

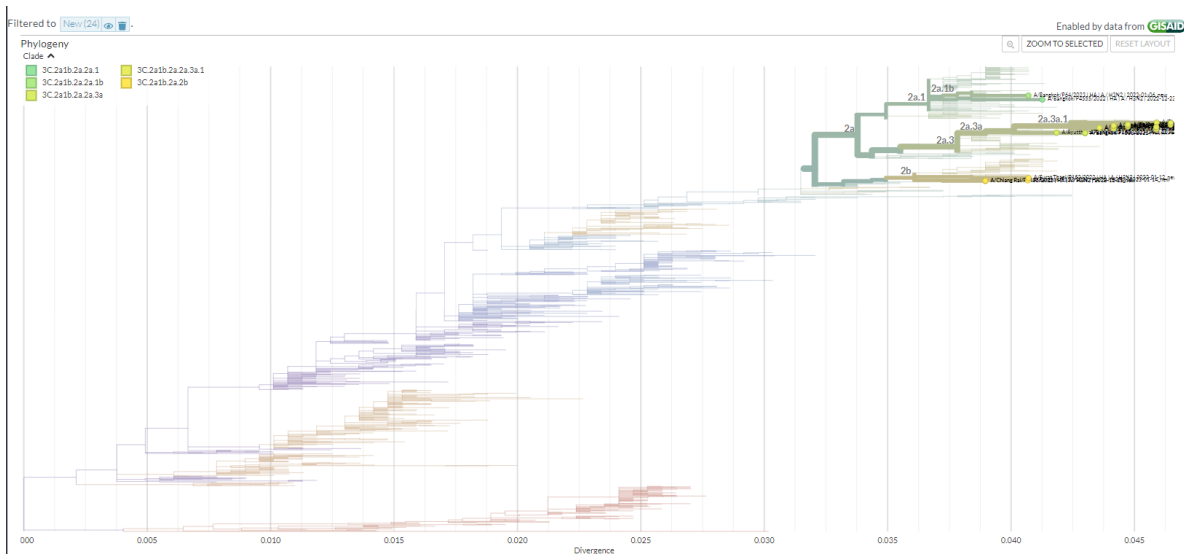
รายงานการเปลี่ยนแปลงสายพันธุ์ไข้หวัดใหญ่ระหว่าง 1 ต.ค. 2565 – 19 เม.ย. 2566
โดย ศูนย์ไข้หวัดใหญ่แห่งชาติ สถาบันวิจัยวิทยาศาสตร์สาธารณสุข กรมวิทยาศาสตร์การแพทย์

คัดเลือกตัวอย่างจากผู้ป่วยที่มีอาการคล้ายไข้หวัดใหญ่ (ILI) ผู้ป่วยที่มีอาการรุนแรง ปอดบวม ปอดอักเสบ (SARI) จากระบบเฝ้าระวังโรคไข้หวัดใหญ่และไข้หวัดนก โดยกระทรวงสาธารณสุข ระหว่างวันที่ 1 ต.ค. 2565 – 19 เม.ย. 2566 มาศึกษาสายพันธุ์ของเชื้อไข้หวัดใหญ่ด้วยวิธี whole genome sequencing ผลการศึกษาพบสายพันธุ์เชื้อไข้หวัดใหญ่ที่กำลังระบาดส่วนใหญ่คล้ายคลึงกับสายพันธุ์วัคซีนที่องค์การอนามัยโลกประกาศใช้สำหรับประเทศทางซีกโลกใต้ในปี พ.ศ. 2566 โดยเชื้อในกลุ่ม A/(H3N2) มีความคล้ายคลึงกับสายพันธุ์ A/Darwin/9/2021 (H3N2)-like virus เชื้อไข้หวัดใหญ่ชนิด B มีความคล้ายคลึงกับสายพันธุ์ B/Austria/1359417/2021 (Victoria lineage) และเชื้อไข้หวัดใหญ่ชนิด A/H1N1pdm09 มีความคล้ายคลึงกับสายพันธุ์ A/Sydney/5/2021 (H1N1)pdm09-like virus

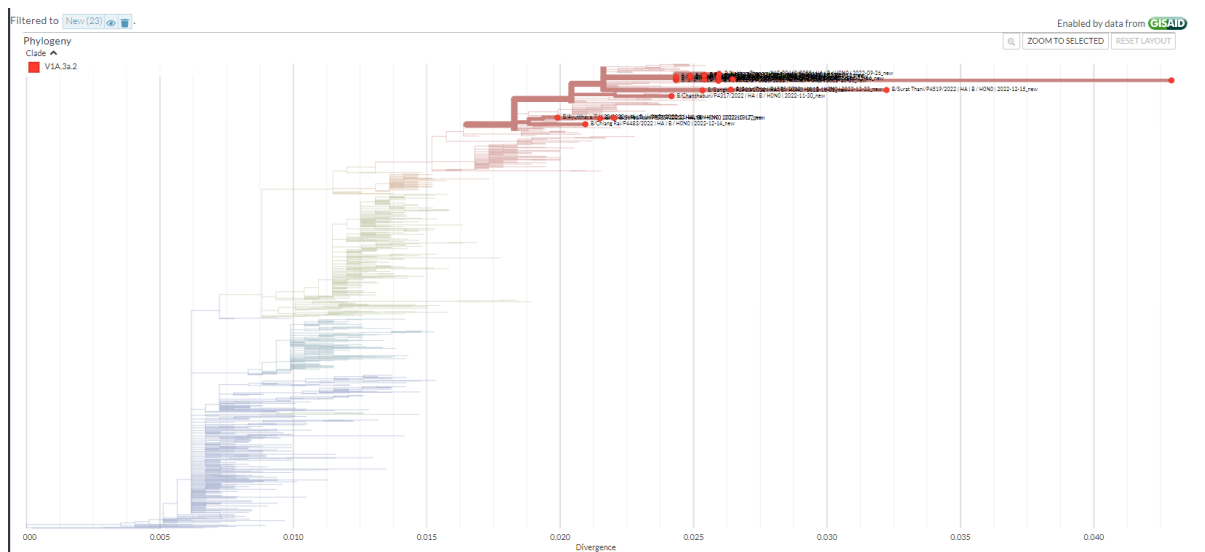
โดยสายพันธุ์วัคซีนป้องกันไข้หวัดใหญ่แบบ quadrivalent vaccines ที่กระทรวงสาธารณสุขฉีดให้กลุ่มเป้าหมายในเดือนมิถุนายน 2566 เป็นวัคซีนที่ใช้สำหรับประเทศทางซีกโลกใต้ประกอบด้วยเชื้อ 4 สายพันธุ์คือ

- an A/Sydney/5/2021 (H1N1)pdm09-like virus;
- an A/Darwin/9/2021 (H3N2)-like virus;
- a B/Austria/1359417/2021 (B/Victoria lineage)-like virus; and
- a B/Phuket/3073/2013 (B/Yamagata lineage)-like virus.

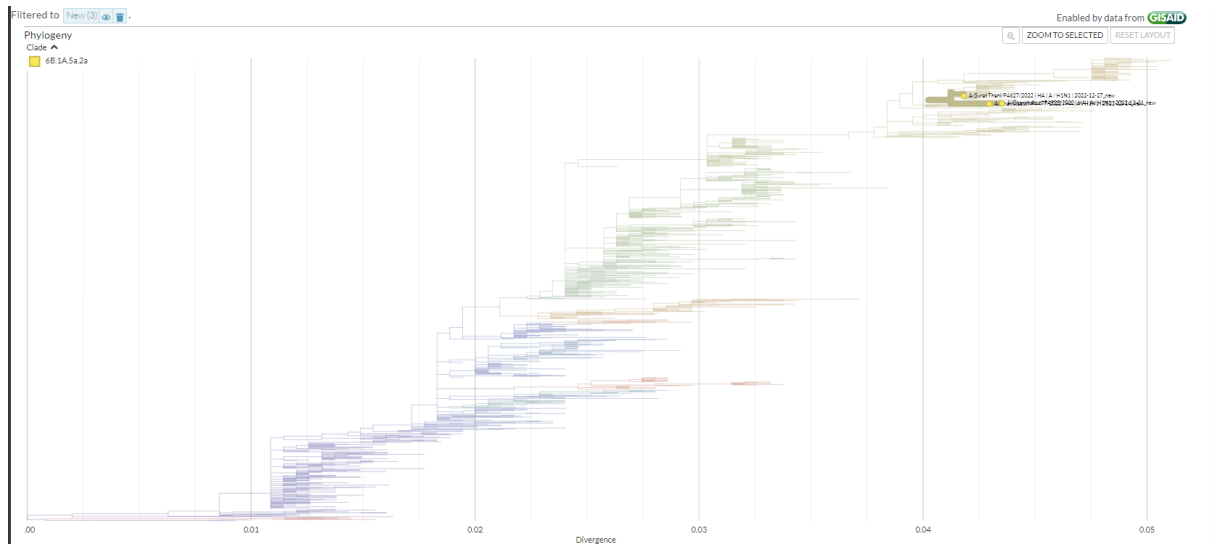
ผลการศึกษาการเปลี่ยนแปลงสายพันธุ์เชื้อไวรัสไข้หวัดใหญ่ที่ตรวจพบระหว่างวันที่ 1 ต.ค. 2565 – 19 เม.ย. 2566 ด้วยวิธี next generation sequencing จำนวน 360 สายพันธุ์พบว่าตัวแทนของเชื้อไข้หวัดใหญ่ที่แยกได้จากตัวอย่างผู้ป่วยไข้หวัดใหญ่ชนิด A/H3 จำนวน 218 สายพันธุ์ เป็นสายพันธุ์ A/Darwin/9/2021 (H3N2)-like virus โดยจัดอยู่ใน Clade 3C.2a1b.2a.2 ดังแสดงในรูปที่ 1 เชื้อไข้หวัดใหญ่ชนิด B จำนวน 71 สายพันธุ์ จัดอยู่ในกลุ่ม Victoria lineage โดยมีความคล้ายคลึงกับสายพันธุ์ B/Austria/1359417/2021 (Victoria lineage) และจัดอยู่ใน Clade VIA.3a.2 แสดงในรูปที่ 2 ส่วนเชื้อไข้หวัดใหญ่ชนิด A/H1N1 pdm09 ซึ่งพบเป็นส่วนน้อยจำนวน 11 สายพันธุ์ เป็นสายพันธุ์ A/Sydney/5/2021 (H1N1)pdm09-like virus จำนวน 10 สายพันธุ์ จัดอยู่ใน Clade 6B.1A.5a.2 และเป็นสายพันธุ์ A/Guangdong-Maonan/SWL1536/2019 จำนวน 1 สายพันธุ์ จัดอยู่ใน Clade 6B.1A.5a.1 แสดงในรูปที่ 3 ซึ่งสายพันธุ์ที่ตรวจพบในประเทศไทยส่วนใหญ่สอดคล้องกับสายพันธุ์ที่กระทรวงสาธารณสุขฉีดให้กลุ่มเป้าหมายในเดือนมิถุนายน 2566 ซึ่งเป็นวัคซีนที่ประกาศใช้สำหรับประเทศทางซีกโลกใต้ในปี 2023



รูปที่ 1 แสดง Phylogenetic tree ของเชื้อไข้หวัดใหญ่ชนิด A/H3 ที่แยกได้จากตัวอย่างผู้ป่วย พบคล้ายคลึงกับสายพันธุ์ [A/Darwin/9/2021 \(H3N2\)-like virus](#) โดยจัดอยู่ใน Clade 3C.2a1b.2a.2



รูปที่ 2 แสดง Phylogenetic tree ของเชื้อไข้หวัดใหญ่ชนิด B ที่แยกได้จากตัวอย่างผู้ป่วย พบคล้ายคลึงกับสายพันธุ์ [B/Austria/1359417/2021](#) โดยจัดอยู่ใน VIA.3a.2



รูปที่ 3 แสดง Phylogenetic tree ของเชื้อไข้หวัดใหญ่ชนิด A/ H1N1pdm09 ที่แยกได้จากตัวอย่างผู้ป่วย พบ คล้ายคลึงกับสายพันธุ์ A/Sydney/5/2021 (H1N1)pdm09-like virus โดยจัดอยู่ใน Clade 6B.1A.5a.2

และเมื่อศึกษาตำแหน่งการกลายพันธุ์บนยีน Neuraminidase (NA) ของเชื้อไข้หวัดใหญ่ชนิด A/H3 ไม่พบยีนที่บ่งชี้การดื้อยาที่ตำแหน่ง E119I/V, R224K, R292K และ N294S สำหรับตำแหน่งการกลายพันธุ์บน ยีน NA ของเชื้อไข้หวัดใหญ่ชนิด B ไม่พบยีนที่บ่งชี้การดื้อยาที่ตำแหน่ง E119A/D/G/V, R152K, I222L, R292K และ R374K ส่วนตำแหน่งการกลายพันธุ์บนยีน NA ของเชื้อไข้หวัดใหญ่ชนิด A/ H1N1pdm09 ไม่พบยีนที่บ่งชี้ การดื้อยาที่ตำแหน่ง E119V, Y155H, H275Y, R293K และ N295S อ้างอิงข้อมูลตำแหน่งการกลายพันธุ์จาก องค์การอนามัยโลก ลงวันที่ 3 พฤษภาคม 2565

อย่างไรก็ตามการเฝ้าระวังโรคการเปลี่ยนแปลงสายพันธุ์ไข้หวัดใหญ่ยังคงมีความสำคัญและจำเป็นต้อง เฝ้าระวังอย่างต่อเนื่อง เพื่อให้ทราบอุบัติการณ์แนวโน้มการระบาดใหญ่ การกลายพันธุ์ และการเปลี่ยนแปลง สายพันธุ์ที่ต่างไปจากเดิม เพื่อวางมาตรการการควบคุมและป้องกันโรค ได้อย่างเหมาะสมและทันการณ์

เอกสารอ้างอิง

1. Recommended composition of influenza virus vaccines for use in the 2023 southern hemisphere influenza season
<https://www.who.int/publications/m/item/recommended-composition-of-influenza-virus-vaccines-for-use-in-the-2023-southern-hemisphere-influenza-season>
2. Summary of neuraminidase (NA) amino acid substitutions associated with reduced inhibition by neuraminidase inhibitors (NAIs)
[https://www.who.int/publications/m/item/summary-of-neuraminidase-\(na\)-amino-acid-substitutions-associated-with-reduced-inhibition-by-neuraminidase-inhibitors-\(nais\)](https://www.who.int/publications/m/item/summary-of-neuraminidase-(na)-amino-acid-substitutions-associated-with-reduced-inhibition-by-neuraminidase-inhibitors-(nais))
3. Next clade, Clade assignment, mutation calling, and sequence quality checks
<https://clades.nextstrain.org/>