

ในประเทศไทยมีรายงานระบาดของเชื้อไวรัสไข้หวัดนกตั้งแต่ต้นปี 2547 ซึ่งทำให้เกิดความเสียหายทางด้านเศรษฐกิจและสาธารณสุข การศึกษาครั้งนี้มีวัตถุประสงค์เพื่อศึกษาคุณลักษณะทางพันธุศาสตร์ของยีนฮีมากลูตินิน และนิวรามินิเดส ของเชื้อไวรัสไข้หวัดนกสายพันธุ์ H5N1 ในสัตว์ปีกที่พบในประเทศไทย ในช่วงปีพ.ศ. 2547-2548 จำนวน 43 ตัวอย่าง โดยการนำเชื้อไวรัสมาตรวจพิสูจน์ทางอณูชีววิทยา หาลำดับเบส วิเคราะห์ความสัมพันธ์ด้วยวิธี cluster analysis และวิเคราะห์การเปลี่ยนแปลงของกรดอะมิโนบนตำแหน่งต่างๆของยีน H5 และ N1 ที่มีความสำคัญต่อคุณสมบัติของเชื้อไวรัส ผลการศึกษานี้สามารถแยกและตรวจพิสูจน์เชื้อไวรัสไข้หวัดนกซึ่งเป็นลักษณะของเชื้อไวรัสที่ก่อให้เกิดความรุนแรง (Highly pathogenic avian influenza (HPAI) และมีลักษณะทางพันธุกรรมใกล้เคียงกันและจัดอยู่ในกลุ่มเดียวกัน รวมทั้งอยู่ในกลุ่มเดียวกับเชื้อไวรัสไข้หวัดนกที่เคยมีการระบาดในประเทศไทย และเวียดนาม นอกจากนี้ยังไม่พบการเปลี่ยนแปลงของกรดอะมิโนบนตำแหน่งต่างๆของยีน H5 และ N1 ที่มีผลต่อการกลายพันธุ์ของเชื้อไวรัสไข้หวัดนก ดังนั้นการศึกษาถึงลักษณะทางพันธุศาสตร์ของยีน H5 และ N1 ของเชื้อไวรัสไข้หวัดนก จะทำให้ทราบถึงข้อมูลรหัสพันธุกรรมและความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของเชื้อไวรัสไข้หวัดนกในสัตว์ปีกที่พบในประเทศไทย ซึ่งสามารถนำไปใช้อธิบายความสัมพันธ์ของเชื้อไวรัสไข้หวัดนก การเฝ้าระวังการเปลี่ยนแปลงและการกลายพันธุ์ของเชื้อไวรัสไข้หวัดนกที่อาจเกิดขึ้นได้ต่อไปในอนาคต

Since 2004, Avian Influenza (AI) outbreaks have been reported in Thailand. The disease has caused considerable economic losses and public health problems. This study addressed the genetic characterization of hemagglutinin (HA) and neuraminidase (NA) genes of 43 avian influenza viruses (H5N1) isolated from avian species in Thailand. The H5N1 viruses were sequenced and analyzed for genetic relatedness and genetic changes. Our results showed that the viruses in this study were Highly Pathogenic Avian Influenza (HPAI) viruses and were clustered into the same group with H5N1 viruses from Thailand and Vietnam. Major genetic changes of HA and NA genes were not observed in this study. In summary, genetic characterization of HA and NA genes of H5N1 viruses have provided the basic information of viral sequences, genetic relationship and genetic changes of the viruses in Thailand. This information will be useful for genetic monitoring of AI viruses in the future.