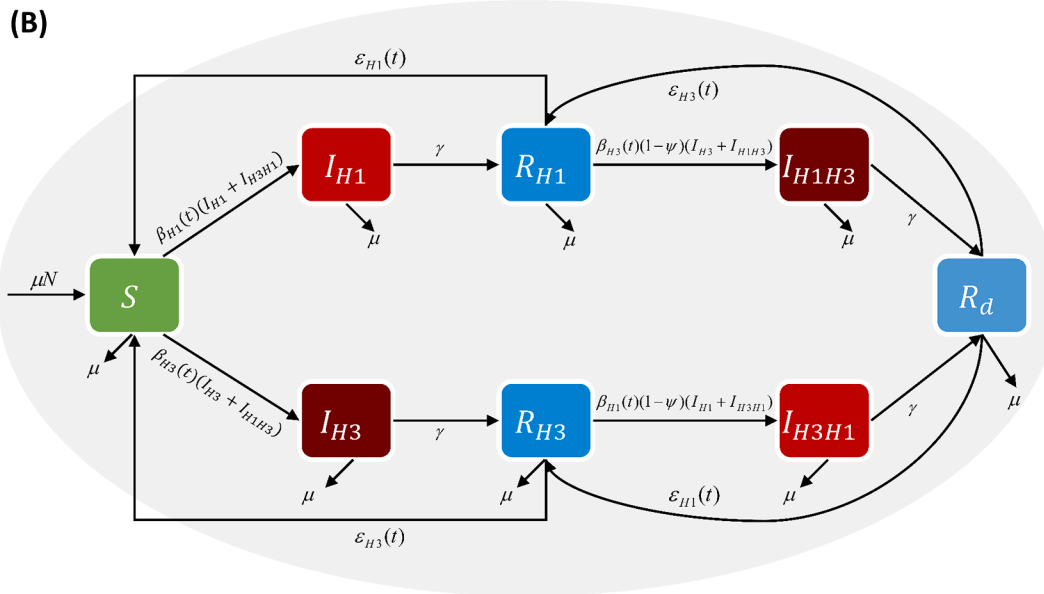


## วิวัฒนาการการแข่งขันของไวรัสไข้หวัดใหญ่ H1N1 และ H3N2 ในสหรัฐอเมริกา: การศึกษาโดยใช้แบบจำลองทางคณิตศาสตร์

ชัยวัฒน์ วิละแสง, พิฆเนศ สุทธิรัตน์, สุภารัตน์ ชาตีสุทธิ, อนุวัฒน์ วิรัชสุตากุล, และ ชรินทร์ โหมดขัง

**หลักการและเป้าหมาย:** การระบาดของโรคไข้หวัดใหญ่ถือว่าเป็นปัญหาที่สำคัญทางด้านระบบสาธารณสุขของหลายประเทศทั่วโลก ซึ่งส่งผลกระทบต่อทั้งทางด้านสุขภาพและเศรษฐกิจ ความท้าทายที่สำคัญในการป้องกันและควบคุมการแพร่ระบาดของโรคไข้หวัดใหญ่คือวิวัฒนาการและการเปลี่ยนแปลงของไวรัสที่เกิดขึ้นอยู่ตลอดเวลา ทำให้ยากต่อการพัฒนาวัคซีนโรคไข้หวัดใหญ่ที่มีประสิทธิภาพในระยะยาว

**สรุป:** การศึกษานี้มีวัตถุประสงค์เพื่อทำความเข้าใจและจำลองวิวัฒนาการและการแพร่เชื้อของไวรัสไข้หวัดใหญ่สายพันธุ์ใหม่ H1N1 และ H3N2 โดยเน้นไปที่การเปลี่ยนแปลงของแอนติเจน เราได้พัฒนาแบบจำลองการระบาดของโรคไข้หวัดใหญ่โดยคำนึงถึงการเปลี่ยนแปลงของลำดับกรดอะมิโนของไวรัสและข้อมูลทางระบาดวิทยาที่เกี่ยวข้อง และใช้แบบจำลองนี้เพื่อคำนวณอัตราการแพร่เชื้อของโรคที่แปรผันตามอัตราการเปลี่ยนแปลงของแอนติเจนที่แปรผันตามเวลาจากการเปลี่ยนแปลงของลำดับกรดอะมิโน เราพบว่า จากการรวมอัตราการเปลี่ยนแปลงของแอนติเจนที่แปรตามเวลาเข้ากับแบบจำลองการแพร่เชื้อ เราสามารถอธิบายการแพร่เชื้อเชิงวิวัฒนาการของไวรัสไข้หวัดใหญ่ได้แม่นยำมากขึ้น การค้นพบนี้ชี้ให้เห็นว่าการเปลี่ยนแปลงของแอนติเจนของไวรัสมีบทบาทสำคัญในการเปลี่ยนแปลงของไวรัสไข้หวัดใหญ่ตามฤดูกาล การวิจัยนี้ช่วยทำให้เราเข้าใจเกี่ยวกับปัจจัยที่มีอิทธิพลต่อการระบาดของไข้หวัดใหญ่ได้มากขึ้น ซึ่งอาจจะช่วยให้เราสามารถควบคุมการระบาดของโรคไข้หวัดใหญ่ได้ดีขึ้น



รูป: แผนผังแบบจำลอง

**ผลที่ได้:** ได้ความเข้าใจเกี่ยวกับบทบาทที่สำคัญของการเปลี่ยนแปลงของแอนติเจนในไวรัสที่มีอิทธิพลต่อการระบาดของโรคไข้หวัดใหญ่ตามฤดูกาล

**ทุนวิจัยและกิตติกรรมประกาศ:** 1. สำนักงานพัฒนาวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยีแห่งชาติ (สวทช.) 2. สำนักงานการวิจัยแห่งชาติ (วช.) 3. ศูนย์ความเป็นเลิศด้านฟิสิกส์ 4. ศูนย์ความเป็นเลิศด้านคณิตศาสตร์

**เป้าหมาย SDGs ที่เกี่ยวข้อง:** 3. การมีสุขภาพและความเป็นอยู่ที่ดี

**งานวิจัยที่เกี่ยวข้อง:**

Wilasang C., Suttirat P., Chadsuthi S., Wiratsudakul A., Modchang C. Competitive evolution of H1N1 and H3N2 influenza viruses in the United States: A mathematical modeling study. *Journal of Theoretical Biology* 555 (2022) 111292

<https://doi.org/10.1016/j.jtbi.2022.111292>