

การศึกษาอนุกรรมวิรานของเชื้อมัยโคแบคทีเรียชนิดเจริญเรื้อร
ที่แยกได้จากผู้ป่วยและลึกล้ำม



นาย สมศักดิ์ เหตุยุทธวงศ์

วิทยานิพนธ์นี้เป็นส่วนหนึ่งของการศึกษาตามหลักสูตรปริญญาวิทยาศาสตร์รวม habilitat

สาขาวิชาวิทยาทางการแพทย์

บัณฑิตวิทยาลัย จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

พ.ศ. 2532

ISBN 974-576-556-2

ลิขสิทธิ์ของบัณฑิตวิทยาลัย จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

015342

11030518X

NUMERICAL TAXONOMY STUDY OF THE RAPIDLY GROWING MYCOBACTERIA
ISOLATED FROM PATIENTS AND ENVIRONMENTS

MR. SOMSAK RIENTHONG

A Thesis Submitted in Partial Fulfillment of the Requirements

for the Degree of Master of Science

Inter-Department of Medical Microbiology

Graduate School

Chulalongkorn University

1989

ISBN 974-576-556-2



หัวข้อวิทยานิพนธ์ การศึกษาอนุกรรมวิรานของเชื้อมัยโคแบคทีเรียชนิดเจริญเรื้อรังที่แยกได้จากผู้ป่วยและสิ่งแวดล้อม

โดย นาย สมศักดิ์ เหตุยฤทธิ์
สาขาวิชา จุลชีววิทยาทางการแพทย์
อาจารย์ที่ปรึกษา อ.นายลัตตัวแพทย์ ดร. เกรียงศักดิ์ สายธนู
ผู้ช่วยศาสตราจารย์ สุเมธ วัชรชัยสุรพล

บังคับวิทยาลัย จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย อนุมัติให้นับวิทยานิพนธ์ ฉบับนี้ เป็นล่วงหนึ่ง
ของการศึกษาตามหลักสูตรปริญญามหาบัณฑิต

..... คณบดีบังคับวิทยาลัย

คณะกรรมการสอบวิทยานิพนธ์

๑๐๑ ๑๗๖๗๘๕ ประธานกรรมการ

(รองศาสตราจารย์ นายแพทย์ ติลก เย็นบุตร)

..... กรรมการ

(อ.นายลัตตัวแพทย์ ดร. เกรียงศักดิ์ สายธนู)

..... กรรมการ

(ผู้ช่วยศาสตราจารย์ สุเมธ วัชรชัยสุรพล)

..... กรรมการ

(ศาสตราจารย์ นายแพทย์ ชัยเวช นุชประยูร)

..... กรรมการ

(รองศาสตราจารย์ 医師 พรรภ. อัมวิทยา)



พิมพ์ต้นฉบับหากัดข้อวิทยานิพนธ์ภายในกรอบสีเขียวนี้เพียงแผ่นเดียว

สมศักดิ์ เหรียญทอง : การศึกษาอนุกรมวิธานของเชื้อมัยโคแบคทีเรียชนิดเจริญเร็วที่แยกได้จากผู้ป่วยและสิ่งแวดล้อม (NUMERICAL TAXONOMY STUDY OF RAPIDLY GROWING MYCOBACTERIA ISOLATED FROM PATIENTS AND ENVIRONMENTS) อ.พีปรีกษา : อ.นายสัตวแพทย์ ดร.เกรียงศักดิ์ สายธนู, 107 หน้า.

เชื้อมัยโคแบคทีเรียชนิดเจริญเร็วที่แยกได้จากสิ่งแวดล้อมจำนวน 53 สายพันธุ์, จากผู้ป่วย 36 สายพันธุ์ และเชื้อที่ได้พิสูจน์ชนิดแล้วอีกจำนวน 24 สายพันธุ์ รวมทั้งสิ้น 113 สายพันธุ์ นำมาศึกษาการจัดกลุ่มโดยวิธี Numerical taxonomy โดยทำการศึกษาลักษณะทั้งสิ้น 120 ลักษณะ การคำนวณค่าความคล้ายคลึงกันระหว่างสายพันธุ์โดยใช้ simple matching coefficient (S_{sm}) และ Jaccard coefficient (S_j) ซึ่งจัดแบ่งกลุ่มโดยใช้ unweighted pair group method with the arithmetic averages (UPGMA) technique ผลการศึกษาพบว่าหัว S_{sm} /UPGMA และ S_j /UPGMA จะให้ผลคล้ายคลึงกัน และจากการวิเคราะห์ S_{sm} /UPGMA ที่ระดับความคล้ายคลึง 80% เชื้อจะแบ่งกลุ่มกันได้ 12 กลุ่ม จำนวน 100 สายพันธุ์ โดยกลุ่มที่ 2,4,5,6,7,8,10 และกลุ่มย่อย 11A เป็นเชื้อ M. flavescens, M. fortuitum, M. chelonei subsp abscessus, M. chitae, M. chelonei subsp chelonei, M. austroafricanum, M. phlei และ M. neolactis ตามลำดับ ที่เหลือนอกนั้นเป็นกลุ่มของ unclassified mycobacteria.

ภาควิชา สาขาวิชา
สาขาวิชา จุลชีววิทยาทางการแพทย์
ปีการศึกษา 2532

ลายมือชื่อนิติ
ลายมือชื่ออาจารย์ที่ปรึกษา

พิมพ์ด้วยน้ำหมึกด้วยวิทยานิพนธ์ภาษาไทยในกรอบสีเขียวนี้เพียงแผ่นเดียว



SOMSAK RIENTHONG : NUMERICAL TAXONOMY STUDY OF RAPIDLY GROWING
MYCOBACTERIA ISOLATED FROM PATIENTS AND ENVIRONMENTS. THESIS
ADVISOR : INSTRUCTOR KRIENGSAK SAITANU, D.V.M., PH.D. 107 PP.

A total of 113 strains of rapidly growing mycobacteria which isolated from environment 53 strains, 36 strains from patients, and 24 reference strains were compared in a numerical taxonomic study using 120 unit characters. Similarity between strains were computed by using the simple matching coefficient and the jaccard coefficient. The clustering of the strains studied were achieved using the unweighted pair group method with the arithmetic averages (UPGMA) technique. Results from the two methods have similar cluster composition. At the 8 % similarity level of the simple matching coefficient a total of 100 from 113 organisms studied were divided into 12 clusters. Cluster 2,4,5,6,7,8,10, and subcluster 11A were identified as M. flavescens, M. fortuitum, M. chelonei subsp abscessus, M. chitae, M. chelonei subsp chelonei, M. austroafricanum, M. phlei and M. neolactis, respectively. The other clusters were unclassified mycobacteria.

ภาควิชา สาขาวิชารวม
สาขาวิชา จุลชีววิทยาทางการแพทย์
ปีการศึกษา 2532

ลายมือชื่อนักศึกษา
ลายมือชื่ออาจารย์ที่ปรึกษา



กิตติกรรมประกาศ

ขอขอบพระคุณ อาจารย์ นายสัตวแพทย์ ดร. เกรียงศักดิ์ สายชู อาจารย์ที่ปรึกษา และควบคุมตลอดจนให้คำแนะนำงานวิทยานิพนธ์สำเร็จลงได้

ขอขอบพระคุณ ผู้ช่วยศาสตราจารย์ สุเมธ วัชระชัยสุรพล หัวหน้าภาควิชาศิรรัมคอมพิวเตอร์ อาจารย์ที่ปรึกษาร่วม ที่ให้คำแนะนำเกี่ยวกับข้อมูลคอมพิวเตอร์

ขอขอบพระคุณ แพทย์หญิง ศรีบุศย์ วงศ์วัฒน์ โรงพยาบาลโรคทางอကนนทบุรี ที่ให้คำแนะนำเกี่ยวกับข้อมูลของผู้ป่วยที่ใช้ในการศึกษาครั้งนี้

ขอขอบพระคุณ น.พ.สุชาติ ตารามาศ อธิศษฐ์อำนวยการกองวัสดุরักษ์ที่ให้การสนับสนุน และอนุมัติให้ล่าศึกษาต่อได้

ขอขอบพระคุณ บัณฑิตวิทยาลัย จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย ที่ได้ให้ทุนอุดหนุนการวิจัยใน การทำวิทยานิพนธ์ ครั้งนี้

ขอขอบคุณ คุณ นวรัตน์ จาวุจินดา, เจ้าหน้าที่ทุกท่านในหน่วยอุดหนุนวิจัย ภาค วิชาพยาธิวิทยา คณะสัตวแพทยศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย ที่ได้ให้ความช่วยเหลือเกี่ยวกับ ด้านปฏิบัติการในระหว่างการวิจัย โดยเฉพาะของขอบพระคุณ คุณอุดม ฤทธิ์ ที่ช่วยในการเก็บ ตัวอย่างจากสิ่งแวดล้อมทั้งหมด

ท้ายสุดขอบคุณ คุณ ชนิดา เหรียญทอง ภารຍาของผู้วิจัยที่ช่วยเหลือด้านการ เตรียมข้อมูล ตลอดจนให้กำลังใจจนกระทั่ง วิทยานิพนธ์ฉบับนี้สำเร็จโดยสมบูรณ์

สมศักดิ์ เหรียญทอง



สารบัญ

หน้า

บทคัดย่อภาษาไทย	๔
บทคัดย่อภาษาอังกฤษ	๕
กิตติกรรมประกาศ	๖
รายการตารางประจำ	๗
รายการรูปประจำ	๘

บทที่

1. บทนำ	1
2. อุปกรณ์และวิธีการ	9
3. การทดสอบลักษณะต่าง ๆ และการวิเคราะห์ทางคอมพิวเตอร์	20
4. ผลการทดลอง	45
5. วิจารณ์ผลการทดลอง	74
6. สรุปผลการทดลอง และ ข้อเสนอแนะ	79
บรรณานุกรม	81
ภาคผนวก	94
ประวัติ	107

รายการตารางประกอบ

ตารางที่	หน้า
1. รายชื่อของเชื้อมัมมิคแบบคิวเรียในปัจจุบัน	4
2. สรุปโรคต่างๆ ที่เกิดจากเชื้อมัมมิคแบบคิวเรีย	5
3. สถานที่เก็บตัวอย่างชนิดต่างๆ	14
4. แหล่งที่มาของเชื้อที่แยกได้จากลึกล้อมที่นำมาศึกษา Numerical Taxonomy	16
5. แหล่งที่มาของเชื้อที่แยกได้จากผู้ป่วย	17
6. แหล่งที่มาของเชื้อมัมมิคแบบคิวเรียที่พิสูจน์ชนิดแล้ว (reference strain)	18
7. กลุ่มลักษณะ, ลักษณะ, จำนวนลักษณะ ที่ใช้ทดสอบ และลักษณะของการทดสอบ	38
8. จำนวนเชื้อมัมมิคแบบคิวเรียที่แยกได้จากการตัวอย่างลึกล้อมต่างๆ	46
9. ลักษณะที่เป็นบางและลบของเชื้อทุกสายพันธุ์ที่ทดสอบ	52
10. เปรียบเทียบจำนวนกลุ่ม (cluster) และจำนวนเชื้อที่อยู่ในแต่ละกลุ่มซึ่ง ได้จากการวิเคราะห์แบบ S_{sm} /UPGMA และ S_3 /UPGMA ..	57
11. สายพันธุ์ที่ไม่จัดอยู่ในกลุ่ม (unclustering strain) โดย วิธี S_{sm} /UPGMA และ S_3 /UPGMA ..	59
12. เชื้อมัมมิคแบบคิวเรียที่อยู่ในกลุ่มที่ 1-12 ซึ่งจัดกลุ่มโดยวิธี S_{sm} /UPGMA ที่ระดับความคล้ายคลึง 80 %	60
13. ผลการทดสอบลักษณะต่างๆ ของเชื้อในแต่ละกลุ่ม	65
14. ลักษณะสำคัญที่ใช้ในการแบ่งกลุ่มต่างๆ	72
15. ความแตกต่างที่สำคัญของลักษณะของเชื้อในกลุ่มที่นิยel (กลุ่มที่ 4-7) ..	73
16. ลักษณะแตกต่างที่สำคัญของเชื้อในกลุ่มย่อยที่ 11A-11D	73

รายการรูปประกอบ

รูปที่

หน้า

1. บริเวณที่เก็บตัวอย่างจากเขต กม. (ก) และจังหวัด ใกล้เคียงที่ติดทะเล (ข)	12
2. แผนผังแสดงขั้นตอนการแยกเชื้อมัยไคแบคทีเรียจากตัวอย่างต่างๆ	13
3. เดโนโกราฟ (Dendrogram) การแบ่งกลุ่มของเชื้อแบค S_{sm} /UPGMA โดยจัดแบ่งกลุ่มที่ 80 % ความคล้ายคลึง	53
4. เดโนโกราฟ (Dendrogram) การแบ่งกลุ่มของเชื้อแบค S_j /UPGMA ..	54
5. Simplified Dendrogram การจัดกลุ่มแบบ S_{sm} /UPGMA	55
6. Simplified Dendrogram การจัดกลุ่มแบบ S_j /UPGMA	56