

บทนำ

โรคไข้หวัดใหญ่ (Influenza) เกิดจากเชื้อไวรัสที่ทำให้เกิดโรคไข้หวัด (Flu) ในศตวรรษที่ 19 มีการระบาดครั้งใหญ่ (Pandemic influenza) ของโรคไข้หวัด 3 ครั้ง โดยครั้งแรกเกิดขึ้นในปี ค.ศ.1918 หรือที่เรียกว่า “Spanish Flu” จากไวรัสไข้หวัดใหญ่สายพันธุ์ H1N1 ซึ่งทำให้มีผู้เสียชีวิตกว่า 40 ล้านคน ครั้งที่ 2 ในปี ค.ศ.1957 (Asian flu) จากไวรัสสายพันธุ์ H2N2 และครั้งที่ 3 ในปี ค.ศ.1968 (Hongkong flu) จากไวรัสสายพันธุ์ H3N2 (Kilbourne, 2006) ในปี ค.ศ.1997 เกิดความตื่นตัวที่คาดว่าอาจมีไวรัสไข้หวัดใหญ่สายพันธุ์ใหม่ ซึ่งอาจทำให้เกิดการระบาดใหญ่อีกครั้ง เมื่อองค์การอนามัยโลก (World Health Organization, WHO) ได้รายงานการตรวจพบไวรัสไข้หวัดใหญ่สายพันธุ์ H5N1 (ไข้หวัดนก) ในสัตว์ปีกเป็นครั้งแรกในห่าน จากฟาร์มในมณฑลกวางตุ้งของประเทศจีน หลังจากนั้นพบผู้ป่วยติดเชื้อไวรัสไข้หวัดใหญ่สายพันธุ์ H5N1 ในฮ่องกง ที่สำคัญพบว่าผู้ป่วยติดเชื้อไวรัสได้โดยตรงจากการสัมผัสสัตว์ปีกป่วย (Bender et al., 1999; Suarez et al., 1998) จึงเป็นที่สงสัยว่าไวรัสชนิดนี้สามารถติดต่อมาสู่มนุษย์ได้จากสัตว์ปีกโดยตรง ต่อมาในต้นศตวรรษที่ 20 ในปี ค.ศ.2009 มีรายงานการระบาดของโรคไข้หวัดใหญ่ครั้งใหญ่จากไวรัสไข้หวัดใหญ่สายพันธุ์ใหม่ H1N1 (pandemic (H1N1) 2009) โดยพบว่าไวรัสไข้หวัดใหญ่สายพันธุ์ใหม่ H1N1 นี้ทำให้เกิดโรคในคนหลายสิบล้านคน (World Health Organization, 2010b) โดยพบว่าไวรัสไข้หวัดใหญ่สายพันธุ์ใหม่มีลักษณะทางพันธุกรรมของเชื้อไวรัสที่มาจากคน สัตว์ปีกและสุกร ซึ่งเป็นแบบ triple reassortment นอกจากนี้ยังพบว่ามีการติดเชื้อไวรัสไข้หวัดใหญ่สายพันธุ์ใหม่ในสัตว์เลี้ยงลูกด้วยนมชนิดอื่น เช่น สุกรและแมว (Sponser et al., 2010; Sreta et al., 2010)

ไวรัสไข้หวัดใหญ่สายพันธุ์ H5N1 (Avian influenza A virus subtype H5N1) เป็นเชื้อไวรัสที่ก่อโรครุนแรงในสัตว์ปีกและสัตว์เลี้ยงลูกด้วยนมหลายชนิดรวมทั้งมนุษย์ โดยโรคนี้จัดอยู่ใน list A ของ Office International des Epizootics (OIE) ซึ่งเป็นโรคที่มีความรุนแรง แพร่กระจายอย่างรวดเร็ว ยากแก่การควบคุม และทำให้เกิดความเสียหายทางด้านเศรษฐกิจและสาธารณสุข (OIE, 2005) สำหรับในประเทศไทยนั้น มีรายงานการพบไวรัสไข้หวัดใหญ่สายพันธุ์ H5N1 ในสัตว์ปีกเป็นครั้งแรกเมื่อวันที่ 23 มกราคม พ.ศ. 2547 และพบการระบาดครั้งล่าสุดในเดือนพฤศจิกายน พ.ศ. 2551 จากรายงานขององค์การอนามัยโลก (WHO) ณ วันที่ 31 สิงหาคม พ.ศ. 2553 พบผู้ป่วยติดเชื้อไวรัสทั้งหมด 25 ราย เสียชีวิต 17 ราย และหากนับรวมทั้ง 15 ประเทศทั่วโลกมีรายงานผู้ป่วยติดเชื้อไวรัสไข้หวัดใหญ่สายพันธุ์ H5N1ทั้งสิ้น จำนวน 505 ราย เสียชีวิต 300 ราย (ตารางที่ 1)

ตารางที่ 1 รายงานจำนวนผู้ป่วยติดเชื้อและเสียชีวิตจากไวรัสไข้หวัดใหญ่สายพันธุ์ H5N1

(Cumulative number of confirmed human cases of avian influenza A/(H5N1) reported to WHO)

Country	2003		2004		2005		2006		2007		2008		2009		2010		Total	
	C	D	C	D	C	D	C	D	C	D	C	D	C	D	C	D	C	D
Azerbaijan	0	0	0	0	0	0	8	5	0	0	0	0	0	0	0	0	8	5
Bangladesh	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0
Cambodia	0	0	0	0	4	4	2	2	1	1	1	0	1	0	1	1	10	8
China	1	1	0	0	8	5	13	8	5	3	4	4	7	4	1	1	39	26
Djibouti	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Egypt	0	0	0	0	0	0	18	10	25	9	8	4	39	4	22	9	112	36
Indonesia	0	0	0	0	20	13	55	45	42	37	24	20	21	19	6	5	168	139
Iraq	0	0	0	0	0	0	3	2	0	0	0	0	0	0	0	0	3	2
Lao	0	0	0	0	0	0	0	0	2	2	0	0	0	0	0	0	2	2
Myanmar	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Nigeria	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	1	1
Pakistan	0	0	0	0	0	0	0	0	3	1	0	0	0	0	0	0	3	1
Thailand	0	0	17	12	5	2	3	3	0	0	0	0	0	0	0	0	25	17
Turkey	0	0	0	0	0	0	12	4	0	0	0	0	0	0	0	0	12	4
Viet Nam	3	3	29	20	61	19	0	0	8	5	6	5	5	5	7	2	119	59
Total	4	4	46	32	98	43	115	79	88	59	44	33	73	32	37	18	505	300

C = จำนวนผู้ป่วย; D = จำนวนผู้เสียชีวิต

รายงาน ณ วันที่ 31 สิงหาคม พ.ศ. 2553

จากการศึกษาวิจัยนำร่องของคณะผู้วิจัยในปี พ.ศ. 2549-2550 ได้ตรวจพบไวรัสไข้หวัดใหญ่สายพันธุ์ H5N1 ในตัวอย่างสัตว์ปีกจากตลาดค้าสัตว์ปีกมีชีวิตและตลาดสดในกรุงเทพมหานครและจังหวัดใกล้เคียง โดยสามารถตรวจพิสูจน์และแยกไวรัสไข้หวัดใหญ่ จากตัวอย่างสัตว์ปีกจำนวน 12 ตัวอย่าง จาก 836 ตัวอย่าง (1.4 เปอร์เซ็นต์) ซึ่งจากการศึกษาครั้งนั้น ได้ตรวจพบไวรัสไข้หวัดใหญ่สายพันธุ์ H5N1 ในนกกระทาจำนวนถึง 5 ตัวอย่าง คิดเป็น 41.7 (5/12) เปอร์เซ็นต์ ของตัวอย่างที่ให้ผลบวกทั้งหมด (Amonsin et al., 2008) จากรายงานการศึกษาข้างต้นเป็นข้อมูลที่น่าสนใจว่าแท้จริงแล้วนิเวศวิทยาของนกกระทาและสิ่งแวดล้อมภายในฟาร์มเป็นอย่างไร รวมถึงแนวทางที่นกกระทาได้รับไวรัสและโอกาสในการแพร่เชื้อไวรัสให้แก่สัตว์ชนิดอื่นเป็นอย่างไร

นอกจากจะพบไวรัสไข้หวัดใหญ่สายพันธุ์ H5N1 ในนกกระทาแล้ว ยังมีรายงานการตรวจพบไวรัสไข้หวัดใหญ่สายพันธุ์อื่นๆ ในนกกระทาเช่นกัน เช่น H9N2 ในฮ่องกง (Shortridge, 1999) H6N1 และ H6N2 ในประเทศจีน (Cheung et al., 2007) และ H7N1 ในประเทศอิตาลี (Capua et al., 2002) เป็นต้น บ่งชี้ว่านกกระทาสามารถติดไวรัสไข้หวัดใหญ่ได้หลายสายพันธุ์และอาจทำหน้าที่เป็น mixing vessel โดยสามารถติดไวรัสไข้หวัดใหญ่สายพันธุ์ต่างๆ จนอาจเกิดการแลกเปลี่ยนท่อนสารพันธุกรรมของเชื้อไวรัสแต่ละสายพันธุ์ (genetic reassortment) จนเกิดเป็นเชื้อไวรัสสายพันธุ์ใหม่ขึ้น

สำหรับในประเทศไทยนั้น แม้จะมีรายงานการพบไวรัสไข้หวัดใหญ่สายพันธุ์ H5N1 แต่ยังไม่มีการศึกษาไวรัสไข้หวัดใหญ่สายพันธุ์ต่างๆ ที่สามารถพบได้ในนกกระทาที่เลี้ยงในประเทศไทย การศึกษาวิจัยครั้งนี้จึงเป็นการเฝ้าระวังและตรวจติดตามไวรัสไข้หวัดใหญ่ ในฟาร์มนกกระทา โดยจะดำเนินการศึกษาดังวิธีทางไวรัสวิทยา และวิธีทางชีววิทยาระดับโมเลกุล เพื่อตรวจหาไวรัสไข้หวัดใหญ่ทุกสายพันธุ์ที่สามารถพบได้ในนกกระทาในประเทศไทย และศึกษารหัสพันธุกรรมของไวรัสไข้หวัดใหญ่ที่แยกได้ เพื่อเป็นการเฝ้าระวัง และป้องกันการระบาดของไวรัสไข้หวัดใหญ่ที่อาจเกิดขึ้นในอนาคต