

ข้อสรุปและเสนอแนะ

1. ผลการวิจัยครั้งนี้ได้เพาะแยกและตรวจพิสูจน์ไวรัสไข้หวัดใหญ่ชนิดเอ ในนกกระทาจำนวน 1,020 ตัว (OPS =1,020 และ CS = 1,020) ในฟาร์มจังหวัดอยุธยาและจังหวัดสุพรรณบุรี การวิจัยครั้งนี้สามารถ
 - ตรวจพบไวรัสไข้หวัดใหญ่ชนิดเอ โดยวิธี real time RT-PCR (ให้ผลบวก M gene) จำนวน 24 ตัวอย่าง (OPS =15 ตัวอย่าง และ CS= 9 ตัวอย่าง) แยกเป็นจากจังหวัดอยุธยา 17 ตัวอย่าง และจากจังหวัดสุพรรณบุรี 7 ตัวอย่าง
 - จำแนกสายพันธุ์ของไวรัสไข้หวัดใหญ่ชนิดเอ ได้เป็นสายพันธุ์ H7N1 จำนวน 3 ตัวอย่าง (21 ตัวอย่างไม่สามารถจำแนกสายพันธุ์ได้)
2. การวิจัยครั้งนี้ได้คัดเลือกไวรัสไข้หวัดใหญ่สายพันธุ์ H7N1 คือ A/Quail/AY/Thailand/CU-J2882/09 และได้ถอดรหัสพันธุกรรมทั้งหมดของยีนที่สำคัญ 2 ยีน คือ HA และ NA และได้ถอดรหัสพันธุกรรมบางส่วนของยีน PB2 PB1 PA NP M และ NS ของเชื้อไวรัส
3. ข้อมูลรหัสพันธุกรรมของไวรัสไข้หวัดใหญ่สายพันธุ์ H7N1 ที่ได้จากการศึกษาครั้งนี้ จะนำไปเผยแพร่ในฐานข้อมูล GenBank ซึ่งจะเป็นประโยชน์ต่อนักวิทยาศาสตร์ ในการศึกษาวิจัยเชิงลึกเกี่ยวกับไวรัสไข้หวัดใหญ่ต่อไป ขณะนี้อยู่ระหว่างการดำเนินการส่งข้อมูลเพื่อเผยแพร่ในฐานข้อมูลต่อไป (รหัสพันธุกรรมของเชื้อไวรัสแสดงไว้ในภาคผนวก ก)
4. ผลการวิเคราะห์ความสัมพันธ์และเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์และกรดอะมิโนของไวรัสไข้หวัดใหญ่สายพันธุ์ H7N1 ที่แยกได้จากนกกระทา พบว่า
 - ไวรัสไข้หวัดใหญ่สายพันธุ์ H7N1 มียีน HA (H7) ที่เหมือนกับเชื้อไวรัสสายพันธุ์ H7 ในแถบทวีปเอเชีย โดยเฉพาะประเทศเกาหลีและญี่ปุ่น ซึ่งเป็นเชื้อในกลุ่ม Eurasian lineage และมียีน NA (N1) ที่ใกล้เคียงกับยีน NA ของไวรัสไข้หวัดใหญ่สายพันธุ์ H5N1 ที่ระบาดในประเทศไทย ซึ่งเป็นเชื้อในกลุ่ม Eurasian lineage เช่นกัน
 - ไวรัสไข้หวัดใหญ่สายพันธุ์ H7N1 มีกรดอะมิโนที่ตำแหน่ง HA cleavage site ที่แสดงถึงคุณลักษณะของเชื้อไวรัสที่ไม่ก่อโรครุนแรง (Low pathogenicity avian influenza, LPAI)
 - ไวรัสไข้หวัดใหญ่สายพันธุ์ H7N1 ไม่มีการเปลี่ยนแปลงหรือการกลายพันธุ์ในบริเวณ receptor binding site
 - ยีน NA ของไวรัสไข้หวัดใหญ่สายพันธุ์ H7N1 มีการลดจำนวนลงของกรดอะมิโน 20 ตัว ที่บริเวณ stalk region ซึ่งแสดงถึงวิวัฒนาการของเชื้อไวรัสจากนกน้ำนกอป้ามายังสัตว์ปีกบ้าน

5. ประโยชน์ของการวิจัยในครั้งนี้คือ เป็นรายงานวิจัยแรกที่จะทำให้ทราบถึงความชุกของไวรัสไข้หวัดใหญ่ชนิดเอในฟาร์มนกกกระทา และยังเป็นรายงานเชื้อไวรัสสายพันธุ์ H7N1 ครั้งแรกในประเทศไทย ซึ่งจะเป็นข้อมูลสำคัญในการวางแผนป้องกันและควบคุมโรคไข้หวัดใหญ่ในนกกกระทาในประเทศไทย รวมถึงจะก่อให้เกิดความตระหนักในการป้องกันเชื้อไวรัสจากสัตว์สู่คน