

## การเตรียมพร้อมรับมือกับการระบาดของไข้หวัดใหญ่สายพันธุ์ใหม่ชนิด A(H1N1) ของกรมวิทยาศาสตร์การแพทย์

ศูนย์ไข้หวัดใหญ่แห่งชาติ สถาบันวิจัยวิทยาศาสตร์สาธารณสุข กรมวิทยาศาสตร์การแพทย์

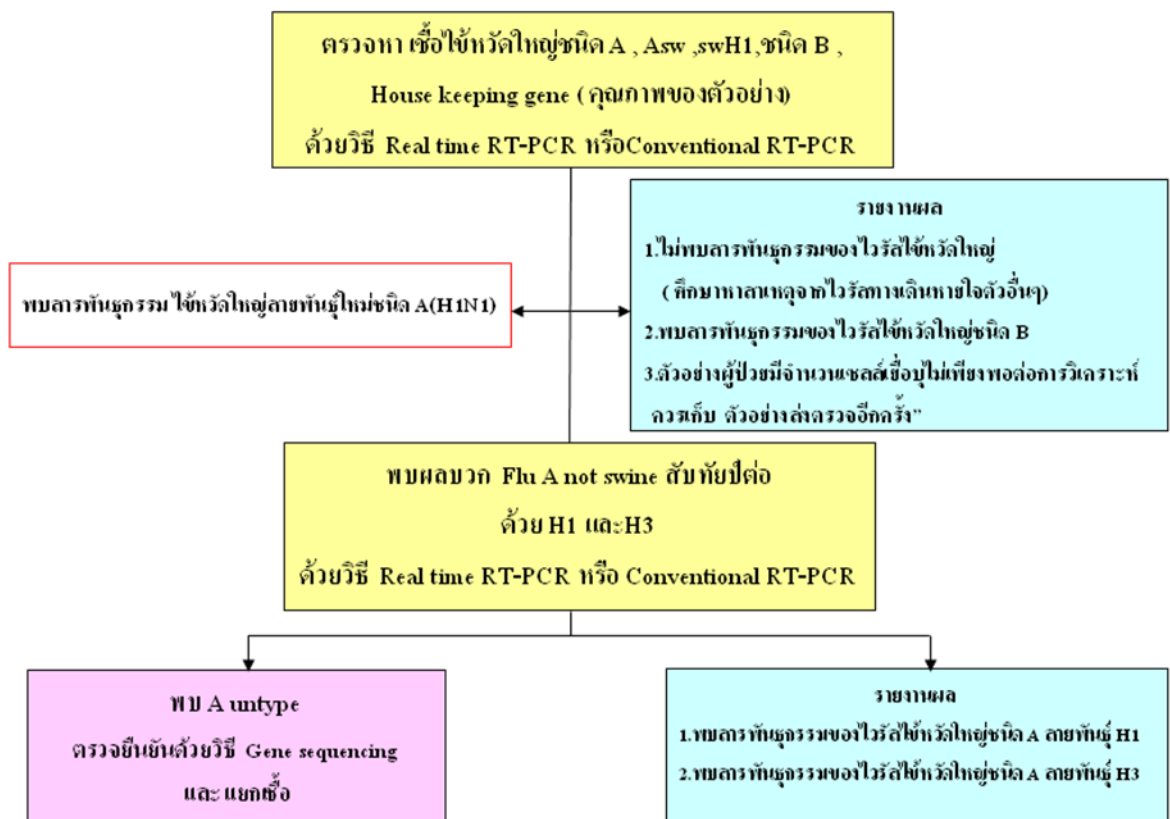
WWW.thainihnic.org

จากการระบาดของไข้หวัดใหญ่สายพันธุ์ใหม่ชนิด A ( H1N1 ) หรือแต่เดิมเรียกว่า swine flu 2009 ที่เกิดขึ้นในประเทศเม็กซิโก เมื่อกลางเดือนเมษายน 2552 ในขณะนั้นพบผู้ป่วยที่มีอาการคล้ายไข้หวัดใหญ่และปอดบวม ประมาณ 1,149 ราย และเสียชีวิต 71 ราย ในจำนวนนี้เป็นผู้ป่วยที่มีผลการตรวจยืนยันจากศูนย์ควบคุมและป้องกันโรค (US-CDC) ประเทศสหรัฐอเมริกา ณ วันที่ 29 เมษายน 2552 ว่าเป็น swine flu A/H1N1สายพันธุ์ใหม่ จำนวน 26 ราย และเสียชีวิต 7 ราย หลังจากนั้นจำนวนผู้ป่วยที่มีผลการตรวจยืนยันว่าเป็นไวรัสสายพันธุ์นี้ก็เพิ่มจำนวนขึ้นเรื่อย ๆ จนเป็นเรื่องที่น่าวิตกว่าจะเป็นการระบาดครั้งใหญ่ เช่นเดียวกับ spanish flu A ( H1N1 ) ที่ระบาดในปีพ.ศ. 2461 ซึ่งคร่าชีวิตคนทั่วโลกประมาณ 20-30 ล้านคน จากการระบาดของไวรัสสายพันธุ์ใหม่ A ( H1N1 ) 2009 ทำให้องค์การอนามัยโลกได้เพิ่มระดับเตือนภัยการระบาดของไข้หวัดใหญ่สายพันธุ์ใหม่นี้เป็นระดับ 5 ซึ่งเป็นขั้นที่ตรวจพบว่าการแพร่เชื้อจากคนสู่คนในอย่างน้อย 2 ประเทศในภูมิภาคเดียวกัน หรือการติดเชื้อข้ามประเทศ เมื่อวันที่ 30 เม.ย. ที่ผ่านมา และในขณะเดียวกัน US-CDC ได้ศึกษาเชื้อไวรัสที่แยกได้ในระดับชีวโมเลกุล จนทราบว่าเชื้อดังกล่าวมียีนส์ที่ผสมจาก 3 แหล่ง คือ คน หมู และสัตว์ปีก แต่มีความแตกต่างจาก swine flu ที่เคยระบาดจากหมูสู่คนในอดีต ไวรัสสายพันธุ์นี้สามารถแพร่จากคนสู่คน ทำให้การกระจายของโรคเป็นไปอย่างรวดเร็ว จนถึงปัจจุบัน ณ วันที่ 26 พฤษภาคม 2552 ข้อมูลจากองค์การอนามัยโลกรายงานพบ ผู้ป่วยยืนยัน 12,954 ราย และเสียชีวิต 92 ราย จาก 46 ประเทศ จากข้อมูลการวิเคราะห์ด้านพันธุกรรมของไวรัสสายพันธุ์ใหม่นี้ชี้ให้เห็นว่าไวรัสไข้หวัดใหญ่มีการผสมข้ามหลายสายพันธุ์อย่างต่อเนื่อง จนทำให้นักวิจัยทั้งหลายมีความเห็นว่า ไวรัสสายพันธุ์ใหม่นี้มีโอกาที่จะผสมข้ามสายพันธุ์กับไวรัสที่เป็นสายพันธุ์ก่อโรครุนแรงและมีอัตราการตายสูง อย่างเช่น ไวรัสไข้หวัดนก หากเกิดเหตุการณ์ดังกล่าวจะมีผลกระทบต่อสุขภาพ เศรษฐกิจและสังคมไปทั่วโลก อาจมีประชากรเจ็บป่วยและล้มตายเป็นจำนวนมากอย่างเช่นที่เกิดขึ้นแล้วในอดีต

กรมวิทยาศาสตร์การแพทย์ในฐานะหน่วยงานของกระทรวงสาธารณสุขที่รับผิดชอบในด้านห้องปฏิบัติการอ้างอิงแห่งชาติได้มีการเตรียมพร้อมการตรวจทางห้องปฏิบัติการเพื่อตรวจวินิจฉัยโรคไข้หวัดใหญ่สายพันธุ์ใหม่ชนิด A ( H1N1 ) และการศึกษาวิจัยเชื้อไวรัสที่แยกได้เพื่อการสนับสนุนการผลิตวัคซีนและยารักษาโรค ขณะนี้กรมวิทยาศาสตร์การแพทย์และศูนย์วิทยาศาสตร์การแพทย์ทั้ง 14 แห่ง ได้ให้บริการตรวจวินิจฉัย ด้วยวิธีมาตรฐาน Real time RT-PCR ( US-CDC protocol version 2009: CDC REF.#I-007-05) ซึ่งให้ผลตรวจที่รวดเร็วและถูกต้องแม่นยำ แต่ในขณะเดียวกันกรมวิทยาศาสตร์การแพทย์ จำเป็นต้องวางแผนเตรียมรับมือกับการระบาดใหญ่ที่มีแนวโน้มจะเกิดขึ้นได้ในเร็ววันนี้ โดยการเพิ่มศักยภาพในการตรวจวินิจฉัย ยืนยันให้กับห้องปฏิบัติการเครือข่าย ด้วยเครื่องมือที่ทันสมัย สามารถทำการตรวจวิเคราะห์ตัวอย่างได้จำนวนมาก ให้ผลที่รวดเร็ว นอกจากนี้ยังต้องมีการปรับเปลี่ยนวิธีการตรวจวิเคราะห์ให้เหมาะสมกับการเปลี่ยนแปลงสายพันธุ์ของเชื้อไวรัสที่เกิดขึ้นอย่างต่อเนื่อง ภายใต้ระบบการควบคุมคุณภาพ เพื่อให้ทุกห้องปฏิบัติการมีมาตรฐานเดียวกัน

## สรุปแนวทางการตรวจวินิจฉัยผู้ป่วยต้องสงสัยติดเชื้อไข้หวัดใหญ่สายพันธุ์ใหม่ชนิด A(H1N1)

### กรมวิทยาศาสตร์การแพทย์

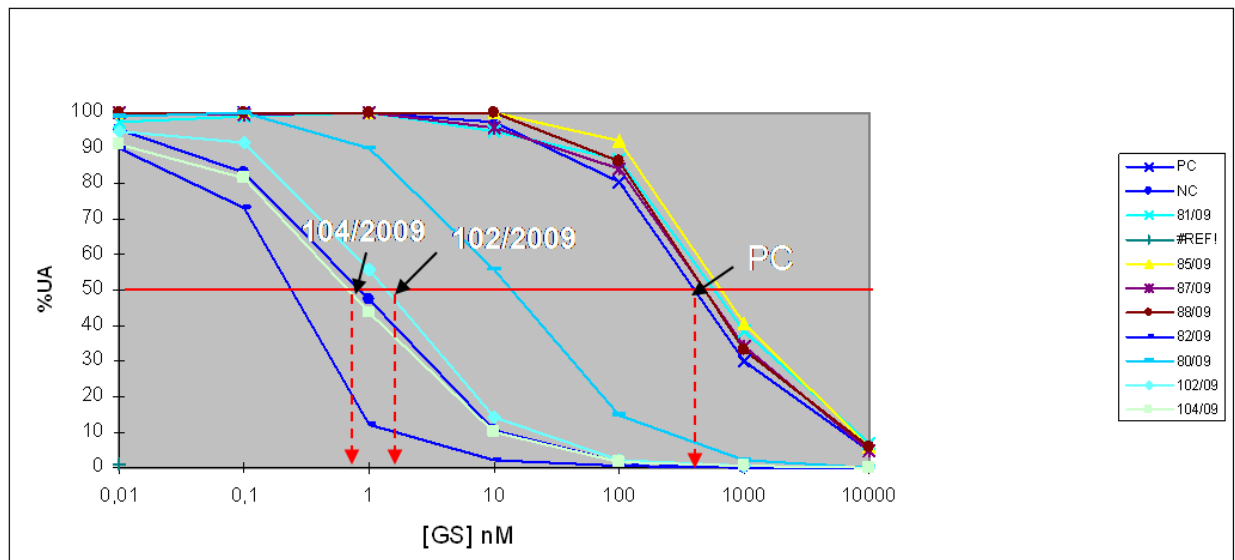


และจากการเฝ้าระวังโรคใช้หวัดใหญ่สายพันธุ์ใหม่ชนิด A (H1N1) ทางห้องปฏิบัติการ ศูนย์ใช้หวัดใหญ่แห่งชาติ กรมวิทยาศาสตร์การแพทย์ ได้รับตัวอย่างจากผู้ต้องสงสัยฯจำนวนทั้งสิ้น 603 ตัวอย่าง (นับข้อมูลจนถึงวันที่ 27 พฤษภาคม 2552) ผลจากการตรวจวิเคราะห์พบผู้ติดเชื้อจำนวน 2 ราย ซึ่งกรมวิทยาศาสตร์การแพทย์ ได้แยกเชื้อจากตัวอย่างผู้ป่วยเป็นผลสำเร็จทั้ง 2 ราย คือ สายพันธุ์ A/Nonthaburi/102/2009(H1N1) swl และ A/Nonthaburi/104/2009(H1N1) swl ซึ่งเชื้อทั้ง 2 สายพันธุ์เป็นประตูล้ำค่าที่เปิดสู่การวิจัยและพัฒนาในด้านต่างๆอีกมากมาย และกรมวิทยาศาสตร์การแพทย์ มีนโยบายในการแบ่งปันเชื้อที่แยกได้ ให้กับนักวิจัยในหน่วยงานต่างๆได้นำไปต่อยอดงานวิจัยและนำเอาผลงานวิจัยนั้นมาใช้ให้เป็นประโยชน์โดยส่วนรวมต่อประเทศชาติและมวลมนุษยชาติของทุกภูมิภาคโลก หน่วยงานที่ขอรับเชื้อไปแล้ว ได้แก่ มหาวิทยาลัยมหิดล จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย สำนักงานพัฒนาวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยีแห่งชาติ (สวทช) และ องค์การอนามัยโลก เป็นต้น ในขณะเดียวกันกรมวิทยาศาสตร์การแพทย์ได้ทำการศึกษาทางพันธุกรรมของเชื้อไวรัสใช้หวัดใหญ่สายพันธุ์ใหม่ที่แยกได้ในประเทศไทยโดยทำการศึกษายีน Hemagglutinin(HA) และ Neuraminidase(NA) พบว่าทั้งสองสายพันธุ์มาจากสายวิวัฒนาการเดียวกันซึ่งมีความคล้ายคลึงกับเชื้อใช้หวัดใหญ่สายพันธุ์ใหม่ A/California/04/2009 (H1N1) swl อยู่ 98.3% แต่มีความคล้ายคลึงกับเชื้อใช้หวัดใหญ่สายพันธุ์ใหม่ A/Washington/12/2009(H1N1) swl มากกว่าซึ่งมีความเหมือนกันถึง 99% ซึ่งเชื่อนี้ระบาดในสหรัฐอเมริกาและตรวจพบในวันที่ 27 เมษายน 2552 หลังจากเชื้อ A/California/04/2009 (H1N1) swl ที่พบวันที่ 1 เมษายน 2552 นอกจากนี้ยังศึกษาการดื้อยา Oseltamivir ด้วยวิธี genetic analysis หาลำดับเบสที่เกี่ยวข้องกับการดื้อยา Oseltamivir และวิธีทาง phenotypic assay (Fluorometric neuraminidase inhibition assay) โดยวัดผลการยับยั้งของยา Oseltamivir ต่อเอนไซม์ neuraminidase ของไวรัส ผลจากการศึกษาพบว่าทั้ง 2 วิธีให้ผลที่สอดคล้องกัน คือ เชื้อไวรัสใช้หวัดใหญ่สายพันธุ์ใหม่ชนิด A(H1N1) ที่แยกได้ในประเทศไทยทั้ง 2 สายพันธุ์ยังคงตอบสนองต่อยาต้านไวรัส Oseltamivir ได้ดี และไม่พบการกลายพันธุ์ที่ตำแหน่งสำคัญที่เกี่ยวข้องกับการดื้อยา Oseltamivir และได้วางแผนการผลิตโปรตีนจาก Molecular clone จากยีนส์ชิ้นที่สำคัญเช่น HA NA MP และ NP เพื่อนำมาใช้เป็นแอนติเจนสำหรับกระบวนการสร้าง monoclonal antibody ต่อไวรัส และจะเป็นประโยชน์ต่อการพัฒนาชุดตรวจวิเคราะห์แบบรวดเร็วต่อไป

ผลการทดสอบการดื้อยา Oseltamivir ของเชื้อไข้หวัดใหญ่สายพันธุ์ใหม่ชนิด  
A(H1N1)

ที่แยกได้ 2 สายพันธุ์แรกในประเทศไทย

ด้วยวิธี Fluorometric Neuraminidase Inhibition Assay (Phenotypic analysis)



A/Nonthaburi/102/2009 (H1N1) sw1 IC<sub>50</sub> = 1.319

A/Nonthaburi/104/2009 (H1N1) sw1 IC<sub>50</sub> = 0.736

WHO reference negative control IC<sub>50</sub> = 1.105

WHO reference positive control IC<sub>50</sub> = 449.15

สรุปผล: เชื้อไวรัสไข้หวัดใหญ่สายพันธุ์ใหม่ชนิด A(H1N1) ที่แยกได้ในประเทศไทยทั้ง 2 สายพันธุ์  
ยังคงตอบสนองต่อยาต้านไวรัส Oseltamivir ได้ดี

