซึ่งถือเป็นความเสี่ยงในการนำโรคมาสู่คนเนื่องจากยุงเหล่านี้กินเลือดคนด้วย จึงควรมีการเฝ้าระวังยุงพาหะเหล่านี้และโรคชิคุนกุนยาในกลุ่มเกษตรกรอย่างต่อเนื่อง

คำสำคัญ : โรคชิคุนกุนยา, ยุงลายบ้าน, ยุงลายสวน, MIR: minimum infection rate, RIR; relative infection rate (%), Transovarial transmission, พฤติกรรมเสี่ยงของยุงในการแพร่โรค

Title: The role of other mosquito species and their risk behaviors which support their vector capacity to transmit arbovirus diseases : Lesson learn from the African Chikungunya outbreak in Thailand, 2008-2009

Researcher: Dr. Piti Mongkalagoon¹, Dr. Kanungnit Kongpuang², Noparat Mongkalagoon³

Academic: 1. Vector - Borne Diseases Division
2. Program of Medical Technology, Faculty of Science and Technology,
Rajabhat Ban Somdej Chao Praya University
3. Emerging of Infectious Diseases Division

Year: 2009

ABSTRACT

Chikungunya is the vector-borne disease which causes by RNA virus in the family: Togaviridae and genus: Alphavirus. In Thailand is found sparsely each year. The virus strain which found in Thailand is the Asian genotype. There was the big outbreak of Chikungunya in the world during 2008 – 2009. Many countries in the world were affected by this disease, including Thailand. The chikunkunya virus that caused the pandemic outbreak was the Africa mutant genotype. This species had never been found in Thailand, therefore, it was considered to be an emerging infectious disease of Thailand. World Health Organization reported that the vectors of these events were *Aedes aegypti* and *Aedes albopictus*. Especially, *Aedes albopictus* was incriminated to be the main vector in the most outbreaking countries. This study performed during the outbreak with the objectives of studying; 1) to confirm which species was the primary vectors involved in the outbreak between *Aedes aegypti* and *Aedes albopictus*, 2) to find the other possible mosquito vectors of this chikungunya virus in Thailand by determination of the viral infection rate of mosquitoes and risk behavior of these mosquitoes to transmit disease to humans by comparing of the infection rates of the mosquitoes captured in the house to those outside the house, and 3) to study their ability to transmit the virus from mother to her offspring via the eggs

(Transovarial transmission). These will be useful in surveillance, prevention and control of mosquitoes that carried disease properly according to each type of mosquito. The study focused on the adult mosquitoes and larvae of all species of male and female which found inside and outside of the patients' houses, the houses which had the history of chikungunya patient and nearby houses that stayed within the range of 100 m from patients' houses. We detected the virus by RT-PCR. The study sites were in Chumphon, Trang, Prachuap Khiri Khan, Phuket, Songkhla and Satun. The results of the study concluded that there are two primary mosquito vectors of the disease in Southern Thailand. It is *Aedes aegypti* and *Aedes albopictus*. The inflection rate of *Aedes aegypti* (MIR=112.32, RIR=16.67%) is higher than *Aedes albopictus* (MIR=23.02, RIR=14.29%). However, *Aedes albopictus* is the main vector of African mutant chikungunya in Southern Thailand as in other countries. Based on behavioral data of *Aedes albopictus*, it likes to live and feed outside the houses (Female mosquitoes live and feed in the houses (0.43%) < outside the houses (99.57%) and MIR in the houses = 0, MIR outside the houses = 23.12). Therefore, it had more chance to spread the disease to the people who worked outdoor and the farmers who worked in the forest, orchards and gardens than *Aedes aegypti*. Other mosquito species which may be the vectors of this disease are *Mansonia uniformis* (MIR=1,000, RIR=100%) = *Culex vishnui* (MIR=1,000, RIR=100%) > *Coquillettidia crassipes* (MIR=333.33, RIR=33.33%) > *Culex quinquefasciatus* (MIR=15.91, RIR=5.88%) and *Armigeres subalbatus* (positive in male) In addition, we found that the African mutant chikungunya virus can be transferred from mother mosquito to the next generation via eggs (Transovarial transmission). So, there should be monitoring for these mosquito vectors and chikungunya among the farmers, continuously.

Keywords: Chikunkunya, *Aedes aegypti*, *Aedes albopictus*, MIR: minimum infection rate, RIR; relative infection rate (%), Transovarial transmission, Risk behavior of mosquitoes to transmit disease