

ผลการศึกษาการเปลี่ยนแปลงสายพันธุ์ไข้หวัดใหญ่

ด้วยวิธี Gene sequencing

สถาบันวิจัยวิทยาศาสตร์สาธารณสุข กรมวิทยาศาสตร์การแพทย์ ได้สุ่มตัวอย่างเชื้อไข้หวัดใหญ่ที่แยกได้ในระบบเฝ้าระวังของกรมวิทยาศาสตร์การแพทย์และระบบบริการตรวจวิเคราะห์ทางห้องปฏิบัติการ ระหว่าง เดือนมกราคม ถึง พฤษภาคม 2560 มาศึกษาการเปลี่ยนแปลงสายพันธุ์ ด้วยวิธี Gene sequencing พบว่าตัวแทนของเชื้อไข้หวัดใหญ่ที่แยกได้ เมื่อเปรียบเทียบกับสายพันธุ์วัคซีนมีสัดส่วนดังนี้

สายพันธุ์ที่แยกได้ในประเทศไทยระหว่างเดือนมกราคม – พฤษภาคม 2560					
pdmA(H1N1)	ร้อยละ	A (H3N2)	ร้อยละ	B	ร้อยละ
A/Michigan/45/2015 (H1N1)pdm09	100	A/Hong Kong/4801/2014 (H3N2)	100	B/Brisbane/60/2008 (Victoria lineage)	48.78
				B/Phuket/3073/2013 (Yamagata lineage)	51.22

ในปี 2560 นี้ประเทศไทยสามารถเลือกใช้วัคซีนป้องกันไข้หวัดใหญ่ที่ใช้สำหรับประเทศทางซีกโลกเหนือหรือซีกโลกใต้ได้ เนื่องจากในปีนี้อัตราการติดเชื้อทั้ง 2 ซีกโลกมีองค์ประกอบของเชื้อทั้ง 3 สายพันธุ์ตรงกันคือ

It is recommended that trivalent vaccines for use in the 2017-2018 influenza season (Southern and Northern 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

ซึ่งขณะนี้กระทรวงสาธารณสุขได้นำเข้าวัคซีนทางซีกโลกใต้แล้วและเริ่มรณรงค์ให้วัคซีนแก่กลุ่มเป้าหมายตั้งแต่เดือนมิถุนายน 2560 เป็นต้นไป และจากข้อมูลการเฝ้าระวังสายพันธุ์ไข้หวัดใหญ่ในช่วงนี้พบว่า สายพันธุ์ไข้หวัดใหญ่ชนิด A(H1N1)pdm09 และ A(H3N2) ที่แยกได้จากโครงการเฝ้าระวังฯมีความใกล้เคียงกับสายพันธุ์วัคซีนในปี 2560 ร้อยละ 100 ยกเว้นเชื้อไข้หวัดใหญ่ชนิด B ซึ่งพบสายพันธุ์ B/Phuket/3073/2013 มีแนวโน้มพบมากขึ้นจากปีที่แล้ว และไม่ได้บรรจุอยู่ในวัคซีนชนิดเชื้อตาย 3 สายพันธุ์ (Trivalent vaccines) ยกเว้นวัคซีนชนิดเชื้อตาย 4 สายพันธุ์ (Quadrivalent vaccines) ซึ่งบรรจุเชื้อไข้หวัดใหญ่ชนิด B ทั้ง 2 สายพันธุ์คือ B/Brisbane/60/2008 และ B/Phuket/3073/2013

