

## ผลการศึกษาการเปลี่ยนแปลงสายพันธุ์ไข้หวัดใหญ่

### ด้วยวิธี HI และ gene sequencing

สถาบันวิจัยวิทยาศาสตร์สาธารณสุข กรมวิทยาศาสตร์การแพทย์ ได้สุ่มตัวอย่างเชื้อไข้หวัดใหญ่ที่แยกได้ในระบบเฝ้าระวังของกรมวิทยาศาสตร์การแพทย์และระบบบริการตรวจวิเคราะห์ทางห้องปฏิบัติการระหว่าง เดือนมกราคม ถึง กรกฎาคม 2559 มาศึกษาการเปลี่ยนแปลงสายพันธุ์ พบว่าตัวแทนของเชื้อไข้หวัดใหญ่ที่แยกได้ เมื่อเปรียบเทียบกับสายพันธุ์วัคซีนมีสัดส่วนดังนี้

สายพันธุ์ที่แยกได้ในประเทศไทยระหว่างเดือนมกราคม – กรกฎาคม 2559					
pdmA(H1N1)	ร้อยละ	A (H3N2)	ร้อยละ	B	ร้อยละ
A/California/07/2009 (H1N1)	100	A/Hong Kong/4801/2014 (H3N2)	100	B/Brisbane/60/2008 (Victoria lineage)	82.35
				B/Phuket/3073/2013 (Yamagata lineage)	17.65

จากข้อมูลการเฝ้าระวัง จะเห็นได้สายพันธุ์ไข้หวัดใหญ่ที่พบในประเทศไทยขณะนี้ส่วนใหญ่มีความคล้ายคลึงกับสายพันธุ์วัคซีนที่องค์การอนามัยโลกประกาศใช้ในประเศซีกโลกเหนือและซีกโลกใต้ ซึ่งปีนี้มีองค์ประกอบของทั้ง 3 สายพันธุ์ตรงกัน

- It is recommended that trivalent vaccines for use in the 2016 influenza season (Southern hemisphere winter) contain the following:

- an A/California/7/2009 (H1N1)pdm09- like virus;
- an A/Hong Kong/4801/2014 (H3N2)-like virus;
- a B/Brisbane/60/2008-like virus.

- It is recommended that trivalent vaccines for use in the 2016-2017 influenza season (Northern hemisphere winter) contain the following:

- an A/California/7/2009 (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

