



รายงานการวิจัย

การศึกษาความชุก ลักษณะทางพันธุกรรมและการวิเคราะห์ถึงการติดเชื้อ
จากสัตว์สู่คนของเชื้อไข้หวัดใหญ่สุกรในจังหวัดที่มีการเลี้ยงสุกร
หนาแน่นในประเทศไทย

**The prevalence of swine influenza virus infection in pigs and genetic
characterization of the virus with evaluation of zoonotic potential in high pig
production provinces of Thailand**

โดย
ประวีณา กิตติคุณ และคณะ
กันยายน 2552

ได้รับทุนอุดหนุนการวิจัยจากสำนักงานคณะกรรมการการวิจัยแห่งชาติ
และผลงานนี้เป็นความรับผิดชอบของผู้วิจัยแต่ผู้เดียว
ปีงบประมาณ 2551

1. รายละเอียดเกี่ยวกับโครงการวิจัย /แผนงานวิจัย

1.1 ชื่อเรื่อง การศึกษาความชุก ลักษณะทางพันธุกรรมและการวิเคราะห์ถึงการติดเชื้อจากสัตว์สู่คนของเชื้อไข้หวัดใหญ่สุกรในจังหวัดที่มีการเลี้ยงสุกรหนาแน่นในประเทศไทย

The prevalence of swine influenza virus infection in pigs and genetic characterization of the virus with evaluation of zoonotic potential in high pig production provinces of Thailand

1.2 คณะผู้วิจัย หัวหน้าโครงการ

อ.สพ.ญ.ดร.ประวีณา กิติคุณ ภาควิชาพยาธิวิทยา โทรศัพท์ 02-218-9655

คณะสัตวแพทยศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

ผู้ร่วมงานวิจัย

ผู้ร่วมวิจัยคณะสัตวแพทยศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

ศ.น.สพ.ดร. รุ่งโรจน์ ชนาวงษ์นุเวช หัวหน้าหน่วยชันสูตรโรคสัตว์ โทรศัพท์ 02-218-9616

รศ.สพ.ญ.ดร. สันนิภา สุรทัตต์ ภาควิชาจุลชีววิทยา โทรศัพท์ 02-218-9583

รศ.น.สพ.ดร. อลงกร อมรศิลป์ ภาควิชาสัตวแพทย์สาธารณสุข โทรศัพท์ 02-218-9578

รศ.น.สพ.ดร. คณิศศักดิ์ อรวิระกุล ภาควิชาพยาธิวิทยา โทรศัพท์ 02-218-9655

สพ.ญ.ชลฤทัย ศรีทะ นิสิตปริญญาเอก สาขาวิชาพยาธิชีววิทยาทางสัตวแพทย์

ผู้ร่วมวิจัยศูนย์วิจัยและพัฒนาการสัตวแพทย์ภาคตะวันตก จ.ราชบุรี

สพ.ญ. ช้องมาศ อันตรเสน นายสัตวแพทย์ 8 วช. โทรศัพท์ 0-3222-8379

ผู้ร่วมวิจัยคณะแพทยศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

ศ. นพ. ยง ภู่วรวรรณ ภาควิชาภูมิคุ้มกันศาสตร์ โทรศัพท์ 02-256-4909

1.3 งบประมาณและระยะเวลาทำวิจัย

ได้รับทุนอุดหนุนการวิจัย

ประจำปีพ.ศ. 2551

จำนวนเงิน 910,300 บาท

ระยะเวลาทำการวิจัย 1 ปี

ตั้งแต่ 27 ตุลาคม พ.ศ. 2551 ถึง 27 กันยายน พ.ศ. 2552

2. สรุปโครงการวิจัย

เนื่องจากธรรมชาติของเชื้อไข้หวัดใหญ่ชนิดเอจะเกิดกลายพันธุ์อย่างต่อเนื่อง จึงทำให้เชื้อไวรัสสามารถหลบหลีกภูมิคุ้มกันต่อการติดเชื้อชนิดเดิม ส่งผลให้มีการระบาดของเชื้อไข้หวัดใหญ่ทั้งในสัตว์และในคนทุกๆ ปี สำหรับการติดเชื้อไข้หวัดใหญ่สุกรในประเทศไทยเป็นหนึ่งในสาเหตุหลักของการติดเชื้อระบบทางเดินหายใจซับซ้อน ที่เรียกว่า “Porcine respiratory disease complex (PRDC)” ซึ่งเป็นกลุ่มอาการที่ก่อความเสียหายต่ออุตสาหกรรมการผลิตสุกรอย่างชัดเจน นอกจากนี้ข้อมูลในต่างประเทศพบว่าไข้หวัดใหญ่สุกรเป็นโรคสัตว์ติดคนที่มีผลกระทบทางด้านสาธารณสุขอย่างต่อเนื่อง สำหรับข้อมูลการสำรวจความชุกของโรคไข้หวัดใหญ่สุกรในประเทศไทยนั้นมีปริมาณน้อยและไม่ต่อเนื่อง ซึ่งประเทศไทยมีการนำเข้าสุกรพ่อแม่พันธุ์ และลักษณะการเลี้ยงสุกรในบ้านเรามีความแตกต่างกันกับในต่างประเทศ คือยังมีการเลี้ยงสุกรหลังบ้านพร้อมกับการเลี้ยงสัตว์เลี้ยงชนิดอื่นๆ เช่น ไก่หลังบ้าน ไก่ชน สุนัขและแมว โอกาสที่สุกรจะได้รับเชื้อไวรัสไข้หวัดใหญ่ชนิดเอ subtype อื่นๆ จึงมีอยู่มาก นอกจากนี้เชื้อไข้หวัดใหญ่สุกรที่เพาะแยกได้ในประเทศไทยในปัจจุบันนั้น ก็ยังขาดการวิเคราะห์ทางพันธุกรรมในเชิงลึก ที่บ่งบอกถึงการเกิด reassortment ของเชื้อ และยังขาดการสำรวจอุบัติการณ์การติดเชื้อไข้หวัดใหญ่สุกรสู่คนในประเทศไทย

ดังนั้นโครงการวิจัยนี้ได้ทำการสำรวจการติดเชื้อไข้หวัดใหญ่สุกรในฝูงสุกรที่อยู่ในพื้นที่จังหวัดที่มีการเลี้ยงสุกรอย่างหนาแน่นเป็นระยะเวลา 1 ปี โดยได้มีการติดตามเก็บตัวอย่างทั้ง nasal swabs ชี้นเนื้อปอด และซีรัมจากสุกรทุกกลุ่มอายุทั้งที่แสดงอาการป่วยด้วยโรคทางระบบทางเดินหายใจและที่ไม่มีอาการแสดงของโรค นอกจากนี้ยังได้มีการสำรวจหาอุบัติการณ์การติดเชื้อไข้หวัดใหญ่สุกรสู่คน ในกลุ่มคนที่มีโอกาสสัมผัสสุกร เช่น คนที่ทำงานในฟาร์มสุกรหรืออาศัยในฟาร์มสุกรที่พบว่ามีเชื้อไข้หวัดใหญ่สุกรในประชากรสุกรของฟาร์ม ซึ่งผลที่ได้จากการศึกษาวิจัยของโครงการนี้สรุปได้ดังนี้

1. ในอุตสาหกรรมการเลี้ยงสุกรในประเทศไทย สามารถตรวจพบเชื้อไข้หวัดใหญ่ได้ทั้ง 3 สายพันธุ์ คือ H1N1 H3N2 และ H1N2 และจากการศึกษาทางซีรัมวิทยา พบอุบัติการณ์ของเชื้อไข้หวัดใหญ่สุกรสูงในพื้นที่ที่มีการเลี้ยงสุกรหนาแน่น ทั้งสายพันธุ์ H1N1 (50%) และ H3N2 (85%) ซึ่งมีความสำคัญในการควบคุมโรคระบบทางเดินหายใจในฟาร์มสุกร และควรมีการศึกษาต่อเนื่องเพื่อประเมินความเสียหายและการวางแผนป้องกันโรคในฟาร์มสุกรต่อไป
2. จากการสำรวจทั้งทางไวรัสวิทยาและซีรัมวิทยาในประเทศไทยในครั้งนี้ ยังไม่พบเชื้อไข้หวัดใหญ่สายพันธุ์ใหม่ H1N1 2009 ในสุกร ซึ่งควรมีการสำรวจต่อเนื่องและขยายวงกว้างไปยังพื้นที่อื่นๆ เพื่อเป็นข้อมูลทางระบาดวิทยาและเป็นประโยชน์อย่างยิ่งในการให้ความรู้แก่ประชาชน โดยเฉพาะผู้บริโภคนสุกรและผู้ปฏิบัติงานใกล้ชิดสุกร

3. จากข้อมูลพันธุกรรมของเชื้อไข้หวัดใหญ่สุกรสายพันธุ์ H1N1 ที่แยกได้จากสุกรในปีค.ศ. 2005, 2006 และ 2009 สามารถยืนยันได้ว่าเชื้อไข้หวัดใหญ่สุกรในประเทศไทยไม่ใช่เชื้อ novel H1N1 2009 ที่ระบาดในคน และไม่มีความสัมพันธ์กัน เมื่อนำมาเทียบกับเชื้อ novel H1N1 2009 ที่ระบาดในคน พบว่ามีความแตกต่างกัน จากการจัดแผนภูมิต้นไม้ พบว่าจัดอยู่ในคนละกลุ่ม การสำรวจหาอุบัติการณ์การติดเชื้อไข้หวัดใหญ่สุกรสู่คนในกลุ่มคนทำงานฟาร์มสุกรสองแห่งพบว่า กลุ่มคนที่มีความเสี่ยงคือ คนที่สัมผัสสุกร หรืออาศัยในฟาร์มสุกร ทำงานในฟาร์มสุกรหรือเข้า-ออกฟาร์มสุกร จะมีโอกาสที่จะสัมผัสเชื้อ) หรือติดเชื้อ (ไข้หวัดใหญ่สุกรมากกว่ากลุ่มคนที่ไม่มีความเสี่ยงถึงกว่า 24 เท่า ซึ่งเป็นข้อมูลที่สำคัญในการป้องกันการติดต่อระหว่างคนและสุกร เพื่อหลีกเลี่ยงการผสมกันของไวรัสจากคนและสุกร และควรให้ความรู้และข้อเสนอแนะแก่ผู้ปฏิบัติงานดังกล่าว
4. จากการสำรวจครั้งนี้ สามารถแยกเชื้อไข้หวัดใหญ่สุกรสายพันธุ์ H1N2 ได้ 4 ตัวอย่าง ซึ่งยังไม่มีรายงานการศึกษาทางพยาธิวิทยา อีกทั้งจากข้อมูลเบื้องต้นทางพันธุกรรมพบว่าแตกต่างจากเชื้อไข้หวัดใหญ่สุกรสายพันธุ์ H1N2 ที่แยกได้ในปี 2005 จึงควรศึกษาในเชิงลึกถึงลักษณะทางพันธุกรรมทั้ง 8 ท่อน เพื่อประเมินการเปลี่ยนแปลงทางพันธุกรรมของไวรัส ซึ่งอาจส่งผลในการระบาดต่อไปในอนาคตทั้งในคนและสุกร

ประโยชน์ที่ได้รับจากการศึกษาความชุก ลักษณะทางพันธุกรรมและการวิเคราะห์ถึงการติดเชื้อจากสัตว์สู่คนของเชื้อไข้หวัดใหญ่สุกรในจังหวัดที่มีการเลี้ยงสุกรหนาแน่นในประเทศไทยนี้ ทำให้ทราบว่ามีการติดเชื้อไข้หวัดใหญ่สุกรในประชากรสุกรที่สำรวจอย่างต่อเนื่องตลอดทั้งปี รวมทั้งยังพบอุบัติการณ์การติดเชื้อไข้หวัดใหญ่สุกรสู่คนที่ทำงานในฟาร์มสุกรอีกด้วย ที่สำคัญการศึกษาวិจัยในระดับพันธุกรรมเชิงลึกของเชื้อไข้หวัดใหญ่สุกรในประเทศไทยทำให้สามารถตอบคำถามได้ทันทีว่าเชื้อไข้หวัดใหญ่สุกรในบ้านเราไม่ได้เป็นต้นกำเนิดของเหตุการณ์การระบาดของเชื้อไข้หวัดใหญ่สายพันธุ์ใหม่ H1N1 2009 ซึ่งเป็นสายพันธุ์ที่มีต้นกำเนิดจากสุกร ที่พบว่าสามารถแพร่ระบาดในประชากรมนุษย์และส่งผลให้มีผู้ป่วยจำนวนไม่น้อยถึงเสียชีวิต อย่างไรก็ตามข้อมูลทางรหัสพันธุกรรมได้บ่งชี้ว่า เชื้อไข้หวัดใหญ่สุกรในบ้านเรามีลักษณะที่ผสมกันระหว่างเชื้อไข้หวัดใหญ่สุกรที่พบในสองทวีป คืออเมริกาเหนือและยุโรป ซึ่งอาจเกี่ยวข้องกับการนำเข้าพ่อ-แม่พันธุ์สุกรจากทั้งสองทวีป ข้อมูลที่ได้จึงสามารถนำมาใช้ในการวางแผนการควบคุมโรคในสุกรได้เป็นอย่างดี

ผู้วิจัยมีข้อเสนอแนะว่า ควรได้มีการติดตามเชื้อไข้หวัดใหญ่สุกรอย่างต่อเนื่องทั้งในประชากรสุกร และในคนที่ใกล้ชิดกับสุกร รวมทั้งสัตว์ชนิดอื่นๆ เช่น สัตว์ปีกที่อยู่ใกล้ชิดฟาร์มสุกร โดยการสำรวจใน อนาคตควรที่จะขยายขอบเขตไปสู่พื้นที่อื่นๆ ที่มีการเลี้ยงสุกรในประเทศไทย โดยเฉพาะในพื้นที่ที่มีการเลี้ยง สุกรที่มีระบบ biosecurity ที่ไม่ได้มาตรฐานและมีการเลี้ยงสุกรปะปนกับสัตว์ชนิดอื่นๆ เนื่องจากเชื้อไข้หวัด ใหญ่สุกรมีการกลายพันธุ์ตลอดเวลา อีกทั้งสุกรยังมีความสามารถในการติดเชื้อร่วมระหว่างเชื้อไข้หวัดใหญ่ ชนิดอื่นๆ เช่น ไข้หวัดใหญ่ในคนและไข้หวัดนก ซึ่งเพิ่มโอกาสของการเกิดเชื้อไวรัสชนิดใหม่ที่มีโอกาส ก่อให้เกิดการระบาดใหญ่ทั้งในประชากรสุกรและประชากรมนุษย์ได้ นอกจากนี้ควรได้พัฒนาวิธีการตรวจ วินิจฉัยการติดเชื้อข้ามชนิดสัตว์ที่สามารถใช้เพื่อตรวจสัตว์ได้หลายชนิด เพื่อความสะดวกและรวดเร็วในการ เฝ้าระวังการติดเชื้อในระดับประชากร องค์ความรู้พื้นฐานจากการตรวจติดตามเชื้อ จะทำให้การวางแผนการ เฝ้าระวังโรคในฟาร์มสุกรเพื่อลดความเสียหายโดยตรงที่เกิดจากการติดเชื้อไข้หวัดใหญ่สุกรรวมทั้งความ เสียหายที่เกิดขึ้นจากการติดเชื้ออื่นๆ รวมทั้งก่อโรกระบบทางเดินหายใจในสุกรให้มีประสิทธิภาพยิ่งขึ้น นอกจากนี้ยังเกิดประโยชน์ในการวางแผนการจัดการด้านต่างๆ และการวางแผนการปฏิบัติตนของ บุคลากรในฟาร์ม รวมทั้งคนที่ต้องเข้าออกฟาร์มสุกร หรือเกี่ยวข้องกับฟาร์มสุกร เพื่อลดโอกาสของการติด เชื้อไข้หวัดใหญ่สุกรข้ามสู่คนให้มีประสิทธิภาพสูงสุด

3. บทคัดย่อภาษาไทย

เชื้อไข้หวัดใหญ่สุกรก่อโรคทางระบบทางเดินหายใจสุกรโดยเฉพาะโรคพอร์คิณี (Porcine respiratory disease complex, PRDC) และยังเป็นโรคสัตว์สู่คน (Zoonosis) ที่มีผลต่อการสาธารณสุขอีกด้วย เนื่องจากปัจจุบันข้อมูลทางระบาดวิทยาและลักษณะทางพันธุกรรมของเชื้อไข้หวัดใหญ่สุกรในประเทศไทยมีน้อยมากและขาดช่วงการศึกษา งานวิจัยนี้จึงได้มุ่งสำรวจเชื้อไวรัสไข้หวัดใหญ่สุกรโดยศึกษาในระดับพันธุกรรมของเชื้อที่แยกได้จากภาคสนามและสำรวจอุบัติการณ์ของการติดเชื้อไข้หวัดใหญ่สุกรสุคน โดยได้ทำการศึกษาในฟาร์มสุกรใน 4 จังหวัดของประเทศไทยที่มีการเลี้ยงสุกรอย่างหนาแน่น ได้แก่ จังหวัดราชบุรี นครปฐม ชลบุรี และฉะเชิงเทรา ตั้งแต่เดือนกันยายนปี พ.ศ. 2551 ถึงสิงหาคมปี พ.ศ. 2552 โดยเก็บตัวอย่างซีรัมจากสุกรทุกกลุ่มอายุแบบตัดขวาง (Cross-sectional study) ในช่วงของการเปลี่ยนฤดูกาล เพื่อสำรวจหาความชุกของเชื้อไข้หวัดใหญ่สุกรชนิด H1 และ H3 โดยการตรวจหาภูมิคุ้มกันต่อการติดเชื้อด้วยวิธียับยั้งการเกิดฮีโมแอกกลูตินิน และได้ทำการเก็บตัวอย่าง nasal swab และชิ้นเนื้อปอดจากสุกรที่แสดงอาการป่วยทางระบบทางเดินหายใจและสุกรปกติ เพื่อเพาะแยกและเพิ่มจำนวนเชื้อไข้หวัดใหญ่สุกร รวมทั้งทำการถอดรหัสพันธุกรรมของเชื้อไข้หวัดใหญ่สุกรที่พบ เพื่อศึกษาเปรียบเทียบการกลายพันธุ์กับเชื้อไข้หวัดใหญ่สุกรที่ได้เคยมีรายงานในอดีต ผลการวิเคราะห์ทางซีรัมวิทยาของซีรัมสุกรบ่งชี้ว่า สุกรที่สำรวจให้ผลบวกต่อเชื้อไข้หวัดใหญ่สุกรชนิด H1 และ H3 ตลอดทั้งปี โดยระดับภูมิคุ้มกันต่อเชื้อไข้หวัดใหญ่สุกรชนิด H3 ไม่มีความแตกต่างกันในฤดูกาลหรือกลุ่มอายุสุกรที่สำรวจ ในขณะที่ผลบวกต่อเชื้อไข้หวัดใหญ่สุกรชนิด H1 จะพบในฤดูหนาวสูงกว่าฤดูร้อน และมีความแตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญในกลุ่มอายุที่สำรวจเรียงจากมากไปน้อย ได้แก่ แม่สุกร สุกรขุนและลูกสุกรหย่านมตามลำดับ ผลการเพาะแยกเชื้อไข้หวัดใหญ่สุกรจากสุกรป่วย พบเชื้อไข้หวัดใหญ่สุกรเฉพาะชนิด H1N1 และ H1N2 เมื่อศึกษาลักษณะทางพันธุกรรมของเชื้อไข้หวัดใหญ่สุกรชนิด H1N1 ที่เพาะแยกได้ตั้งแต่ปีพ.ศ. 2552 พบว่า เชื้อไข้หวัดใหญ่สุกรยังคงมีทุกท่อนพันธุกรรมเป็นของสุกรซึ่งมีการผสมระหว่างเชื้อไข้หวัดใหญ่สุกร สายพันธุ์สุกรในทวีปอเมริกาเหนือและในทวีปยุโรป เช่นเดียวกันกับเชื้อไข้หวัดใหญ่สุกร H1N1 ที่พบในประเทศไทย ช่วงปี พ.ศ. 2548-2549 ที่ผ่านมา แต่เชื้อที่ได้จากการศึกษามีความแตกต่างกับเชื้อไข้หวัดใหญ่สายพันธุ์ใหม่ H1N1 2009 ที่ระบาดในคนเมื่อต้นปี พ.ศ. 2552 โดย ยีน HA ของเชื้อที่แยกได้ บ่งชี้ว่ามีการกลายพันธุ์และพบการดื้อต่อยา Oseltamivir ซึ่งแตกต่างกับเชื้อไข้หวัดใหญ่สุกร ในปี พ.ศ. 2548-2549 ที่ไม่พบการดื้อยาเลย ส่วนผลการศึกษาอุบัติการณ์การติดเชื้อไข้หวัดใหญ่สุกรสุคน พบว่าผู้ที่มีการสัมผัสสุกร ซึ่งรวมถึงผู้ที่อาศัยอยู่ในฟาร์มสุกร มีโอกาสในการติดเชื้อไข้หวัดใหญ่สุกรในฟาร์มได้สูงกว่าคนทั่วไปที่ไม่ได้สัมผัสสุกรหรือกลุ่มตัวอย่างที่ได้จากคนที่อยู่ในเมืองมากกว่า 24 เท่า

ข้อมูลงานวิจัยทั้งหมดที่ได้กล่าวมานี้เป็นข้อมูลพื้นฐานของเชื้อไข้หวัดใหญ่สุกรที่พบในประเทศไทย ซึ่งมีความสำคัญอย่างยิ่งทางระบาดวิทยาของเชื้อ สามารถใช้ในการวางแผนป้องกันโรคระบบทางเดินหายใจ

ในสุกรที่พบมากตามฤดูกาล ส่วนข้อมูลที่บ่งชี้ถึงการติดเชื้อไข้หวัดใหญ่สุกรข้ามสู่คนในกลุ่มคนที่ทำงานในฟาร์มสุกรในประเทศไทยเป็นหลักฐานที่สำคัญที่แสดงถึงการติดเชื้อไข้หวัดใหญ่ข้ามชนิดสัตว์ ซึ่งอาจนำไปสู่การระบาดของเชื้อทั้งในประชากรสุกรและประชาชนทั่วไปได้ เช่นเดียวกับการระบาดของเชื้อไข้หวัดใหญ่สายพันธุ์ใหม่ H1N1 2009 ดังนั้นควรได้มีการวางมาตรการการเฝ้าระวังและป้องกันโรคในฟาร์มสุกรเพื่อลดอุบัติการณ์การติดเชื้อในบุคลากรที่ทำงานในฟาร์มต่อไป รวมทั้งศึกษาพยากรณ์โรคของเชื้อไข้หวัดใหญ่สุกรที่แยกได้ในปัจจุบัน โดยเฉพาะสายพันธุ์ H1N2 ที่เกิดจากการผสมรวมกันของเชื้อไข้หวัดใหญ่สุกรสายพันธุ์ H1N1 และ H3N2 ที่พบอยู่ในประเทศไทย

คำสำคัญ: ไข้หวัดใหญ่สุกร สุกรในประเทศไทย พันธุกรรมเชิงลึก การกลายพันธุ์ของเชื้อ โรคสัตว์สู่คน

4. บทคัดย่อภาษาอังกฤษ

Swine influenza virus (SIV) cause respiratory disease especially porcine respiratory disease complex (PRDC) in pigs and has a zoonotic potential. Minimal data in the literature are available regarding the epidemiology and genetic characteristic of SIV currently circulating in the Thai swine population. This study was conducted to survey and genetically characterize SIVs in Thailand. Additionally, this study investigated the zoonotic potential of Thai SIV in the swine-exposed workers comparing to the serum samples of urban population. The surveillance took place in 4 provinces of Thailand with high density pig populations between September 2008 to August 2009. Serum samples were collected from pigs of all ages cross-sectionally during the seasonal change to evaluate the seroprevalence of H1 and H3 SIV using hemagglutination-inhibition (HI) test. Nasal swabs and lung tissues were collected from both pigs with and without respiratory signs. Virus isolation was performed and genetically characterized and analyzed with the SIV isolates reported previously. Serological results of pig sera revealed evidence of pigs being exposed to H1 and H3 SIV throughout the year. There were no significant differences between the seasons or age of pigs that were seropositive to H3 SIV. However, pigs seropositive to H1 SIV were found significantly higher during winter compared to summer season. H1-seropositive sows were significantly highest followed by growers and weaners. During the surveillance, only SIV subtypes H1N1 and H1N2 were identified from pigs with clinical signs. Genetic characterization of the H1N1 isolated in early 2009 demonstrated that the virus contained gene segments with the swine origin mixed with the North American and European lineage. The studied H1N1 SIVs were similar to the Thai SIVs found in 2005-2006 but was genetically different

from the pandemic influenza A H1N1 2009 emerged in the human population early this year. Hemagglutinin gene analysis shows genetic drift of the current Thai SIVs from the older Thai SIVs. Interestingly, the current H1N1 SIVs contained oseltamivir resistant gene while the previous SIVs circulating in 2005 and 2006 did not. Serum samples from swine-exposed people were also investigated for the evidence of swine-to-human influenza virus transmission. Serological results showed that people exposed to swine had at least 24 times higher chance of elevated antibody titer to SIVs than those living in the urban.

The findings from this study provide significant evidence of SIV status in the studied pig population and may be useful for prevention and control respiratory diseases caused by SIVs. Moreover, the results from this study indicated that Thai swine workers and/or people living in the swine farms had higher risk of SIV infection. It is important to continue this type of surveillance since SIV continuously mutates and may contain oseltamivir resistant gene posing the potential risk to the human population. Moreover pathogenesis study of the novel H1N2 derived from genetic reassortant between the local H1N1 and H3N2 is needed to determine the virulence and zoonotic potential. Data gained from this study will help identify efficient SIV prevention and control measurements both in the pig and human population.

Keywords: Swine influenza virus, Thai pigs, genetic characterization, genetic mutation, zoonosis