หอสมุดกลาง สถาบันวิทยบริการ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

บทที่ 5
อภิปรายผล สรุปผลการทดลอง และข้อเสนอแนะ

อภิปรายผลการทดลอง

การศึกษาครั้งนี้มีวัตถุประสงค์เพื่อศึกษาลักษณะทางพันธุศาสตร์ของยีน H5 และ N1 ของเชื้อไวรัสไข้หวัดนก ที่พบในประเทศไทยในช่วงปี 2004-2005 โดยธรรมชาติแล้วเชื้อไวรัสไข้หวัดนกเป็น RNA virus ซึ่งสามารถเกิดการเปลี่ยนแปลงได้อย่างรวดเร็ว ดังนั้นการศึกษาลักษณะทางพันธุศาสตร์ของเชื้อไวรัสชนิดนี้จึงเป็นสิ่งที่สำคัญ เพื่อที่จะได้ข้อมูลความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมและการเปลี่ยนแปลงของเชื้อไวรัส ซึ่งจะเป็นประโยชน์ในการเฝ้าระวังการเปลี่ยนแปลงและการกลายพันธุ์ของเชื้อไวรัสไข้หวัดนกในอนาคต การศึกษาครั้งนี้สามารถสรุปผลการทดลองแบ่งออกเป็น

- ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของยีน H5 และ N1
- การเปลี่ยนแปลงของกรดอะมิโนบนตำแหน่งต่างๆของยีน H5 และ N1

1. ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของยีน H5 และ N1

ความสัมพันธ์ลักษณะทางพันธุกรรมของเชื้อไวรัสไข้หวัดนกจำนวน 43 ตัวอย่างในการศึกษาครั้งนี้ ซึ่งเป็นเชื้อไวรัสไข้หวัดนกที่แยกได้จากสัตว์ปีกในประเทศไทยในช่วงปี 2004-2005 พบว่าเชื้อไวรัสไข้หวัดนกที่ศึกษามีลักษณะทางพันธุกรรมที่ใกล้เคียงกัน โดยจัดอยู่ในกลุ่มเดียวกัน และใกล้เคียงกับเชื้อไวรัสไข้หวัดนกที่เป็นตัวแทนของเชื้อในประเทศไทยในระบาดครั้งที่ 1 (A/Chicken/Nakorn-Pathom/Thailand/CU-K2/04) และครั้งที่ 2 (Chicken/Thailand/CU-23/04) ดังนั้นจึงอาจกล่าวได้ว่าเชื้อไวรัสไข้หวัดนกที่ทำให้เกิดการระบาดของโรคไข้หวัดนกในประเทศไทยเป็นเชื้อที่มีลักษณะทางพันธุกรรมใกล้เคียงกันและทำให้เกิดการระบาดของโรคซ้ำซากในประเทศไทย และเมื่อหาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างเชื้อไวรัสไข้หวัดนกที่แยกได้ในประเทศไทยกับเชื้อที่แยกได้ในประเทศต่างๆ พบว่าเชื้อไวรัสไข้หวัดนกในประเทศไทยจัดอยู่ในกลุ่มเดียวกับเชื้อที่พบในประเทศเวียดนาม ในปี 2004-2005 ซึ่งสอดคล้องกับรายงานของ Viseshakul และคณะ (2004) ที่ทำการแยกเชื้อไวรัสไข้หวัดนก A/Chicken/Nakon-Pathom/Thailand/CU-K2/04 และพบว่าจัดอยู่ในกลุ่มเดียวกับเชื้อที่แยกได้จากเวียดนามเช่นเดียวกัน (Thailand and Vietnam lineage) แต่จัดอยู่คนละกลุ่มกับเชื้อที่พบในประเทศอินโดนีเซีย จีน และประเทศแถบทวีปยุโรป ในช่วงปี 2004-2005

นอกจากนี้การศึกษาครั้งนี้ยังสอดคล้องกับรายงานของ Chen และ คณะ (2006) ที่หาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของเชื้อไวรัสไข้หวัดนกที่ระบาดในประเทศแถบเอเชียในช่วงปี 2004-2005 พบว่า เชื้อที่แยกได้จากประเทศไทย เวียดนาม มาเลเซีย จัดอยู่ในกลุ่มเดียวกัน (VTM lineage) แต่จัดอยู่คนละกลุ่มกับเชื้อที่พบในประเทศอินโดนีเซีย (IND lineage) และสอดคล้องกับรายงานของ Smith และคณะ (2006) ที่พบว่าเชื้อไวรัสไข้หวัดนก ปี 2003-2005 ที่แยกจากประเทศเวียดนามตอนเหนือจัดอยู่ในกลุ่มเดียวกับเชื้อจากประเทศไทยและแยกกลุ่มออกจากอินโดนีเซีย

นอกจากนี้ผลการศึกษาครั้งนี้ยังสามารถแสดงได้ว่าเชื้อไวรัสไข้หวัดนกที่แยกได้ในประเทศไทยมีวิวัฒนาการมาจากเชื้อไวรัส Gs/Gd/96-lineage ซึ่งเป็นเชื้อที่พบในประเทศจีนตอนใต้ในปี 1996 (Li et al., 2004) และเป็นไวรัสต้นกำเนิดของการระบาดที่พบในปี 1997 ที่ประเทศฮ่องกง (Xu et al., 1999) รวมทั้งเชื้อที่แยกได้ในประเทศไทยยังจัดอยู่ในกลุ่มเชื้อไวรัสสายพันธุ์ H5N1 genotype Z เช่นเดียวกับเชื้อที่แยกได้ในประเทศเวียดนาม อินโดนีเซีย ฮ่องกง และบางมณฑลของจีน ซึ่งเป็น genotype ที่เริ่มพบตั้งแต่การระบาดในปี 2002 (Chen et al., 2006; Li et al., 2004)

2. การเปลี่ยนแปลงของกรดอะมิโนบนตำแหน่งต่างๆของยีน H5 และ N1

จากการศึกษาครั้งนี้พบว่าเปอร์เซ็นต์ความคล้ายของนิวคลีโอไทด์และกรดอะมิโนของยีน H5 ของเชื้อไข้หวัดนกที่แยกได้จากสัตว์ปีกในเขตกรุงเทพมหานครมีค่ามากกว่า 99 % และเปอร์เซ็นต์ความคล้ายของยีน N1 ของเชื้อไข้หวัดนกมีค่าประมาณ 97-99 % และเมื่อเปรียบเทียบเปอร์เซ็นความคล้ายของนิวคลีโอไทด์และกรดอะมิโนของเชื้อไข้หวัดนกในแต่ละตัวอย่าง ซึ่งได้ทำการเก็บมาจากการระบาดในเดือนกุมภาพันธ์ – สิงหาคม 2004 พบว่าเปอร์เซ็นต์ความคล้ายของยีน H5 และ N1 มีค่ามากกว่า 99 % และมากกว่า 97 % ตามลำดับ จากผลดังกล่าวแสดงให้เห็นว่าเชื้อไข้หวัดนกที่แยกได้ในจากพื้นที่ในเขตกรุงเทพมหานครในการศึกษาครั้งนี้มีความใกล้เคียงกับเชื้อไข้หวัดนกที่แยกได้ในช่วงต้นปี 2004 (A/Chicken/Nakorn-Pathom/Thailand/CU-K2/04) และเมื่อทำการเปรียบเทียบระหว่างเชื้อไข้หวัดนกในแต่ละตัวอย่างพบว่าเชื้อไวรัสยังคงมีความใกล้เคียงทางพันธุกรรมเช่นเดียวกัน

นอกจากนี้การศึกษาครั้งนี้พบว่าเปอร์เซ็นต์ความคล้ายของนิวคลีโอไทด์และกรดอะมิโนของยีน H5 ของเชื้อไข้หวัดนกที่แยกได้จากไก่ในพื้นที่ต่างๆในช่วงปี 2004 - 2005 มีค่ามากกว่า 99% และเมื่อหาเปอร์เซ็นต์ความคล้ายของนิวคลีโอไทด์และกรดอะมิโนของยีน N1 มีค่าประมาณ 96-97 % ซึ่งมีความใกล้เคียงกับเชื้อไข้หวัดนกที่แยกได้ในช่วงต้นปี2004 (A/Chicken/Nakorn-Pathom/Thailand/CU-K2/04)

ทั้งนี้การศึกษาครั้งนี้ได้ทำการหาเปอร์เซ็นต์ความคล้ายของตัวอย่างเชื้อไข้หวัดนกที่แยกได้จากพื้นที่ในกรุงเทพมหานครเท่านั้น ในส่วนของจังหวัดอื่นๆ นั้นอาจจะต้องทำการเก็บตัวอย่างให้มีจำนวนมากขึ้น และเก็บตัวอย่างซ้ำในพื้นที่นั้น เพื่อให้มีจำนวนตัวอย่างเพียงพอและสามารถดูการเปลี่ยนแปลงของเชื้อไข้หวัดนกได้ชัดเจนมากขึ้น

จากการศึกษาครั้งนี้พบว่าบริเวณ HA clevage site ของเชื้อไวรัสไข้หวัดนกจำนวน 43 ตัวอย่างมีลักษณะการเรียงตัวของกรดอะมิโนแบบ multiple basic amino acids แต่มีความหลากหลายของการเรียงตัวของกรดอะมิโนชนิด Arginine (R) และ Lysine (K) ที่ตำแหน่งที่ 320-330 ซึ่งสามารถแบ่งออกได้ 3 แบบ คือ RRRKKR/G, RKRKKR/G, KRRKRR/G

ข้อมูลที่ได้จากการศึกษาครั้งนี้สอดคล้องกับรายงานการแยกเชื้อไวรัสไข้หวัดนกที่ได้จากประเทศต่างๆ ที่มีรายงานการระบาดตั้งแต่ปี 1997-2005 ซึ่งจะพบลักษณะของ multiple basic amino acids เรียงตัวแบบ RRRKKR/G เป็นส่วนใหญ่ เช่นเชื้อไวรัสที่แยกได้ในฮ่องกง (Claas et al., 1998), เวียดนาม อินโดนีเซีย (Smith et al., 2006), จีน (Zhou et al.,2006) และสามารถพบความหลากหลายของการเรียงตัวของกรดอะมิโนได้ โดยอาจจะเป็นการเพิ่มหรือขาดหายไปของกรดอะมิโน R หรือ K ในบางตำแหน่งบน HA cleavage site เช่น เชื้อไข้หวัดนกที่แยกได้จากประเทศเกาหลีใต้ พบการเรียงตัวแบบ KRKK-R/G (Lee et al., 2005) ถึงแม้ว่าจะพบการหายไปของกรดอะมิโน 1 ตัว แต่เชื้อไวรัสไข้หวัดนกก็ยังคงเป็นชนิดที่ก่อโรครุนแรงได้เช่นกัน (Muramoto et al., 2006)

บริเวณ HA cleavage site เป็นตำแหน่งที่เกี่ยวข้องกับความรุนแรงของการติดเชื้อไวรัส โดยพบว่าเชื้อไวรัสไข้หวัดนกชนิดที่มีการเรียงตัวของกรดอะมิโนแบบเบสจำนวนมาก (multiple basic amino acid) ได้ใช้เป็นลักษณะที่ใช้ในการนิยามเชื้อไวรัสไข้หวัดนกชนิดที่ก่อโรครุนแรง (Highly Pathogenic Avian influenza (HPAI)) (Claas et al., 1998; Steinhauer, 1999)

Receptor binding site เป็นตำแหน่งของกรดอะมิโนบนยีน HA ที่เกี่ยวข้องกับคุณสมบัติในการเกาะจับบนเซลล์โฮสต์ของเชื้อไวรัสไข้หวัดนก มีรายงานถึงความแตกต่างของกรดอะมิโนบน receptor binding site ซึ่งเกี่ยวข้องกับความจำเพาะในการก่อโรคของเชื้อไวรัสในโฮสต์ชนิดต่างๆ โดยมีรายงานว่าการพบกรดอะมิโน Glutamine ที่ตำแหน่ง 222 และ Glycine ที่ตำแหน่ง 224 (Q222-G224) จะเป็นลักษณะของเชื้อไวรัสที่ก่อโรคในสัตว์ปีก และสามารถเข้าจับกับ receptor ชนิด α2-3 linked sialic acid ซึ่งเป็น receptor ที่พบในสัตว์ปีก แต่เชื้อไวรัสที่ก่อโรคในคนจะพบกรดอะมิโน leucine (L) ที่

ตำแหน่ง 222 (226 in H3 numbering) และจะจับกับ receptor ชนิด α2-6 linked sialic acid (Ha et al., 2001; Gambaryan et al., 2006)

การศึกษาครั้งนี้สอดคล้องกับรายงานของ Ha และคณะ (2001) ซึ่งแสดงการพบลักษณะกรดอะมิโน Glutamine และ Glycine (Q222-G224) ที่ตำแหน่ง 222 และ 224 ตามลำดับ ในเชื้อไวรัสไข้หวัดนกทุกตัวอย่าง นอกจากนี้มีรายงานในรอบ 10 ปีที่ผ่านมา เช่น รายงานการเกิดโรคไข้หวัดนกในประเทศฮ่องกงปี 1997 พบว่าเชื้อไวรัสไข้หวัดนก H5N1 ที่แยกได้จากคนนั้นมีลักษณะของ receptor binding site ที่จำเพาะกับ receptor binding site ในสัตว์ปีก (Claas et al., 1998) และสอดคล้องกับรายงานผู้ป่วยในประเทศไทยซึ่งพบลักษณะ receptor binding site ที่พบได้ในสัตว์ปีกเช่นเดียวกัน (Puthavathana et al., 2005) ดังนั้นจึงเห็นได้ว่าเชื้อไวรัสที่มี receptor binding site ที่จับกับ receptor ชนิด α2-3 linked sialic acid ซึ่งเหมาะสมกับสัตว์ปีก สามารถเพิ่มจำนวนและทำให้เกิดโรคในคนได้

N-link glycosylation site เป็นตำแหน่งที่พบการเรียงตัวของกรดอะมิโน Asparagine –X-Threonine/Serine (N-X-T/S) (Robert et al., 1993) ในรายงานของเชื้อไวรัสไข้หวัดนกในประเทศฮ่องกงและประเทศไทย พบ glycosylation site ที่ตำแหน่ง 154-156 (Claas et al.,1998; Amonsin et al., 2006) ทั้งนี้การพบ glycosylation site ที่ตำแหน่ง 154-156 (NST) ซึ่งเป็นบริเวณที่ใกล้กับ receptor binding site และ antigenic site บนโปรตีน HA อาจมีผลต่อการจับบน receptor และอาจช่วยทำให้เชื้อไวรัสสามารถหลบเลี่ยงระบบภูมิคุ้มกันของ host (Li et al., 2004)

การศึกษาครั้งนี้พบ glycosylaiton site ทั้งหมด 7 ตำแหน่งบนโปรตีน HA1 และพบการเพิ่มของ glycosylation site ที่ตำแหน่ง 154-156 สอดคล้องกับเชื้อไวรัสไข้หวัดนกที่แยกได้จากคนและเสือในประเทศไทย (Puthavathana et al., 2005; Amonsin et al., 2006) รวมทั้งเชื้อไวรัสไข้หวัดนกที่แยกได้จากประเทศเวียดนามในช่วงปี 2004-2005 ซึ่งพบการเพิ่ม glycosylation site ที่บริเวณ 154-156 1 ตำแหน่ง และอาจมีผลต่อความรุนแรงของเชื้อไวรัส (Matrosovich et al., 1999) อย่างไรก็ตามไม่พบ glycosylation site ที่ตำแหน่งนี้ในเชื้อไวรัสไข้หวัดนกที่แยกจากประเทศจีนในปี 1996 และ 1997

NA stalk region เป็นบริเวณกรดอะมิโนบน stalk ของโปรตีน NA และเกี่ยวข้องกับโครงสร้างของ NA stalk (Castrucci and Kawaoka, 1993) ลักษณะการเปลี่ยนแปลงของกรดอะมิโนบน stalk region ของยีน NA เกี่ยวข้องกับการปรับตัวหรือวิวัฒนาการของเชื้อไข้หวัดนกในการติดเชื้อจากนกน้ำนกป่ามายังสัตว์ปีกชนิดเลี้ยงไว้ เช่น ไก่ เป็ด (Wan et al., 2005) รายงานการศึกษา NA stalk region ของเชื้อไวรัสไข้หวัดนกพบว่าเชื้อที่แยกได้จากประเทศจีนในปี 1996 นั้นยังไม่มีการเปลี่ยนแปลงของ

กรดอะมิโนที่บริเวณ stalk region แต่เริ่มพบการเปลี่ยนแปลงโดยมีลักษณะการลดจำนวนของกรดอะมิโนจำนวน 19 ตัว (19-amino acid deletion) จากเชื้อไวรัสไข้หวัดนกที่แยกได้จากฮ่องกงในปี 1997 (A/HK/156/97) (Subbrarao et al.,1998) หลังจากนั้นเริ่มมีรายงานพบ 20-amino acid deletion (49-68) จากเชื้อที่แยกได้ตั้งแต่ปี 2002 รวมทั้งเชื้อที่แยกได้ในประเทศไทย (Li et al., 2004)

การศึกษาครั้งนี้พบการลดจำนวนของกรดอะมิโนจำนวน 20 ตัว (20-amino acid deletion) ที่ตำแหน่ง 49-68 และสอดคล้องกับรายงานของ Viseshakul และคณะ (2004) ที่พบ 20-amino acid deletion บริเวณ stalk region รวมทั้งเชื้อไวรัสไข้หวัดนกที่แยกได้จากประเทศเวียดนาม (Muramoto et al., 2006) ซึ่งแตกต่างไปจากเชื้อไวรัสไข้หวัดนกที่ระบาดก่อนปี 2002 แสดงให้เห็นว่าเชื้อไวรัสไข้หวัดนกมีการเปลี่ยนแปลงตลอดเวลาและมีการปรับตัวหรือวิวัฒนาการให้เหมาะสมต่อการติดเชื้อในสัตว์ปีกชนิดต่างๆ

การรักษาผู้ติดเชื้อไวรัสไข้หวัดนกสามารถรักษาโดยการใช้ยาในกลุ่ม neuraminidase inhibitor ได้แก่ oseltamivir, zanamivir ซึ่งยาต้านไวรัสกลุ่มนี้จะไปขัดขวางการทำงานของเอนไซม์ neuraminidase ทำให้ไม่สามารถปล่อยเชื้อไวรัสออกจากเซลล์ โดยปกติบริเวณ NA active site เป็นตำแหน่งที่เกี่ยวข้องกับการทำงานของเอนไซม์ neuraminidase และปล่อยเชื้อไวรัสออกจากเซลล์ (Wilschut and Mc Elhaney, 2005) ดังนั้นการเปลี่ยนแปลงของกรดอะมิโนบริเวณ NA active site จะมีผลต่อเอนไซม์นิวรามินิเดส ทำให้เชื้อไวรัสดื้อต่อยาต้านไวรัส เช่น รายงานเกี่ยวกับการเปลี่ยนแปลงของกรดอะมิโนบางตำแหน่งบนบริเวณ NA active site คือ 119 (E119V), 293 (R293K), 295 (N295S), 275 (H275Y) ซึ่งจะส่งผลให้เชื้อไวรัสไข้หวัดนกต้านต่อยา oseltamivir (Mc-Kimm Breschin et al., 2001) รายงานการรักษาโดยใช้ยา oseltamivir ในผู้ป่วยชาวเวียดนามที่เสียชีวิตจากการติดเชื้อไวรัสไข้หวัดนก พบว่าเชื้อไวรัสไข้หวัดนกมีการเปลี่ยนแปลงของกรดอะมิโนบน NA active site ที่ตำแหน่ง 275 (H to Y) ส่งผลให้เชื้อไวรัสไข้หวัดนกต้านต่อยา oseltamivir (de Jong et al., 2005) การศึกษาครั้งนี้ยังไม่พบการเปลี่ยนแปลงของกรดอะมิโนที่ตำแหน่งต่างๆ (119, 293, 295, 275) ของยีน NA ซึ่งอาจกล่าวได้ว่าเชื้อไวรัสไข้หวัดนกที่ใช้ในการศึกษาครั้งนี้ยังไม่มีลักษณะที่มีผลต่อการดื้อยา oseltamivir

สรุปผลการทดลอง

การศึกษาครั้งนี้มีวัตถุประสงค์เพื่อหาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของยีน H5 และ N1 ของเชื้อไวรัสไข้หวัดนกสายพันธุ์ H5N1 ที่แยกได้ในประเทศไทยในปี 2004-2005 จำนวน 43 ตัวอย่าง รวมทั้งวิเคราะห์การเปลี่ยนแปลงของกรดอะมิโนบนตำแหน่งที่สำคัญซึ่งอาจมีผลต่อการเปลี่ยนแปลงและกลายพันธุ์ของเชื้อไวรัสไข้หวัดนก ผลการศึกษาครั้งนี้พบว่า

1. เชื้อไวรัสไข้หวัดนกที่แยกได้เป็นเชื้อไวรัสไข้หวัดนกสายพันธุ์ H5N1 รวมทั้งได้ข้อมูลลำดับเบสของยีน H5 และ N1 ของเชื้อไวรัสไข้หวัดนกจำนวน 43 ตัวอย่าง (จำนวน 86 เส้น) และนำข้อมูลลำดับเบสของยีน H5 และ N1 ของเชื้อไวรัสไข้หวัดนกไปเผยแพร่ในฐานข้อมูล GenBank (http://www.ncbi.nlm.nih.gov)

2. เชื้อไวรัสไข้หวัดนกในการศึกษาครั้งนี้มีลักษณะทางพันธุกรรมใกล้เคียงกันและจัดอยู่ในกลุ่มเดียวกัน รวมทั้งอยู่ในกลุ่มเดียวกับเชื้อไวรัสไข้หวัดนกที่เคยมีการระบาดในประเทศไทย และเวียดนาม

3. วิเคราะห์การเปลี่ยนแปลงกรดอะมิโนที่ตำแหน่งต่างๆ บนยีน H5 ทำให้ทราบว่าเชื้อไวรัสไข้หวัดนกที่แยกได้นั้นเป็นชนิดที่ก่อโรครุนแรงโดยดูจากกรดอะมิโนบน HA cleavage site ที่มีการเรียงตัวแบบกรดอะมิโนจำนวนมาก และพบลักษณะ receptor binding site ของเชื้อไวรัสที่ก่อโรคในสัตว์ปีก รวมทั้งลักษณะของการเพิ่มของ glycosylation site ที่ตำแหน่งกรดอะมิโนที่ 154-156 บนยีน H5

4. วิเคราะห์การเปลี่ยนแปลงของกรดอะมิโนที่ตำแหน่งต่างๆ บนยีน N1 พบการลดจำนวนของกรดอะมิโนจำนวน 20 ตัวบน NA stalk region แต่ไม่พบการเปลี่ยนแปลงของกรดอะมิโนที่มีผลต่อการดื้อยาต้านไวรัสของเชื้อไวรัสไข้หวัดนก

การศึกษาครั้งนี้มีประโยชน์ในด้านการหาข้อมูลของรหัสพันธุกรรมของยีน H5 และ N1ของเชื้อไวรัสไข้หวัดนกในสัตว์ปีกในประเทศไทย และสามารถนำรหัสพันธุกรรมไปเผยแพร่ไว้ในฐานข้อมูล GenBank (http://www.ncbi.nlm.nih.gov) ซึ่งเป็นแหล่งข้อมูลสำหรับนักวิทยาศาสตร์และผู้สนใจที่ต้องการจะศึกษาถึงข้อมูลรหัสพันธุกรรมในเชิงลึกและสามารถนำไปใช้เป็นข้อมูลอ้างอิงต่อไปได้ นอกจากนี้ ข้อมูลลักษณะทางพันธุกรรมและความสัมพันธ์ของเชื้อไวรัสไข้หวัดนกทำให้ทราบถึงลักษณะความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมและการเปลี่ยนแปลงของเชื้อไวรัสไข้หวัดนกในประเทศไทย ซึ่งสามารถนำไปใช้เฝ้าระวังการเกิดเชื้อไวรัสไข้หวัดนกตัวใหม่ และนำมาใช้เป็นข้อมูลในการกำหนดแนวทางการควบคุม และป้องกันโรคไข้หวัดนกได้

ข้อเสนอแนะ

1. ด้านความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมและการเปลี่ยนแปลงของเชื้อไวรัส

เนื่องจากเชื้อไวรัสไข้หวัดนกเป็นเชื้อไวรัสที่มีการเปลี่ยนแปลงได้รวดเร็ว ส่งผลให้เชื้อสามารถเกิดสายพันธุ์ใหม่และอาจก่อให้เกิดความรุนแรงขึ้นได้ ดังเช่นเหตุการณ์ที่เกิดการระบาดของเชื้อไวรัสไข้หวัดนก H5N1 ในปี 1997 ที่ประเทศฮ่องกง ที่เชื้อไวรัสสามารถติดจากสัตว์ปีกมาสู่คนได้โดยตรง ทำให้ผู้ติดเชื้อไม่สามารถสร้างภูมิคุ้มกันในการป้องกันเชื้อนี้ได้ ดังนั้นการเฝ้าระวังการเปลี่ยนแปลงของเชื้อไวรัสไข้หวัดนกจึงเป็นสิ่งที่มีความสำคัญ โดยการเฝ้าระวังนั้นควรทำทั้งในด้านการหาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมและสังเกตการเปลี่ยนแปลงของยีนต่างๆ ซึ่งข้อมูลเหล่านี้จะสามารถบอกได้ว่าการระบาดที่เกิดขึ้นนั้นมาจากเชื้อไวรัสที่อยู่ในกลุ่มใด ซึ่งอาจจะยังคงเป็นเชื้อไวรัสในกลุ่มเดิม หรือเป็นเชื้อไวรัสสายพันธุ์ใหม่

การศึกษาครั้งนี้ได้ทำการหาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมเฉพาะยีน H5 และ N1 ดังนั้นการศึกษาต่อไปอาจจะทำการหาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของยีนทั้งหมดให้ครบทั้ง 8 ยีนร่วมด้วย เพื่อให้สามารถทราบถึงลักษณะความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมเชื้อไวรัสไข้หวัดนกได้ชัดเจนมากขึ้น

2. ด้านการเฝ้าระวังการกลายพันธุ์

ในด้านการเฝ้าระวังการกลายพันธุ์ของเชื้อไวรัสไข้หวัดนกนั้น นอกจากจะเก็บตัวอย่างในสัตว์ปีกแล้วนั้น สิ่งที่อาจจะทำต่อไปคือทำการเก็บรวบรวมตัวอย่างให้หลากหลาย เช่น การเก็บตัวอย่างในสัตว์หลากหลายชนิด เช่น สัตว์ปีกป่า สัตว์ป่า สุนัข และแมว และเก็บตัวอย่างจากหลากหลายพื้นที่ในประเทศไทย ทั้งนี้การเฝ้าระวังการกลายพันธุ์ของเชื้อไวรัสจะต้องทำการเก็บตัวอย่างอย่างต่อเนื่อง ทั้งในช่วงที่มีการระบาดและไม่มีการระบาด เพื่อเป็นการติดตามการเปลี่ยนแปลงและการกลายพันธุ์ของเชื้อไวรัสไข้หวัดนกที่อาจเกิดขึ้นได้ และข้อมูลที่ได้จะทำให้ทราบคุณสมบัติหรือลักษณะของเชื้อไวรัสไข้หวัดนก ซึ่งใช้เป็นข้อมูลประกอบการตัดสินใจในการวางนโยบายการควบคุมและป้องกันโรคได้ในอนาคต