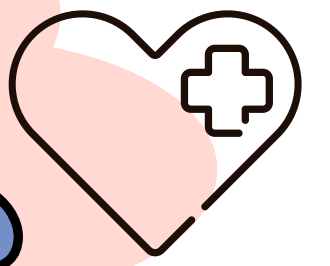




สถานการณ์ เชื้อไวรัสไข้หวัดใหญ่ ในประเทศไทย 2566



ไข้หวัดใหญ่มักแพร่ระบาดได้ดีในช่วงฤดูฝนและฤดูหนาว วัคซีนไข้หวัดใหญ่ มี 2 ประเภท ได้แก่ วัคซีนป้องกันไข้หวัดใหญ่ 3 สายพันธุ์ และวัคซีนป้องกันไข้หวัดใหญ่ 4 สายพันธุ์

การระบาดของเชื้อไวรัสไข้หวัดใหญ่ในประเทศไทย ปัจจุบันเพิ่มขึ้นต่อเนื่อง โดยพบไข้หวัดใหญ่ชนิด A(H3N2) > ชนิด A/H1N1 (pdm09) > ชนิด B (Victoria)

สถานการณ์ทั่วโลก

ผลการวิเคราะห์ลำดับพันธุกรรมของเชื้อไวรัสไข้หวัดใหญ่ปี พ.ศ. 2566 (1 มกราคม 2566-ปัจจุบัน) พบว่าชนิด A(H1N1) pdm09 มีสัดส่วน 56.94% และสัดส่วนชนิด A(H3N2) คิดเป็น 95.08% ในขณะที่ชนิด B 100% จัดอยู่ในกลุ่ม Victoria lineage clade

สถานการณ์ในประเทศไทย

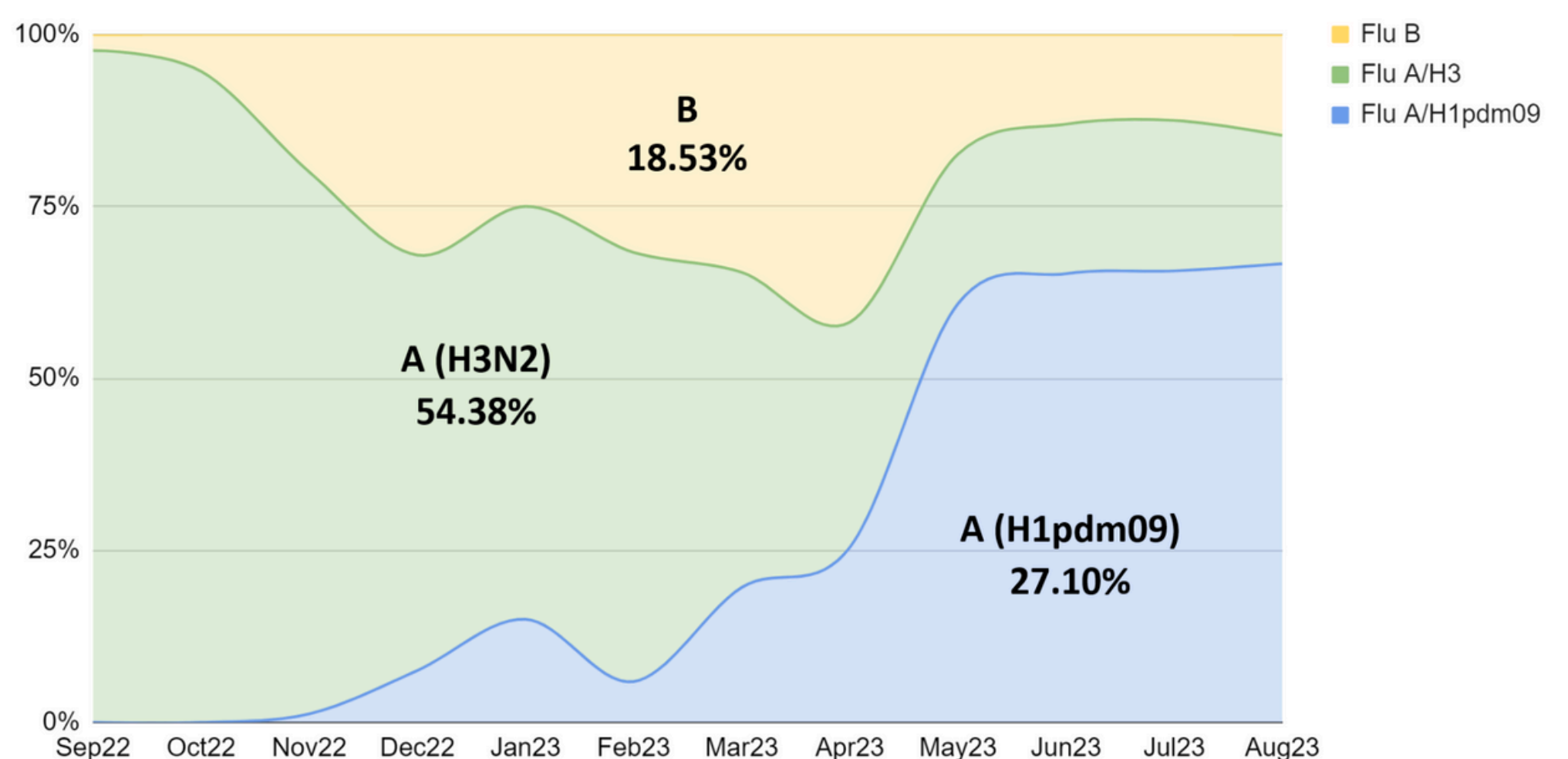
การระบาดของเชื้อไวรัสไข้หวัดใหญ่ในประเทศไทยปัจจุบันเพิ่มขึ้นต่อเนื่อง โดยพบไข้หวัดใหญ่ชนิด A(H3N2) > ชนิด A/H1N1 (pdm09) > ชนิด B (Victoria)

ผลการวิเคราะห์สายพันธุ์ของเชื้อไวรัสไข้หวัดใหญ่ในประเทศไทย พ.ศ. 2566 (1 มกราคม 2566-ปัจจุบัน) ด้วยเทคนิค Whole genome sequencing พบว่า

สายพันธุ์ไข้หวัดใหญ่มีความคล้ายคลึงกับ

- สายพันธุ์ A/Sydney/5/2021 (H1N1)
- สายพันธุ์ A/Darwin/9/2021 (H3N2)
- สายพันธุ์ B/Austria/1359417/2021 (Victoria lineage)

ซึ่งสอดคล้องกับสายพันธุ์วัคซีนที่องค์การอนามัยโลกประกาศใช้สำหรับประเทศทางซีกโลกใต้ในปี พ.ศ. 2567



การเฝ้าระวังโรค การติดตามการเปลี่ยนแปลงสายพันธุ์ไข้หวัดใหญ่มีความสำคัญและจำเป็นต้องเฝ้าระวังอย่างต่อเนื่อง เพื่อให้ทราบอุบัติการณ์แนวโน้มการระบาดใหญ่ การกลายพันธุ์ และการเปลี่ยนแปลงสายพันธุ์ที่ต่างไปจากเดิม เพื่อวางมาตรการการควบคุมและป้องกันโรค ได้อย่างเหมาะสมและทันการณ์



สถานการณ์ เชื้อไวรัสไข้หวัดใหญ่ ในประเทศไทย 2566

สถานการณ์โรคไข้หวัดใหญ่ ระหว่างวันที่ 1 มกราคม- ปัจจุบัน ทั่วโลกพบไข้หวัดใหญ่ชนิด A(H3N2), ชนิด A(H1N1) pdm09 และชนิด B (Victoria lineage) เป็นสาเหตุของการระบาดของโรคไข้หวัดใหญ่ตามฤดูกาล

การระบาดของเชื้อไวรัสไข้หวัดใหญ่ในประเทศไทย ปัจจุบันเพิ่มขึ้นต่อเนื่อง โดยพบไข้หวัดใหญ่ชนิด A(H3N2) > ชนิด A/H1N1 (pdm09) > ชนิด B (Victoria)

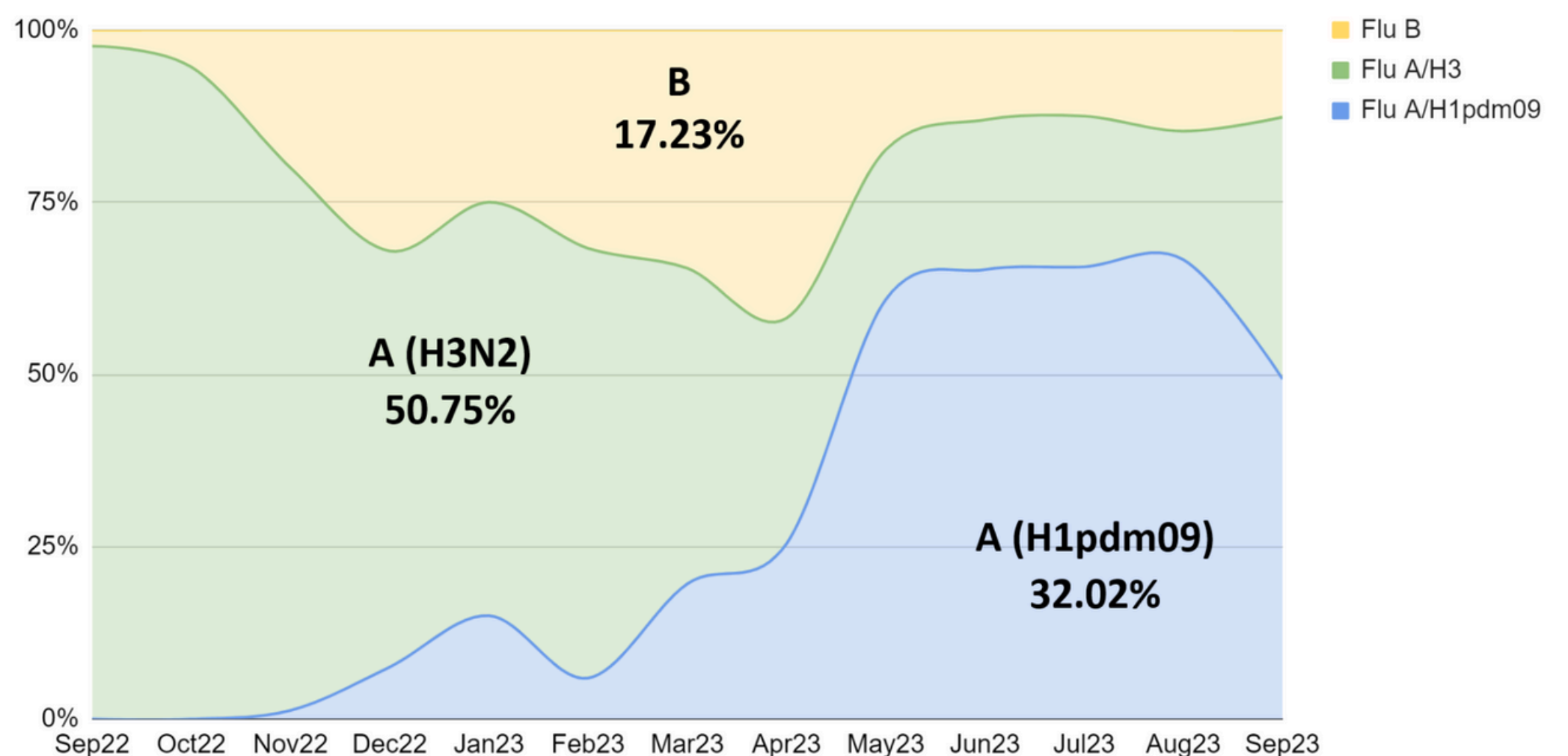
ผลการวิเคราะห์สายพันธุ์ของเชื้อไวรัสไข้หวัดใหญ่ในประเทศไทย พ.ศ. 2566 (1 มกราคม 2566-ปัจจุบัน) ด้วยการประยุกต์ใช้เทคนิค Whole genome sequencing พบว่า

สายพันธุ์ไข้หวัดใหญ่มีความคล้ายคลึงกับ

- สายพันธุ์ A/Sydney/5/2021 (H1N1)
- สายพันธุ์ A/Victoria/4897/2022 (H1N1)
- สายพันธุ์ A/Thailand/8/2022 (H3N2)
- สายพันธุ์ B/Austria/1359417/2021 (Victoria lineage)

ซึ่งสอดคล้องกับสายพันธุ์วัคซีนป้องกันไข้หวัดใหญ่ที่กระทรวงสาธารณสุขจัดให้กลุ่มเป้าหมายเมื่อเดือนมิถุนายน 2566

เมื่อวิเคราะห์ตำแหน่งการกลายพันธุ์บนยีน Neuraminidase (NA) ของเชื้อไข้หวัดใหญ่ที่พบในประเทศไทยช่วง 30 วันที่ผ่านมา พบว่าเชื้อไข้หวัดใหญ่ชนิด A/H3 ไม่พบยีนที่บ่งชี้การดื้อยาที่ตำแหน่ง E119I/V, R224K, R292K และ N294S เชื้อไข้หวัดใหญ่ชนิด A(H1N1)pdm09 ไม่พบยีนที่บ่งชี้การดื้อยาที่ตำแหน่ง H275Y, R152K และ N295S ส่วนตำแหน่งการกลายพันธุ์บนยีน NA ของเชื้อไข้หวัดใหญ่ชนิด B ไม่พบยีนที่บ่งชี้การดื้อยาที่ตำแหน่ง E119A/D/G/V, R152K, I222L, R292K และ R374K อ้างอิงข้อมูลตำแหน่งการกลายพันธุ์จากองค์การอนามัยโลก ลงวันที่ 7 มีนาคม 2566



การเฝ้าระวังโรค การติดตามการเปลี่ยนแปลงสายพันธุ์ไข้หวัดใหญ่มีความสำคัญและจำเป็นต้องเฝ้าระวังอย่างต่อเนื่อง เพื่อให้ทราบอุบัติการณ์แนวโน้มการระบาดใหญ่ การกลายพันธุ์ และการเปลี่ยนแปลงสายพันธุ์ที่ต่างไปจากเดิม เพื่อวางมาตรการการควบคุมและป้องกันโรค ได้อย่างเหมาะสมและทันการณ์



สถานการณ์ เชื้อไวรัสไข้หวัดใหญ่ ในประเทศไทย 2566

สถานการณ์โรคไข้หวัดใหญ่ ระหว่างวันที่ 1 มกราคม- ปัจจุบัน ทั่วโลกพบไข้หวัดใหญ่ชนิด A(H3N2) ไข้หวัดใหญ่ชนิด A(H1N1) pdm09 และไข้หวัดใหญ่ชนิด B (Victoria lineage) เป็นสาเหตุของการระบาดของโรคไข้หวัดใหญ่ตามฤดูกาล

การระบาดของเชื้อไวรัสไข้หวัดใหญ่ในประเทศไทย ปัจจุบันเพิ่มขึ้นต่อเนื่อง โดยพบไข้หวัดใหญ่ชนิด A(H3N2) > ชนิด A/H1N1 (pdm09) > ชนิด B (Victoria)

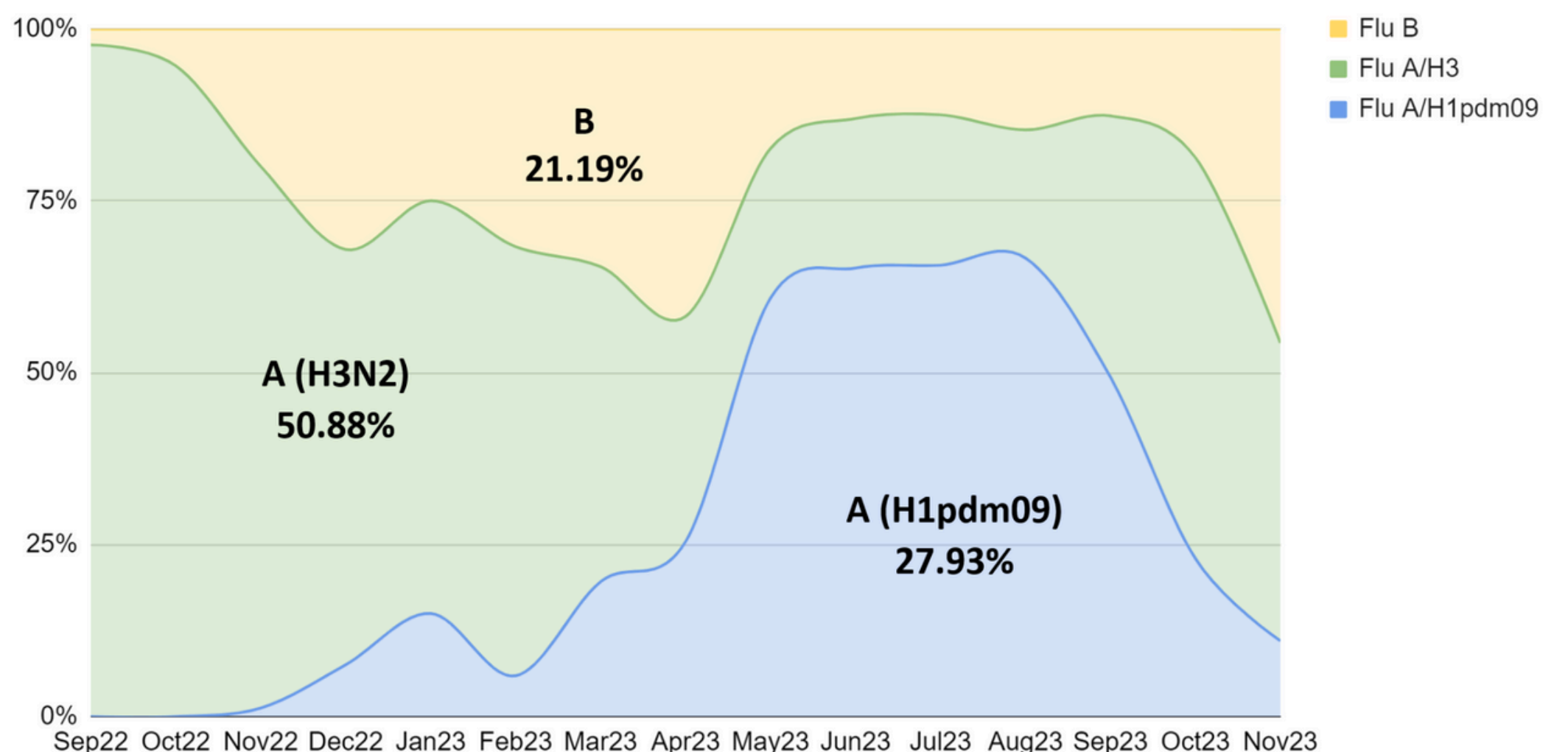
ผลการวิเคราะห์สายพันธุ์ของเชื้อไวรัสไข้หวัดใหญ่ในประเทศไทย พ.ศ. 2566 (1 มกราคม 2566-ปัจจุบัน) ด้วยการประยุกต์ใช้เทคนิค Whole genome sequencing พบว่า

สายพันธุ์ไข้หวัดใหญ่มีความคล้ายคลึงกับ

- สายพันธุ์ A/Sydney/5/2021 (H1N1)
- สายพันธุ์ A/Victoria/4897/2022 (H1N1)
- สายพันธุ์ A/Thailand/8/2022 (H3N2)
- สายพันธุ์ B/Austria/1359417/2021 (Victoria lineage)

ซึ่งสอดคล้องกับสายพันธุ์วัคซีนป้องกันไข้หวัดใหญ่ที่กระทรวงสาธารณสุขจัดให้กลุ่มเป้าหมายเมื่อเดือนมิถุนายน 2566

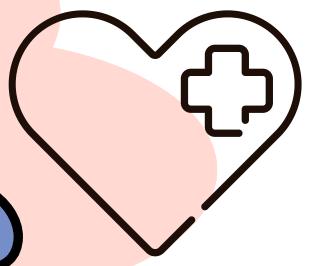
เมื่อวิเคราะห์ตำแหน่งการกลายพันธุ์บนยีน Neuraminidase (NA) ของเชื้อไข้หวัดใหญ่ที่พบในประเทศไทยช่วง 30 วันที่ผ่านมา พบว่าเชื้อไข้หวัดใหญ่ชนิด A/H3 ไม่พบยีนที่บ่งชี้การดื้อยาที่ตำแหน่ง E119I/V, R224K, R292K และ N294S เชื้อไข้หวัดใหญ่ชนิด A(H1N1)pdm09 ไม่พบยีนที่บ่งชี้การดื้อยาที่ตำแหน่ง H275Y, R152K และ N295S ส่วนตำแหน่งการกลายพันธุ์บนยีน NA ของเชื้อไข้หวัดใหญ่ชนิด B ไม่พบยีนที่บ่งชี้การดื้อยาที่ตำแหน่ง E119A/D/G/V, R152K, I222L, R292K และ R374K อ้างอิงข้อมูลตำแหน่งการกลายพันธุ์จากองค์การอนามัยโลก ลงวันที่ 7 มีนาคม 2566



การเฝ้าระวังโรค การติดตามการเปลี่ยนแปลงสายพันธุ์ไข้หวัดใหญ่มีความสำคัญและจำเป็นต้องเฝ้าระวังอย่างต่อเนื่อง เพื่อให้ทราบอุบัติการณ์แนวโน้มการระบาดใหญ่ การกลายพันธุ์ และการเปลี่ยนแปลงสายพันธุ์ที่ต่างไปจากเดิม เพื่อวางมาตรการการควบคุมและป้องกันโรค ได้อย่างเหมาะสมและทันการณ์



สถานการณ์ เชื้อไวรัสไข้หวัดใหญ่ ในประเทศไทย 2566



สถานการณ์โรคไข้หวัดใหญ่ ระหว่างวันที่ 1 มกราคม 2566 – ปัจจุบัน ทั่วโลกพบไข้หวัดใหญ่ชนิด A(H3N2) ไข้หวัดใหญ่ชนิด A(H1N1) pdm09 และไข้หวัดใหญ่ชนิด B (Victoria lineage) เป็นสาเหตุของการระบาดของโรคไข้หวัดใหญ่ตามฤดูกาล

การระบาดของเชื้อไวรัสไข้หวัดใหญ่ในประเทศไทย ปัจจุบันเพิ่มขึ้นต่อเนื่อง โดยพบไข้หวัดใหญ่ชนิด A(H3N2) > ชนิด A/H1N1 (pdm09) > ชนิด B (Victoria)

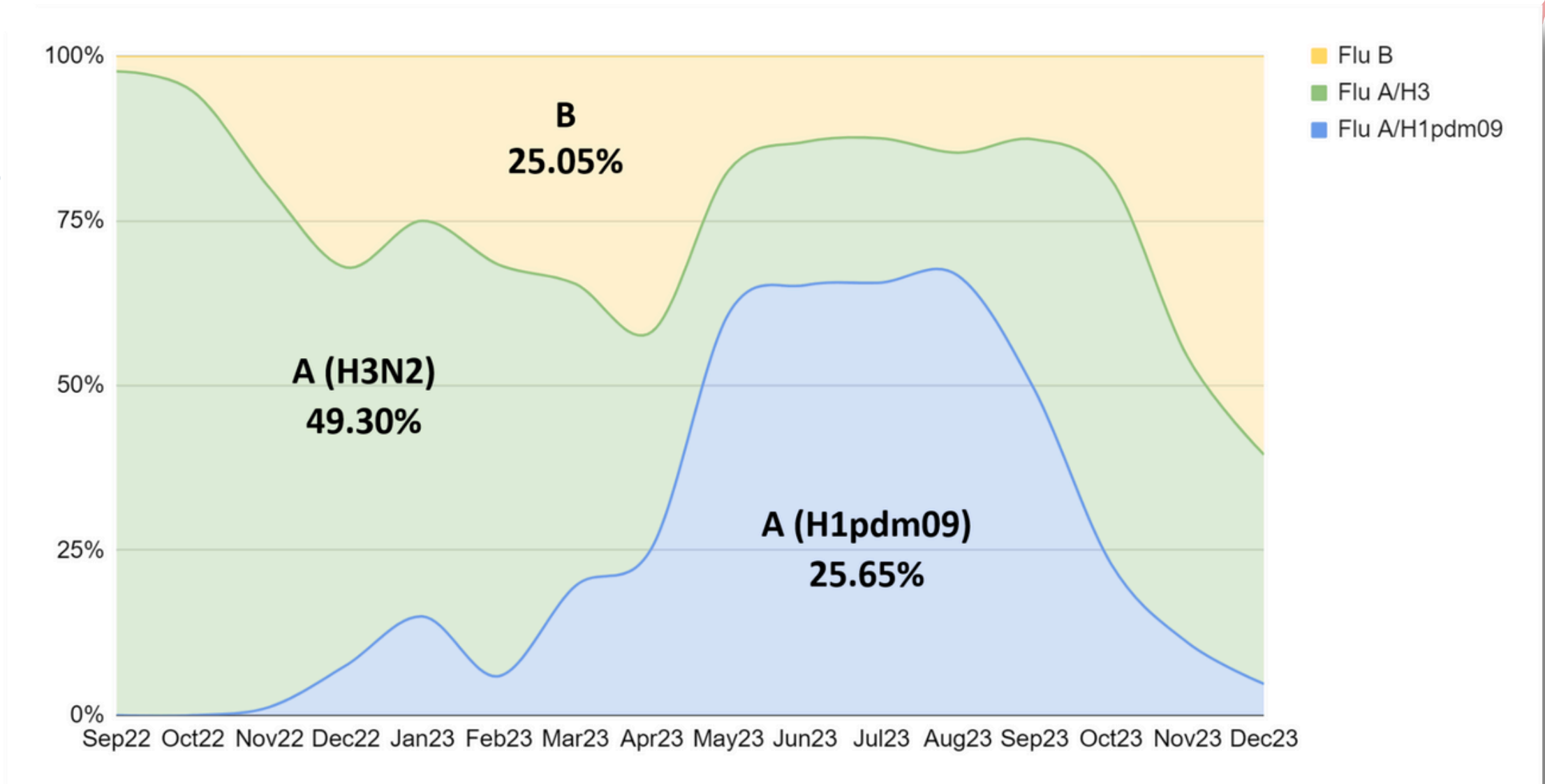
ผลการวิเคราะห์สายพันธุ์ของเชื้อไวรัสไข้หวัดใหญ่ในประเทศไทย พ.ศ. 2566 (1 มกราคม 2566-ปัจจุบัน) ด้วยการประยุกต์ใช้เทคนิค Whole genome sequencing พบว่า

สายพันธุ์ไข้หวัดใหญ่มีความคล้ายคลึงกับ

- สายพันธุ์ A/Sydney/5/2021 (H1N1)
- สายพันธุ์ A/Victoria/4897/2022 (H1N1)
- สายพันธุ์ A/Thailand/8/2022 (H3N2)
- สายพันธุ์ B/Austria/1359417/2021 (Victoria lineage)

สายพันธุ์ที่พบส่วนใหญ่มีความสอดคล้องกับสายพันธุ์ในวัคซีนป้องกันไข้หวัดใหญ่ขององค์การอนามัยโลก

เมื่อวิเคราะห์ตำแหน่งการกลายพันธุ์บนยีน Neuraminidase (NA) ของเชื้อไข้หวัดใหญ่ที่พบในประเทศไทยช่วง 15 วันที่ผ่านมา จำนวน 73 ตัวอย่าง พบว่าเชื้อไข้หวัดใหญ่ชนิด A/H3 ไม่พบยีนที่บ่งชี้การดื้อยาที่ตำแหน่ง E119I/V, R224K, R292K และ N294S เชื้อไข้หวัดใหญ่ชนิด A(H1N1)pdm09 ไม่พบยีนที่บ่งชี้การดื้อยาที่ตำแหน่ง H275Y, R152K และ N295S ส่วนตำแหน่งการกลายพันธุ์บนยีน NA ของเชื้อไข้หวัดใหญ่ชนิด B ไม่พบยีนที่บ่งชี้การดื้อยาที่ตำแหน่ง E119A/D/G/V, R152K, I222L, R292K และ R374K อ้างอิงข้อมูลตำแหน่งการกลายพันธุ์จากองค์การอนามัยโลก ลงวันที่ 7 มีนาคม 2566



การเฝ้าระวังโรค การติดตามการเปลี่ยนแปลงสายพันธุ์ไข้หวัดใหญ่มีความสำคัญและจำเป็นต้องเฝ้าระวังอย่างต่อเนื่อง เพื่อให้ทราบอุบัติการณ์แนวโน้มการระบาดใหญ่ การกลายพันธุ์ และการเปลี่ยนแปลงสายพันธุ์ที่ต่างไปจากเดิม เพื่อวางมาตรการการควบคุมและป้องกันโรค ได้อย่างเหมาะสมและทันการณ์