



# สถานการณ์ เชื้อไวรัสไข้หวัดใหญ่ ในประเทศไทย 2567

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

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

ผลการวิเคราะห์สายพันธุ์ของเชื้อไวรัสไข้หวัดใหญ่ในประเทศไทย พ.ศ. 2566 (1 ตุลาคม 2566 ถึง 22 มกราคม 2567) ด้วยการประยุกต์ใช้เทคนิค Whole genome sequencing พบว่า

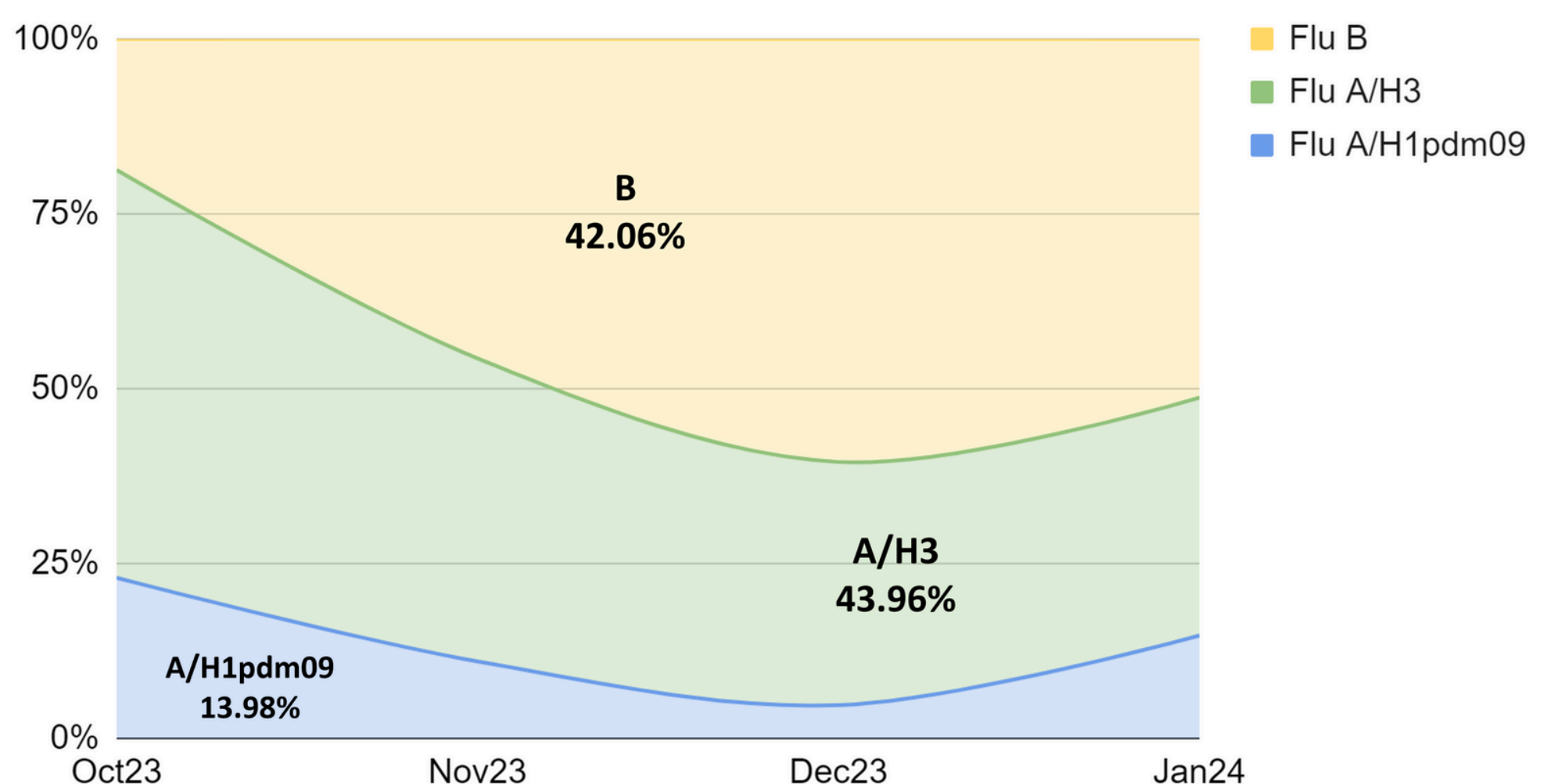
สายพันธุ์ไข้หวัดใหญ่มีความคล้ายคลึงกับ

- สายพันธุ์ A/Sydney/5/2021 (H1N1)
- สายพันธุ์ A/Victoria/4897/2022 หรือ cell-based A/Wisconsin/67/2022
- สายพันธุ์ A/Thailand/8/2022 (H3N2)
- สายพันธุ์ B/Austria/1359417/2021 (Victoria lineage)

สายพันธุ์ที่พบส่วนใหญ่มีความสอดคล้องกับสายพันธุ์ในวัคซีนป้องกันไข้หวัดใหญ่ขององค์การอนามัยโลก

เมื่อวิเคราะห์ตำแหน่งกลายพันธุ์บนยีน Neuraminidase (NA) (อ้างอิงข้อมูลตำแหน่งการกลายพันธุ์จากองค์การอนามัยโลก ลงวันที่ 3 พฤษภาคม 2566) ของเชื้อไข้หวัดใหญ่ที่พบในประเทศไทยช่วงเดือนมกราคม 2567 จำนวน 96 ตัวอย่าง พบดังนี้

- เชื้อไข้หวัดใหญ่ชนิด A/H3 : ไม่พบยีนที่บ่งชี้การดื้อยาที่ตำแหน่ง E119I/V, R224K, R292K และ N294S
- เชื้อไข้หวัดใหญ่ชนิด A(H1N1)pdm09 : ไม่พบยีนที่บ่งชี้การดื้อยาที่ตำแหน่ง H275Y, R152K และ N295S
- เชื้อไข้หวัดใหญ่ชนิด B : ไม่พบยีนที่บ่งชี้การดื้อยาที่ตำแหน่ง E119A/D/G/V, R152K, I222L, R292K และ R374K



การเฝ้าระวังโรค การติดตามการเปลี่ยนแปลงสายพันธุ์ไข้หวัดใหญ่มีความสำคัญและจำเป็นต้องเฝ้าระวังอย่างต่อเนื่อง เพื่อให้ทราบอุบัติการณ์แนวโน้มการระบาดใหญ่ การกลายพันธุ์ และการเปลี่ยนแปลงสายพันธุ์ที่ต่างไปจากเดิม เพื่อวางแผนมาตรการการควบคุมและป้องกันโรค ได้อย่างเหมาะสมและทันการณ์



# สถานการณ์ เชื้อไวรัสไข้หวัดใหญ่ ในประเทศไทย 2567

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

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

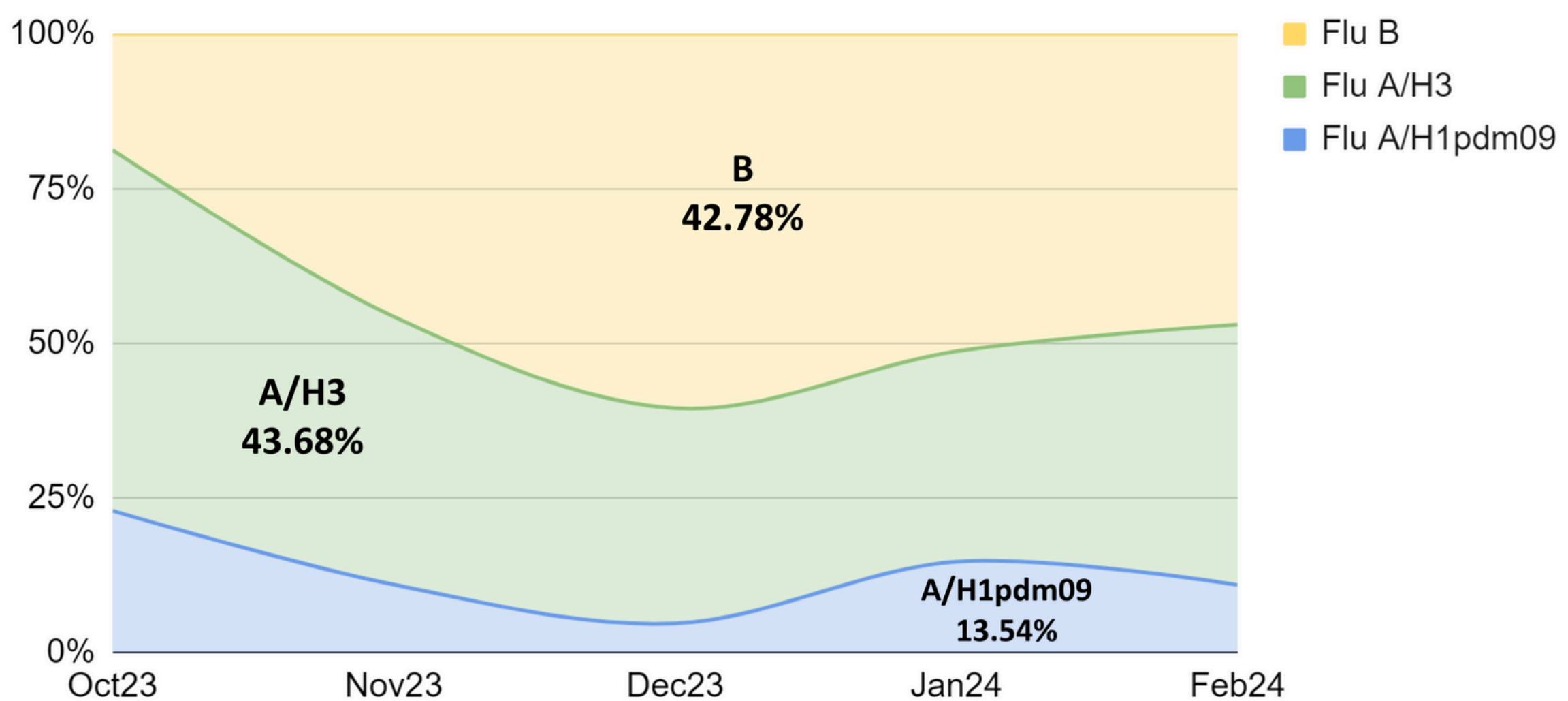
ผลการวิเคราะห์สายพันธุ์ของเชื้อไวรัสไข้หวัดใหญ่ในประเทศไทย พ.ศ. 2566 (1 ตุลาคม 2566-กุมภาพันธ์ 2567) ด้วยการประยุกต์ใช้เทคนิค Whole genome sequencing พบว่า

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

ผลการวิเคราะห์ตำแหน่งการกลายพันธุ์บนยีน Neuraminidase (NA) ของเชื้อไข้หวัดใหญ่ที่พบในประเทศไทยช่วงเดือนกุมภาพันธ์ 2567 จำนวน 84 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 3 พฤษภาคม 2566



การเฝ้าระวังโรค การติดตามการเปลี่ยนแปลงสายพันธุ์ไข้หวัดใหญ่มีความสำคัญและจำเป็นต้องเฝ้าระวังอย่างต่อเนื่อง เพื่อให้ทราบอุบัติการณ์แนวโน้มการระบาดใหญ่ การกลายพันธุ์ และการเปลี่ยนแปลงสายพันธุ์ที่ต่างไปจากเดิม เพื่อวางมาตรการการควบคุมและป้องกันโรค ได้อย่างเหมาะสมและทันการณ์