

ผลการศึกษาการเปลี่ยนแปลงสายพันธุ์ไข้หวัดใหญ่

ด้วยวิธี Gene sequencing

สถาบันวิจัยวิทยาศาสตร์สาธารณสุข กรมวิทยาศาสตร์การแพทย์ ได้สุ่มตัวอย่างเชื้อไข้หวัดใหญ่ที่แยกได้ในระบบเฝ้าระวังของกรมวิทยาศาสตร์การแพทย์และระบบบริการตรวจวิเคราะห์ทางห้องปฏิบัติการ ระหว่าง เดือนตุลาคม ถึง ธันวาคม 2559 มาศึกษาการเปลี่ยนแปลงสายพันธุ์ ด้วยวิธี Gene sequencing พบว่า ตัวแทนของเชื้อไข้หวัดใหญ่ที่แยกได้ เมื่อเปรียบเทียบกับสายพันธุ์วัคซีนมีสัดส่วนดังนี้

สายพันธุ์ที่แยกได้ในประเทศไทยระหว่างเดือนตุลาคม – ธันวาคม 2559					
pdmA(H1N1)	ร้อยละ	A (H3N2)	ร้อยละ	B	ร้อยละ
A/Michigan/45/2015 (H1N1)	100	A/Hong Kong/4801/2014 (H3N2)	100	B/Brisbane/60/2008 (Victoria lineage)	82
				B/Phuket/3073/2013 (Yamagata lineage)	18

จากข้อมูลการเฝ้าระวัง จะเห็นได้ว่าในช่วง 3 เดือนที่ผ่านมา มี 2 สายพันธุ์คือ A/Michigan/45/2015 (H1N1) และ B/Phuket/3073/2013 ที่ไม่ตรงกับสายพันธุ์วัคซีนที่ใช้ในประเทศไทยเมื่อปีที่ผ่านมามี แต่มีความคล้ายคลึงกับสายพันธุ์วัคซีนที่องค์การอนามัยโลกได้ประกาศใช้สำหรับ ประเทศซีกโลกใต้ในปี 2560 อย่างไรก็ตามประเทศไทยจะนำเข้าวัคซีนดังกล่าวได้ราว เดือนเมษายน 2560 เนื่องจากบริษัทผู้ผลิตวัคซีนต้องใช้เวลาในการผลิตและทดสอบประสิทธิภาพรวมถึงความปลอดภัย ส่วนวัคซีนทางซีกโลกเหนือจะระงาศีใช้ประมาณเดือนกุมภาพันธ์นี้ และจะนำเข้าประเทศไทยราว เดือนตุลาคม 2560

- It is recommended that trivalent vaccines for use in the 2017 influenza season (Southern hemisphere winter) contain the following:

- an A/Michigan/45/2015 (H1N1)pdm09- like virus;
- an A/Hong Kong/4801/2014 (H3N2)-like virus;
- a B/Brisbane/60/2008-like virus.

It is recommended that quadrivalent vaccines containing two influenza B viruses contain the above three viruses and a B/Phuket/3073/2013 virus

