

ระบาดวิทยาของเชื้อไวรัส SARS-CoV-2 สายพันธุ์เบต้า (B.1.351) และปัจจัยเสี่ยงต่อการเกิดอาการรุนแรงในภาคใต้ตอนล่างของประเทศไทย ช่วงเมษายน-กันยายน 2564

สวรรยา จันทูตานนท์¹ และ ชุพงศ์ แสงสว่าง²

¹สำนักงานป้องกันควบคุมโรคที่ 12 สงขลา สงขลา 90000

²ศูนย์ฝึกอบรมนักระบาดวิทยาภาคสนาม (FETC) สำนักงานป้องกันควบคุมโรคที่ 12 สงขลา สงขลา 90000

บทคัดย่อ การวิจัยนี้เป็นการศึกษาทางระบาดวิทยาของโรคโควิด 19 สายพันธุ์เบต้าที่ระบาดใน 7 จังหวัดภาคใต้ตอนล่างของประเทศไทย เป็นการศึกษาแบบภาคตัดขวางในผู้ป่วยยืนยันสายพันธุ์เบต้า โดยทบทวนข้อมูลเฝ้าระวังและรายงานสอบสวนโรค ของสำนักงานป้องกันควบคุมโรคที่ 12 สงขลา ระหว่างวันที่ 1 เมษายน-30 กันยายน 2564 พบว่าผู้ป่วยยืนยันสายพันธุ์เบต้า 551 ราย (ร้อยละ 18.93) จากผู้ป่วยยืนยันที่ทราบสายพันธุ์ 2,911 ราย จังหวัดที่พบสัดส่วนสายพันธุ์เบต้าสูงสุด ได้แก่ นราธิวาส สตูล และปัตตานี (ร้อยละ 50.78, 34.13 และ 13.66 ตามลำดับ) เพศชาย 294 ราย หญิง 217 ราย อายุระหว่าง 1-100 ปี (มัธยฐาน 34 ปี) เชื้อชาติไทยร้อยละ 99.27 นับถือศาสนาอิสลามร้อยละ 96 พบผู้ป่วยยืนยันกลุ่มแรกในเดือนพฤษภาคม ระบาดสูงสุดในเดือนกรกฎาคม ปัจจัยเสี่ยงสำคัญ คือ กิจกรรมรวมกลุ่มทางศาสนาอิสลาม และศึกษาเชิงวิเคราะห์แบบ retrospective cohort study ค้นหาปัจจัยเสี่ยงต่อการเกิดอาการรุนแรงของโรคหรือเสียชีวิต ทบทวนเวชระเบียนผู้ป่วยยืนยันสายพันธุ์เบต้าที่เข้ารับการรักษาในโรงพยาบาลของรัฐ จังหวัดนราธิวาสและสตูล ระหว่างวันที่ 1 เมษายน-30 กันยายน 2564 ผู้ป่วยทั้งหมด 286 ราย มีอาการรุนแรงหรือเสียชีวิต 14 ราย ปัจจัยที่สัมพันธ์กับอาการรุนแรงหรือเสียชีวิต ได้แก่ ผู้ที่อายุ ≥ 60 ปี (adjusted OR = 11.26, 95% CI: 2.42-52.59) ผู้ที่มีโรคประจำตัวเรื้อรัง (adjusted OR = 23.80, 95% CI: 1.23-458.61) และเพศชาย (adjusted OR = 7.36, 95% CI: 1.02-52.76) การระบาดเชื้อสายพันธุ์เบต้าในภาคใต้ตอนล่างเกี่ยวข้องกับการลักลอบเข้าประเทศและกิจกรรมรวมกลุ่มทางศาสนาอิสลาม ควรเพิ่มมาตรการเฝ้าระวังพื้นที่ชายแดน เน้นมาตรการป้องกันควบคุมโรคในกลุ่มหลบหนีเข้าเมือง งดกิจกรรมการรวมกลุ่มทางศาสนา และความครอบคลุมการให้วัคซีนในผู้สูงอายุและผู้มีโรคเรื้อรัง

คำสำคัญ : โรคติดเชื้อไวรัสโคโรนา 2019, สายพันธุ์เบต้า, ปัจจัยเสี่ยงต่ออาการรุนแรงของโรค, ภาคใต้ตอนล่าง

Corresponding author E-mail: sawanya.sc@gmail.com

Received: 3 February 2022

Revised: 11 May 2022

Accepted: 17 May 2022

บทนำ

โรคติดเชื้อไวรัสโคโรนา 2019 (Coronavirus disease 2019 หรือ COVID-19) เกิดจากการติดเชื้อไวรัสโคโรนาใน Family Coronaviridae มีระยะฟักตัวเฉลี่ย 5-6 วัน ถึง 14 วัน สามารถแพร่กระจายเชื้อจากคนสู่คนโดยการสัมผัส กับสารคัดหลั่งจากทางเดินหายใจ หรือแพร่กระจายเชื้อของฝอยละอองน้ำมูก น้ำลายจากผู้ป่วยที่มีเชื้อโดยการไอหรือจาม ผู้ที่ติดเชื้อส่วนใหญ่ไม่แสดงอาการร้อยละ 45 และหากมีอาการมักจะแสดงอาการเล็กน้อยเท่านั้น เช่น ไข้ ไอ น้ำมูก สูญเสียการได้กลิ่น การรับรส เป็นต้น เพียงร้อยละ 10 ที่มีอาการรุนแรงตั้งแต่เกิดภาวะปอดอักเสบ (pneumonia) จนทำให้เสียชีวิตได้ โดยกลุ่มเสี่ยงที่พบจะมีภาวะปอดอักเสบรุนแรงจนเสียชีวิตได้แก่ กลุ่มผู้สูงอายุ ผู้มีโรคประจำตัว เช่น โรคเบาหวาน ความดันโลหิตสูง โรคระบบทางเดินหายใจเรื้อรัง และผู้ที่มีภูมิคุ้มกันบกพร่อง⁽¹⁾ ปัจจุบันมีหลายวิธีในการตรวจหาเชื้อ SARS-CoV-2 เพื่อวินิจฉัยโรคติดเชื้อไวรัสโคโรนา 2019 แต่วิธีมาตรฐานที่ยอมรับที่สุดในปัจจุบันโดยศูนย์ควบคุมและป้องกันโรคแห่งสหรัฐอเมริกา (US CDC) และองค์การอนามัยโลก คือ Reverse Transcription-Polymerase Chain Reaction (RT-PCR)⁽²⁾ พบผู้ป่วยรายแรกด้วยโรคปอดอักเสบไม่ทราบสาเหตุ จากเมืองอู่ฮั่น (Wuhan) มณฑลหูเป่ย์ (Hubei) สาธารณรัฐประชาชนจีน เมื่อปลายเดือนธันวาคม 2562 ต่อมาในเดือนมกราคม 2563 ศูนย์ควบคุมและป้องกันโรคแห่งสาธารณรัฐประชาชนจีน (Chinese Center for Disease Control and Prevention; China CDC) ได้ประกาศอย่างเป็นทางการถึงสาเหตุของโรคปอดอักเสบดังกล่าวเกิดจากเชื้อไวรัสโคโรนาชนิดใหม่ หลังจากนั้น The International Committee on Taxonomy of Viruses (ICTV) ประกาศชื่อใหม่ของไวรัสเป็นไวรัสซาร์ส-โควี-2 (Severe Acute Respiratory Syndrome-Coronavirus-2; SARS-CoV-2) และในเดือนถัดมาจึงตั้งชื่อโรคที่เกิดจากการติดเชื้อไวรัสดังกล่าว เป็นโรคติดเชื้อไวรัสโคโรนา 2019 หรือโรคโควิด 19 (Coronavirus disease 2019; COVID-19)⁽³⁾ การระบาดของโรคโควิด 19 ได้กระจาย

เป็นวงกว้างอย่างรวดเร็ว จากเริ่มแรกมีการระบาดในสาธารณรัฐประชาชนจีนเพียงประเทศเดียว ต่อมาได้กระจายไปยังประเทศและภูมิภาคอื่นๆ ทั่วโลก โดยในวันที่ 11 มีนาคม 2563 องค์การอนามัยโลก จึงได้ประกาศให้โรคโควิด 19 เป็นโรคระบาดใหญ่ทั่วโลก (pandemic)⁽⁴⁾ ประเทศไทยเริ่มพบผู้ป่วยโรคโควิด 19 รายแรกเป็นนักท่องเที่ยวหญิงชาวจีน อายุ 61 ปี เข้ามาในประเทศไทย เมื่อเดือนมกราคม 2563⁽⁵⁾ นับแต่นั้นมาจึงเริ่มมีการระบาดภายในประเทศ

องค์การอนามัยโลก ร่วมมือกับพันธมิตรนานาชาติ เครือข่ายผู้เชี่ยวชาญ และนักวิจัยของหน่วยงานต่างๆ ทั่วโลก ติดตามและประเมินวิวัฒนาการของเชื้อไวรัส SARS-CoV-2 ตั้งแต่เดือนมกราคม 2563 ถึงช่วงปลายปี 2563 เกิดโควิดหลากหลายสายพันธุ์ ซึ่งองค์การอนามัยโลกได้ตั้งชื่อและกำหนดสายพันธุ์ต่างๆ เป็น 2 กลุ่มคือ สายพันธุ์ที่น่าวิตก (Variants of Concern: VOC) และสายพันธุ์ที่ต้องเฝ้าระวัง (Variants of Interest: VOI) สายพันธุ์กลุ่ม VOC จะก่อให้เกิดการแพร่ระบาดในวงกว้างได้อย่างรวดเร็วและรุนแรง ลดภูมิคุ้มกันและประสิทธิภาพวัคซีน ได้แก่ 1) สายพันธุ์ Alpha (B.1.1.7) พบครั้งแรกในประเทศอังกฤษ 2) สายพันธุ์ Beta (B.1.351) พบครั้งแรกในประเทศแอฟริกาใต้ ทั้งสองสายพันธุ์เริ่มมีการแพร่ระบาดเมื่อเดือนกันยายน 2563 3) สายพันธุ์ Delta (B.1.617.2) เป็นการกลายพันธุ์ของสายพันธุ์อินเดีย (B.1.617.1) ต่อมาแพร่ระบาดอย่างรวดเร็วไปหลายประเทศ ได้แก่ อเมริกา อังกฤษ ตุรกี ในเดือนมีนาคม 2564 และขยายไปทั่วโลก 4) สายพันธุ์ Gamma (P.1) พบครั้งแรกในประเทศบราซิล⁽⁶⁻⁹⁾ สำหรับประเทศไทยพบผู้ติดเชื้อโรคโควิด 19 สายพันธุ์กลุ่ม VOC ได้แก่ สายพันธุ์อัลฟา (Alpha) เริ่มระบาดในช่วงเดือนเมษายน 2564 สายพันธุ์เบต้า (Beta) พบรายแรกเป็นผู้เดินทางมาจากประเทศแทนซาเนีย และสายพันธุ์เดลต้า (Delta) เริ่มพบการระบาดในเดือนพฤษภาคม 2564

ระหว่างเดือนเมษายน-กันยายน 2564 พบการระบาดของสายพันธุ์เบต้าในประเทศไทยใน 4 จังหวัดภาคใต้ตอนล่าง ได้แก่ นราธิวาส สตูล ยะลา และปัตตานี จากข้อมูลการเฝ้าระวังการกลายพันธุ์ของเชื้อโรคโควิด 19 ในพื้นที่เขตสุขภาพที่ 12 พบว่าเริ่มมีการ

ระบาดของสายพันธุ์เบต้า ในคลัสเตอร์ตำบลเกาะสะท้อน อำเภอดงบัง จังหวัดนครราชสีมา พบผู้ติดเชื้อรายแรกมีประวัติเดินทางมาจากประเทศมาเลเซีย ในช่วง 14 วันก่อนมีอาการ โดยการลักลอบเข้าออกผ่านช่องทางธรรมชาติจึงไม่ได้รับการกักกันและคัดกรองตามแนวทางปกติ ต่อมาเริ่มแพร่ระบาดไปยังจังหวัดใกล้เคียง ซึ่งส่วนใหญ่มีความเชื่อมโยงกับคลัสเตอร์อำเภอดงบัง แต่ไม่พบการแพร่ระบาดในภูมิภาคอื่นๆ ในประเทศ จึงมีความสนใจในการศึกษาระบาดวิทยาโรคติดเชื้อไวรัสโคโรนา 2019 สายพันธุ์เบต้าที่ระบาดในภาคใต้ตอนล่าง โดยมีวัตถุประสงค์เพื่ออธิบายลักษณะการระบาดของโรคติดเชื้อไวรัสโคโรนา 2019 สายพันธุ์เบต้าในพื้นที่ภาคใต้ตอนล่าง ความรุนแรงของโรคและค้นหาปัจจัยเสี่ยงต่อการเกิดโรครุนแรงหรือเสียชีวิต

วัสดุและวิธีการ

การศึกษาระบาดวิทยาของไวรัสโคโรนา 2019 สายพันธุ์เบต้า ใน 7 จังหวัด ภาคใต้ตอนล่าง (สงขลา สตูล พัทลุง ตรัง ปัตตานี ยะลา และนราธิวาส)

ดำเนินการศึกษาแบบภาคตัดขวาง (cross-sectional study) โดยรวบรวมข้อมูลทุติยภูมิจากฐานข้อมูลเฝ้าระวังสายพันธุ์โรคติดเชื้อไวรัสโคโรนา 2019 ของสำนักงานป้องกันควบคุมโรคที่ 12 สงขลา ทบทวนรายงานสอบสวนโรคตามแบบฟอร์ม Novelcorona 2 กรมควบคุมโรค รายงานสอบสวนการระบาดของผู้ติดเชื้อไวรัสโคโรนา 2019 สายพันธุ์เบต้า และข้อมูลรายงานผลการตรวจสายพันธุ์ของเชื้อ SARS-CoV-2 ด้วยวิธี MassARRAY จากศูนย์จีโนมทางการแพทย์ คณะแพทยศาสตร์ โรงพยาบาลรามาธิบดี และผลวิเคราะห์รหัสพันธุกรรมแบบ whole genome sequencing จากกรมวิทยาศาสตร์การแพทย์ กระทรวงสาธารณสุข

ประชากรศึกษา ได้แก่ ผู้ติดเชื้อไวรัสโคโรนา 2019 ที่พบสารพันธุกรรมของเชื้อ SARS-CoV-2 ด้วยวิธี RT-PCR และยืนยันพบสายพันธุ์ของเชื้อด้วยวิธี MassARRAY และ whole genome sequencing ที่เข้ารับการรักษาในหน่วยบริการในพื้นที่ 7 จังหวัดภาคใต้ตอนล่าง ได้แก่ สงขลา ปัตตานี ยะลา นราธิวาส สตูล พัทลุง และตรัง และรายงานเข้าฐานข้อมูลเฝ้าระวัง

สายพันธุ์โรคติดเชื้อไวรัสโคโรนา 2019 สำนักงานป้องกันควบคุมโรคที่ 12 สงขลา ระหว่างวันที่ 1 เมษายน-30 กันยายน 2564 โดยมีนิยามผู้ติดเชื้อไวรัสโคโรนา 2019 สายพันธุ์อัลฟา เบต้า และเดลต้า หมายถึง ประชากรศึกษาที่ยืนยันพบเชื้อ SARS-CoV-2 สายพันธุ์อัลฟา (B.1.1.7) สายพันธุ์เบต้า (B.1.351) และสายพันธุ์เดลต้า (B.1.617.2) การรวบรวมและวิเคราะห์ข้อมูล ตัวแปรที่เก็บรวบรวม ได้แก่ เพศ อายุ สัญชาติ จังหวัดที่รักษา วันที่เก็บตัวอย่าง วันที่รายงานผล ผลการรักษา วิเคราะห์ข้อมูลการกระจายของโรคตามบุคคล เวลา สถานที่ โดยใช้โปรแกรม excel นำเสนอผลในรูปแบบร้อยละ ค่ามัธยฐาน และค่าพิสัย

การวิเคราะห์ปัจจัยเสี่ยงต่อการเกิดอาการรุนแรงของโรคติดเชื้อไวรัสโคโรนา 2019 สายพันธุ์เบต้า

ดำเนินการศึกษาแบบ retrospective cohort study ในผู้ติดเชื้อ SARS-CoV-2 สายพันธุ์เบต้า ที่เข้ารับการรักษาในโรงพยาบาลของรัฐจังหวัดนราธิวาสและจังหวัดสตูล ระหว่างวันที่ 1 เมษายน-30 กันยายน 2564 กำหนดพื้นที่ศึกษา ได้แก่ โรงพยาบาลทั่วไป 2 แห่ง และโรงพยาบาลชุมชน 6 แห่ง มีจำนวนผู้ติดเชื้อรวม 375 ราย รวบรวมข้อมูลโดยทบทวนเวชระเบียนผู้ป่วย ทบทวนรายงานสอบสวนผู้ป่วยตามแบบฟอร์ม Novelcorona 2 กรมควบคุมโรค และข้อมูลรายงานผลการตรวจสายพันธุ์ของเชื้อ SARS-CoV-2 ด้วยวิธี gene sequencing จากศูนย์จีโนมทางการแพทย์ คณะแพทยศาสตร์ โรงพยาบาลรามาธิบดี และกรมวิทยาศาสตร์การแพทย์ เก็บข้อมูลสำคัญ ได้แก่ ข้อมูลลักษณะบุคคล ประวัติโรคประจำตัว ประวัติการรับวัคซีนโควิด 19 ข้อมูลทางคลินิกแรกรับ และหลังเข้ารับการรักษา อัตราการหายใจ การตรวจวัดค่า oxygen saturation (O_2 sat) ผลตรวจ chest x-ray ภาวะแทรกซ้อนและการรักษา ปัจจัยที่นำมาศึกษาเชิงวิเคราะห์ ได้แก่ เพศ อายุ โรคประจำตัวเรื้อรัง ดัชนีมวลกาย (Body mass index: BMI) การตั้งครรภ์ การรับวัคซีนโควิด 19 ผลลัพธ์ที่สนใจ คือ ความรุนแรงของโรค โดยกำหนดนิยามโรคติดเชื้อไวรัสโคโรนาที่มีอาการไม่รุนแรง

ได้แก่ 1) ผู้ติดเชื้อไม่แสดงอาการ (asymptomatic infection) คือ ผู้ติดเชื้อยืนยันที่ไม่มีอาการ และผลตรวจเอกซเรย์ปอด (CXR) ปกติ 2) ผู้ติดเชื้ออาการเล็กน้อย (mild illness) คือ ผู้ติดเชื้อยืนยันที่มีอาการข้อใดข้อหนึ่ง ได้แก่ ไข้ ไอ เจ็บคอ น้ำมูก ล้นไม่รับรส จมูกไม่ได้กลิ่น มีผื่น หรือถ่ายเหลว ร่วมกับไม่มีอาการหอบเหนื่อย และไม่มีปอดอักเสบจากผลตรวจเอกซเรย์ปอด และ 3) ผู้ติดเชื้ออาการปานกลาง (moderate illness) ได้แก่ ปอดอักเสบ และค่า room air O_2 sat > 93% นิยามโรคติดเชื้อไวรัสโคโรนาที่มีอาการรุนแรง (severe or critical illness) คือ ผู้ติดเชื้อที่มีอาการข้อใดข้อหนึ่ง ได้แก่ อัตราหายใจ > 30 ครั้ง/นาที, ค่า room air O_2 sat $\leq$ 93% พบรอยโรคในปอด > 50% ภาวะหายใจล้มเหลว อวัยวะล้มเหลว หรือเสียชีวิต การวิเคราะห์หาขนาดความสัมพันธ์ระหว่างการสัมผัสปัจจัยและการเกิดโรครุนแรง โดยเปรียบเทียบสัดส่วนการเกิดโรครุนแรงในผู้สัมผัสและไม่สัมผัสปัจจัยใช้สถิติ chi-square โดยนำตัวแปรที่มีค่า p -value < 0.20 จาก univariate analysis มาวิเคราะห์ด้วยวิธี multiple logistic regression คำนวณค่า adjusted odd ratio (OR) ที่ค่าความเชื่อมั่นร้อยละ 95

ผล

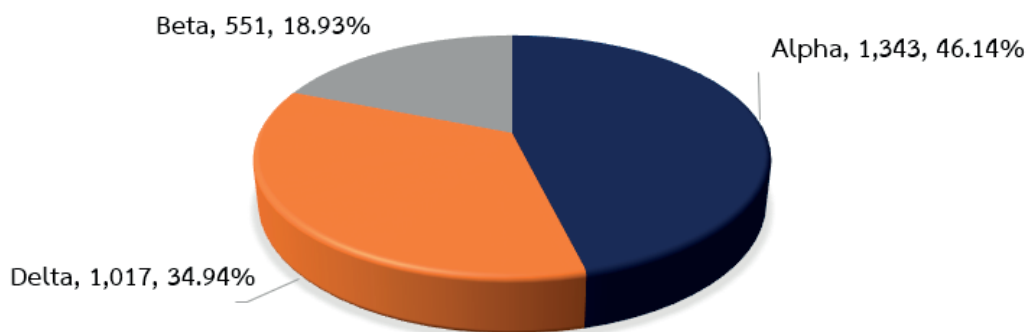
การระบาดของโรคติดเชื้อไวรัสโคโรนา 2019 สายพันธุ์เบต้า ใน 7 จังหวัด ภาคใต้ตอนล่าง ระหว่าง 1 เมษายน - 30 กันยายน 2564

ขนาดปัญหาและการกระจายของโรคตามเวลา วันที่ 1 เมษายน-30 กันยายน 2564 มีผู้ติดเชื้อทั้งหมด 114,204 ราย ส่งตรวจยืนยันสายพันธุ์ได้ทั้งหมด 2,911 ราย (ร้อยละ 2.55) เป็นเชื้อไวรัสโคโรนา 2019 สายพันธุ์อัลฟา 1,343 ราย เดลต้า 1,017 ราย และเบต้า 551 ราย คิดเป็นร้อยละ 46.14, 34.94 และ 18.93 ตามลำดับ ดังแสดงในภาพที่ 1 รายงานผู้ติดเชื้อสายพันธุ์อัลฟา เป็นกลุ่มแรกที่อำเภอดำรงวิทยะ จังหวัดสงขลา ส่วนใหญ่มีประวัติเดินทางมาจากกรุงเทพฯ สำหรับผู้ติดเชื้อสายพันธุ์เบต้าพบรายแรกในเดือนพฤษภาคม 2564 สัดส่วนการพบเชื้อสายพันธุ์เบต้าสูงสุดช่วงเดือนมิถุนายน-กรกฎาคม 2564 และมีแนวโน้มลดลงในเดือน

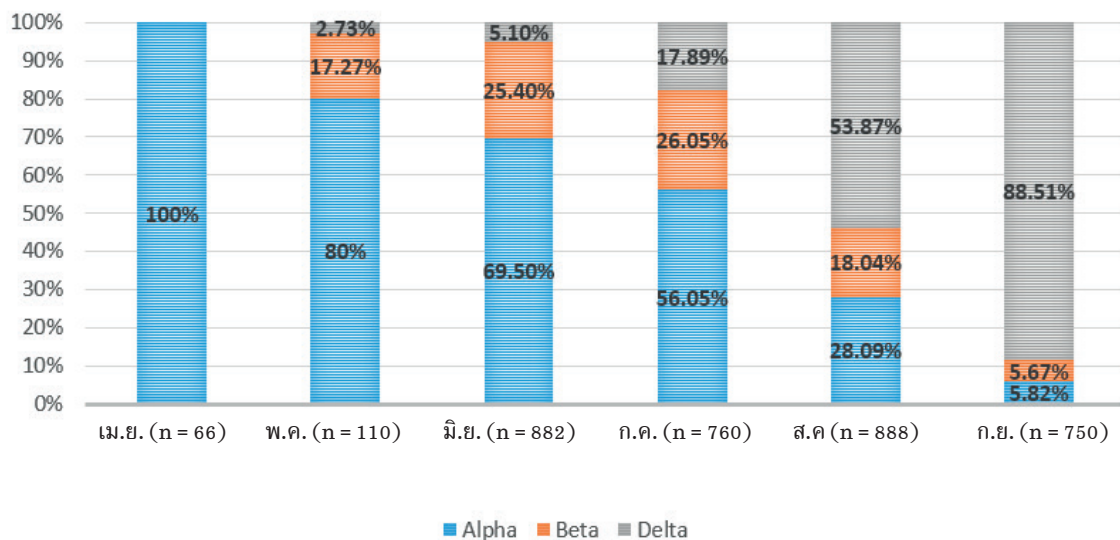
กันยายน 2564 พร้อมๆ กับการเพิ่มสูงขึ้นของการระบาด ของเชื้อไวรัสโคโรนา 2019 สายพันธุ์เดลต้า ดังแสดง ในภาพที่ 2 มีรายงานผู้ติดเชื้อไวรัสโคโรนา 2019 สายพันธุ์ เบต้ากระจายไปในพื้นที่ 7 จังหวัดภาคใต้ตอนล่าง จังหวัดที่พบสัดส่วนการติดเชื้อไวรัสโคโรนา 2019 สายพันธุ์เบต้าจากทุกสายพันธุ์ในแต่ละจังหวัดสูงสุด 3 ลำดับแรกได้แก่ นราธิวาสสตูลและปัตตานีคิดเป็นร้อยละ 50.78, 34.13 และ 13.66 ตามลำดับ ดังแสดงในภาพที่ 3 ผู้ติดเชื้อยืนยันสายพันธุ์เบต้า 551 ราย เป็นเพศชาย 294 ราย เพศหญิง 217 ราย อายุระหว่าง 1-100 ปี (มัธยฐานอายุ 34 ปี) เชื้อชาติไทย ร้อยละ 99.27 (547 ราย) และนับถือศาสนาอิสลาม ร้อยละ 96 จากการวิเคราะห์ข้อมูลรายงานการสอบสวนโรคของ ทีมสอบสวนโรค สำนักงานป้องกันควบคุมโรคที่ 12 จังหวัดสงขลา พบว่ามีการระบาดของผู้ติดเชื้อ ไวรัสโคโรนา 2019 สายพันธุ์เบต้าที่เป็นคลัสเตอร์ ขนาดใหญ่ 2 เหตุการณ์ ได้แก่ 1) การระบาดกลุ่มก้อนแรก ที่อำเภอดำรงวิทยะ จังหวัดนราธิวาส เริ่มมีรายงานตั้งแต่วันที่ 26 เมษายน-23 พฤษภาคม 2564 มีรายงานผู้ติดเชื้อ จำนวน 364 ราย ส่งตรวจยืนยันสายพันธุ์พบเป็น สายพันธุ์เบต้าจำนวน 85 ราย อัตราส่วนเพศชายต่อ หญิงเท่ากับ 1:1 (43/42) อายุระหว่าง 10 เดือน-86 ปี (มัธยฐาน 29 ปี) ผลการสอบสวนพบว่าผู้ป่วยรายแรก เป็นเพศชายอายุ 32 ปี ทำธุรกิจส่วนตัว เริ่มมีไข้ ปวดกล้ามเนื้อวันที่ 26 เมษายน 2564 เข้ารับการรักษา ที่โรงพยาบาลชุมชนแห่งหนึ่งวันที่ 30 เมษายน 2564 และไปตรวจยืนยันพบเชื้อที่โรงพยาบาลเอกชนวันที่ 4 พฤษภาคม 2564 ระยะ 14 วัน ก่อนป่วยมีประวัติเดินทาง ข้ามชายแดนไทย-มาเลเซีย ผ่านช่องทางธรรมชาติ การค้นหาผู้ป่วยเพิ่มเติมด้วยวิธี contact tracing พบอัตราการติดเชื้อในผู้สัมผัสเสี่ยงสูงร้อยละ 11.8 (81/683) และอัตราการติดเชื้อในผู้สัมผัสเสี่ยงต่ำ ร้อยละ 1.9 (3/160) กิจกรรมเสี่ยงสำคัญ ได้แก่ การสัมผัส ในครอบครัว การเยี่ยมผู้ป่วย และกิจกรรมการรวมกลุ่ม วันงานพิธีทางศาสนา (เทศกาลฮารีรายอ) เมื่อวันที่ 13 พฤษภาคม 2564 2) เหตุการณ์การระบาดเป็นกลุ่มก้อน ในโรงเรียนสอนศาสนาแห่งหนึ่ง ซึ่งตั้งอยู่ในศูนย์มัสกัส ยะลา อำเภอมะนัง จังหวัดยะลา เกิดการแพร่กระจาย กว้างขวางในพื้นที่จังหวัดภาคใต้ตอนล่าง พบรายงาน

ผู้ป่วยยืนยันโรคติดเชื้อไวรัสโคโรนา 2019 เมื่อวันที่ 9 มิถุนายน 2564 ในกลุ่มนักเรียนประจำชายล้วนประมาณ 500 คน จาก 17 จังหวัดทั่วประเทศ ส่วนใหญ่มีภูมิลำเนาอยู่ในจังหวัดภาคใต้ตอนล่าง การระบาดพบในกลุ่มนักเรียนประจำที่มาทำกิจกรรมในโรงเรียนเพื่อรื้อเปิดภาคเรียน จังหวัดยะลาได้มีการเลื่อนเปิดภาคเรียนทำให้นักเรียนเดินทางกลับภูมิลำเนา และมีรายงานนักเรียนที่กลับไปตรวจพบเชื้อที่จังหวัดภูมิลำเนา ได้แก่ นราธิวาส ปัตตานี สงขลา สตูล กระบี่ พัทลุง นครศรีธรรมราช สุราษฎร์ธานี พังงา ตรัง และภูเก็ต รวมทั้งมีกลุ่มก้อน

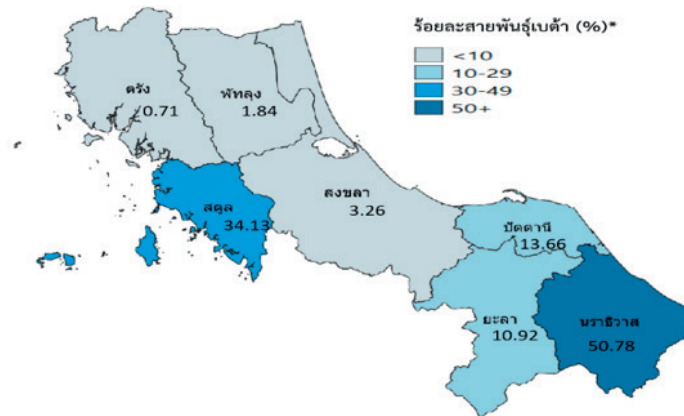
การระบาดตามมาในหลายจังหวัด ผลตรวจเชื้อหาสาเหตุพบทั้งสายพันธุ์อัลฟาและสายพันธุ์เบต้า และพบความเชื่อมโยงกับแหล่งระบาดแรกที่อำเภอตากใบ โดยมีนักเรียนจากอำเภอตากใบมาเข้าร่วมกิจกรรมในโรงเรียนหลังกลับจากเทศกาลฮารีรายอ ปัจจัยเสี่ยงการแพร่โรคในโรงเรียน ได้แก่ การอยู่ร่วมกันอย่างแออัด การสัมผัสใกล้ชิดระหว่างทำกิจกรรมในโรงเรียน การรับประทานอาหารร่วมกันโดยใช้มือหยิบอาหาร การพูดคุยระยะน้อยกว่า 2 เมตร โดยไม่สวมหน้ากากอนามัย เป็นต้น



ภาพที่ 1 สัดส่วนชนิดสายพันธุ์ของเชื้อไวรัสโคโรนา 2019 ภาคใต้ตอนล่าง เดือนเมษายน-กันยายน 2564 (n = 2,911)



ภาพที่ 2 สัดส่วนชนิดสายพันธุ์ของเชื้อไวรัสโคโรนา 2019 ภาคใต้ตอนล่าง เดือนเมษายน-กันยายน 2564 (n = 2,911)

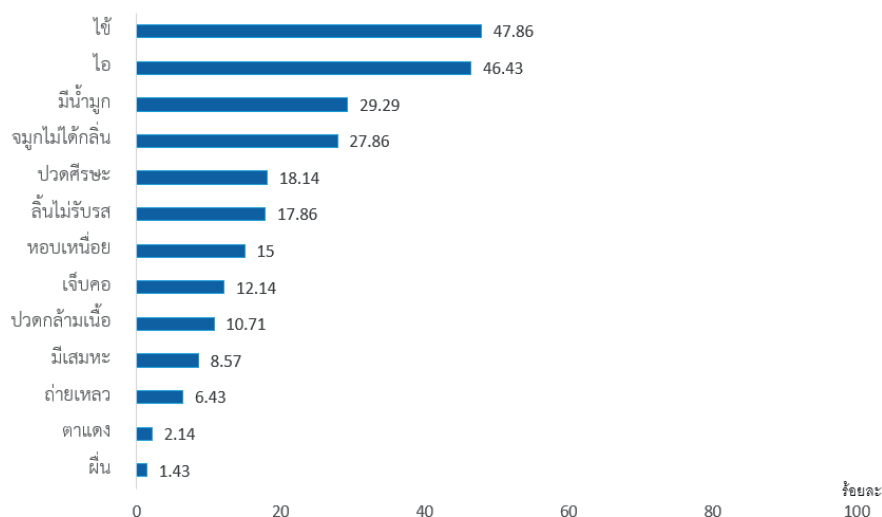


ภาพที่ 3 สัดส่วนเชื้อสายพันธุ์เบต้าจากตัวอย่างที่ยืนยันสายพันธุ์ทั้งหมดรายจังหวัดภาคใต้ตอนล่าง เดือนเมษายน-กันยายน 2564 (n = 551)

ปัจจัยเสี่ยงต่อการเกิดอาการรุนแรงของโรคติดเชื้อไวรัสโคโรนา 2019 สายพันธุ์เบต้า

จากการทบทวนเวชระเบียนผู้ติดเชื้อ SARS-CoV-2 สายพันธุ์เบต้าในพื้นที่ศึกษาจังหวัดนราธิวาส และจังหวัดสตูล จำนวน 286 ราย คิดเป็นร้อยละ 74.93 ของผู้ติดเชื้อยืนยันสายพันธุ์เบต้าทั้งหมด (286/375) เป็นผู้ติดเชื้ออาการไม่รุนแรง 272 ราย จำแนกเป็นผู้ติดเชื้อไม่มีอาการร้อยละ 51.05 (146/286) อาการเล็กน้อยร้อยละ 39.30 (113/286) และอาการปานกลางร้อยละ 6.29 (18/286) เป็นผู้ติดเชื้ออาการรุนแรงหรือวิกฤตร้อยละ 4.90 (14/286) ในจำนวนนี้เสียชีวิต 6 ราย คิดเป็นอัตราป่วยเสียชีวิตร้อยละ 2.10 (6/286) ร้อยละอาการที่พบมากที่สุด ได้แก่ ไข้ ไอ มีน้ำมูก

จมูกไม่ได้กลิ่น และปวดศีรษะ ดังแสดงในภาพที่ 4 ผู้ติดเชื้ออาการรุนแรงส่วนใหญ่ไม่ได้รับวัคซีน (ร้อยละ 92.86) เป็นเพศชาย (ร้อยละ 71.43) อายุ 60 ปีขึ้นไป (ร้อยละ 64.29) โรคประจำตัวที่พบสัดส่วนสูงสุด คือ โรคเบาหวานและความดันโลหิตสูง (ร้อยละ 28.57) ระยะเวลาตั้งแต่เริ่มป่วยจนได้รับยา favipiravir 0-8 วัน (มัธยฐาน 3 วัน) ดังแสดงในตารางที่ 1 ผลการวิเคราะห์แบบ multivariate analysis พบว่าปัจจัยที่เพิ่มความเสี่ยงต่อการเกิดโรครุนแรง ได้แก่ ผู้ที่มีอายุมากกว่าหรือเท่ากับ 60 ปี (adjusted OR = 11.26, 95%CI 2.42-52.59) มีประวัติเป็นโรคปอดเรื้อรัง (adjusted OR = 23.80, 95%CI 1.23-458.61) และเพศชาย (adjusted OR = 7.36, 95%CI 1.02-52.76) ดังแสดงในตารางที่ 2



ภาพที่ 4 ร้อยละผู้ป่วยโรคติดเชื้อไวรัสโคโรนา 2019 สายพันธุ์เบต้าจำแนกตามอาการ จังหวัดนราธิวาสและสตูล เดือนเมษายน-สิงหาคม 2564 (n = 140)

ตารางที่ 1 ลักษณะทางระบาดวิทยาของผู้ติดเชื้อไวรัสโคโรนา 2019 สายพันธุ์เบต้า จังหวัดนราธิวาสและสตูล
เดือนเมษายน-กันยายน 2564 (n = 286)

ปัจจัย		จำนวนทั้งหมด (n = 286)	อาการรุนแรง (n = 14)
เพศ	ชาย	146 (51.05)	10 (71.43)
	หญิง	140 (48.95)	4 (28.57)
อายุ	< 15 ปี	61 (21.33)	0 (0.00)
	15-59 ปี	199 (69.58)	5 (35.71)
	≥ 60 ปี	26 (9.09)	9 (64.29)
โรคเรื้อรัง	เบาหวาน	11 (3.85)	4 (28.57)
	โรคหัวใจ	6 (2.10)	1 (7.14)
	ไตวายเรื้อรัง	3 (1.05)	2 (14.29)
	โรคปอดเรื้อรัง	4 (1.40)	2 (14.29)
	หลอดเลือดสมอง	3 (1.05)	2 (14.29)
	ความดันโลหิตสูง	22 (7.69)	4 (28.57)
BMI	≥ 30	212 (74.13)	8 (57.14)
	< 30	22 (7.69)	1 (7.14)
	ไม่ทราบ	52 (18.18)	5 (35.72)
ตั้งครรภ์	ใช่	2 (0.70)	0 (0.00)
	ไม่ใช่	284 (99.30)	14 (100.00)
วัคซีนโควิด 19	ไม่ได้รับ	280 (97.90)	13 (92.86)
	1 เข็ม/2 เข็มไม่ถึง 14 วัน	4 (1.40)	1 (7.14)
	2 เข็มเกิน 14 วัน	2 (0.70)	0 (0.00)
Favipiravir	ได้รับ	3 (11.19)	8 (57.14)
	ไม่ได้รับ	254 (88.81)	6 (42.86)
Dexamethaxone	ได้รับ	13 (4.92)	8 (57.14)
	ไม่ได้รับ	251 (95.08)	6 (42.86)
วันพบเชื้อถึงรับยา Favipiravir (มัธยฐาน/พิสัย)		3 วัน (0-10 วัน)	3 วัน (0-8 วัน)
วันพบเชื้อถึงรับยา Dexamethaxone (มัธยฐาน/พิสัย)		2 วัน (0-9 วัน)	3 วัน (0-8 วัน)

ตารางที่ 2 ปัจจัยเสี่ยงต่อการเกิดอาการรุนแรงของโรคติดเชื้อไวรัสโคโรนา 2019 สายพันธุ์เบต้า จังหวัดนราธิวาส และสตูล เดือนเมษายน-กันยายน 2564 (n = 286)

ปัจจัย	อาการรุนแรง	อาการไม่รุนแรง	Crude RR (95%CI)	Adjusted OR (95%CI) [†]
เพศ				
หญิง	4	136	1	1
ชาย	10	136	2.40 (0.77-7.47)	7.36 (1.02-52.76)*
อายุ				
< 60 ปี	5	255	1	1
≥ 60 ปี	9	17	18.00 (6.51-49.73)*	11.26 (2.42-52.59)*
โรคเบาหวาน				
ไม่มี	10	265	1	1
มี	4	7	10.00 (3.71-26.93)*	6.12 (0.48-78.43)
ความดันโลหิตสูง				
ไม่มี	10	254	1	1
มี	4	18	4.8 (1.64-14.06)*	1.16 (0.15-8.99)
โรคหัวใจ				
ไม่มี	13	267	1	1
มี	1	5	3.59 (0.55-23.20)	0.39 (0.01-16.20)
โรคปอดเรื้อรัง				
ไม่มี	12	270	1	1
มี	2	2	11.75 (3.81-36.21)*	23.80 (1.23-458.61)*
โรคหลอดเลือดสมอง				
ไม่มี	12	271	1	1
มี	2	1	15.72 (5.94-41.60)*	21.95 (0.93-518.7)
BMI ≥ 30				
ไม่มี	8	204	1	-
มี	1	21	1.20 (0.16-9.19)	
วัคซีน ≥ 1 เข็ม				
ไม่ได้รับ	13	267	1	-
ได้รับ	1	5	3.59 (0.56-23.20)	

หมายเหตุ * หมายถึง มีนัยสำคัญทางสถิติที่ $p\text{-value} < 0.05$, [†]วิเคราะห์ multivariate analysis เฉพาะตัวแปรที่ $p\text{-value} < 0.2$ จาก univariate analysis

วิจารณ์

การระบาดของเชื้อไวรัสโคโรนา 2019 สายพันธุ์เบต้าพบในทั้ง 7 จังหวัดภาคใต้ตอนล่าง ได้แก่ นราธิวาส สตูล ปัตตานี ยะลา สงขลา พัทลุง และตรัง โดยการระบาดเริ่มต้นปลายเดือนเมษายน 2564 ตรวจพบครั้งแรกเดือนพฤษภาคม 2564 พบการระบาดสูงสุดในเดือนมิถุนายน-กรกฎาคม 2564 หลังจากนั้นสัดส่วนการพบเชื้อแนวโน้มลดลง สัดส่วนการพบเชื้อสะสมของสายพันธุ์เบต้าในจังหวัดภาคใต้ตอนล่างน้อยกว่าสายพันธุ์อัลฟาและเดลต้า ซึ่งเป็นสายพันธุ์หลักของการระบาดระลอกเดือนเมษายน 2564 ระหว่างเดือนเมษายน-กรกฎาคม และเดือนสิงหาคม-กันยายน 2564 ตามลำดับ สอดคล้องกับข้อมูลทางวิชาการที่พบว่าความสามารถการแพร่โรคของสายพันธุ์เบต้าเพิ่มขึ้นจากสายพันธุ์ดั้งเดิมร้อยละ 50 ส่วนสายพันธุ์อัลฟาเพิ่มขึ้นร้อยละ 40-80 และเดลต้าเพิ่มขึ้นสูงสุดร้อยละ 97 โดยมีค่า reproductive number ของสายพันธุ์เดลต้าระหว่าง 3.2-8.0 (เฉลี่ย 5.08)⁽¹⁰⁻¹²⁾ จากการศึกษาครั้งนี้พบว่าผู้ติดเชื้อไวรัสโคโรนา 2019 สายพันธุ์เบต้าส่วนใหญ่อาการไม่รุนแรง มีผู้ติดเชื้อไม่แสดงอาการร้อยละ 50 และอัตราป่วยตายร้อยละ 2.1 ซึ่งสอดคล้องกับการศึกษาที่รายงานว่าเชื้อไวรัสโคโรนา 2019 สายพันธุ์เบต้า ไม่ได้เพิ่มความเสี่ยงต่อการเสียชีวิตเมื่อเทียบกับสายพันธุ์ดั้งเดิม⁽¹¹⁾

ผลการสอบสวนพบแหล่งโรคแรกของการระบาดสายพันธุ์เบต้า เกิดจากการนำเชื้อเข้าจากประเทศเพื่อนบ้าน ซึ่งพบการระบาดของสายพันธุ์ดังกล่าวในขณะนั้น โดยการลักลอบเข้าออกผ่านช่องทางธรรมชาติ จึงไม่ได้รับการกักกันและคัดกรองตามแนวทางปกติ ซึ่งเป็นหนึ่งในปัญหาสำคัญ ทำให้ประสิทธิภาพการสกัดกั้นการนำเข้าจากต่างประเทศของจังหวัดชายแดนภาคใต้ตอนล่างลดลง ผู้ป่วยรายแรกไปรับการตรวจที่สถานพยาบาลแห่งที่หนึ่ง หลังเริ่มป่วย 4 วัน ด้วยอาการเริ่มต้นมีไข้ ปวดกล้ามเนื้อแต่ไม่ได้รับการวินิจฉัย จนกระทั่งไปตรวจที่โรงพยาบาลแห่งที่สอง จึงถูกวินิจฉัยยืนยันโรคโควิด 19 จากรายงานสอบสวนโรคสมมติฐานเกิดจากการไปโรงพยาบาลครั้งแรก ผู้ป่วยยังไม่มีอาการระบบทางเดินหายใจชัดเจนและไม่ได้ให้ประวัติความเสี่ยงเรื่องการเดินทาง

หรือประวัติการสัมผัสโรค ทำให้แพทย์ผู้รักษาไม่ได้ส่งตรวจยืนยัน ดังนั้นประวัติการเดินทาง ประวัติเสี่ยงต่อการสัมผัสโรคมีความสำคัญมาก ถ้าผู้ป่วยและบุคลากรการแพทย์มีความตระหนัก สื่อสารกันได้ชัดเจนจะทำให้การวินิจฉัยเร็วขึ้นและลดการแพร่เชื้อในวงกว้าง

ปัจจัยสำคัญหนึ่งในการแพร่ระบาดของสายพันธุ์เบต้าในวงกว้างของภาคใต้ตอนล่าง คือ การสัมผัสใกล้ชิดผ่านกิจกรรมรวมกลุ่มทางศาสนา ได้แก่ การรวมกลุ่มในวันอีฎิ้ลฟิตริ และการรวมกลุ่มในโรงเรียนสอนศาสนา เช่นเดียวกับการระบาดระลอกแรกของภาคใต้ตอนล่างซึ่งพบว่าการรวมกลุ่มทางศาสนาเป็นปัจจัยเสี่ยงสำคัญ⁽¹³⁾ การสร้างความเข้าใจ ความตระหนักให้เกิดการยอมรับมาตรการเว้นระยะห่าง สวมหน้ากาก ล้างมือ หลีกเลี่ยงการรวมกลุ่มในสถานการณ์ระบาด รวมทั้งมาตรการคัดกรองตรวจหาเชื้อในกลุ่มเสี่ยงจึงมีความสำคัญมากในการป้องกันการระบาดในภาคใต้ตอนล่างในอนาคต

การศึกษานี้พบปัจจัยที่สัมพันธ์กับความเสี่ยงต่อโรครุนแรง ได้แก่ ผู้ที่มีอายุมากกว่าหรือเท่ากับ 60 ปี ผู้ที่มีประวัติโรคปอดเรื้อรังและเพศชาย ซึ่งสอดคล้องกับการศึกษาระบาดของผู้เสียชีวิตจากโรคติดเชื้อไวรัสโคโรนา 2019 จำนวน 58 รายแรกของประเทศไทยพบว่าอัตราป่วยตายเพิ่มสูงขึ้นในผู้สูงอายุและพบอัตราป่วยตายเพศชายสูงกว่าเพศหญิง⁽¹⁴⁾ จากการศึกษาในประเทศจีนพบว่าผู้สูงอายุมากกว่า 60 ปี อัตราป่วยตายร้อยละ 3.6-14.8 สูงกว่ากลุ่มอายุต่ำกว่า ซึ่งมีอัตราป่วยตายระหว่างร้อยละ 0.2-1.3⁽¹⁵⁾ และผู้ป่วยที่มีประวัติเป็นโรคปอดเรื้อรัง มีอัตราป่วยตายเท่ากับร้อยละ 6.3 สูงกว่าผู้ไม่มีโรคประจำตัวซึ่งอัตราป่วยตายเท่ากับ 0.9⁽¹⁵⁾ จากข้อมูลทางวิชาการพบว่าผู้มีโรคเรื้อรังอื่นๆ ได้แก่ โรคเบาหวาน โรคหัวใจ และหลอดเลือด โรคหลอดเลือดสมอง รวมทั้งภาวะอ้วนเพิ่มความเสี่ยงต่อการป่วยด้วยโรคติดเชื้อไวรัสโคโรนา 2019 ที่มีอาการรุนแรง⁽¹⁶⁾ แต่จากการศึกษาครั้งนี้ไม่พบความสัมพันธ์ในการวิเคราะห์แบบ multivariate analysis เนื่องจากขนาดกลุ่มตัวอย่างที่มีอาการรุนแรงน้อยไม่เพียงพอที่จะทำให้เห็นความแตกต่าง⁽¹⁷⁾

สรุป

ระหว่างวันที่ 1 เมษายน-30 กันยายน 2564 พบผู้ติดเชื้อไวรัสโคโรนา 2019 สายพันธุ์เบต้าในพื้นที่ภาคใต้ตอนล่าง จำนวน 551 ราย จากผู้ป่วยยืนยันทุกสายพันธุ์ 2,911 ราย คิดเป็นร้อยละ 18.93 อายุมีฐาน 34 ปี นับถือศาสนาอิสลามร้อยละ 96 พบสูงสุดใน 3 จังหวัด ได้แก่ นราธิวาส สตูล และปัตตานี ในกลุ่มผู้ติดเชื้อไวรัสโคโรนา 2019 สายพันธุ์เบต้าจำนวน 286 ราย มีอาการรุนแรงหรือเสียชีวิต 14 ราย ปัจจัยที่สัมพันธ์กับการเกิดโรครุนแรงหรือเสียชีวิต ได้แก่ ผู้ที่มีอายุตั้งแต่ 60 ปี และผู้ที่มีโรคประจำตัวเรื้อรัง การระบาดของเชื้อ SARS-CoV-2 สายพันธุ์เบต้าในภาคใต้ตอนล่างเกี่ยวข้องกับการลักลอบเข้าประเทศ และกิจกรรมรวมกลุ่มทางศาสนา ควรเพิ่มมาตรการเฝ้าระวังพื้นที่ชายแดน การป้องกันการป่วยรุนแรง และเสียชีวิตเน้นมาตรการป้องกันควบคุมโรคและความครอบคลุมวัคซีนในผู้สูงอายุและผู้มีโรคเรื้อรัง

กิตติกรรมประกาศ

ขอขอบคุณ สำนักงานสาธารณสุขจังหวัดนราธิวาส สำนักงานสาธารณสุขจังหวัดปัตตานี สำนักงานสาธารณสุขจังหวัดสตูล สำนักงานสาธารณสุขจังหวัดยะลา สำนักงานสาธารณสุขจังหวัดสงขลา สำนักงานสาธารณสุขจังหวัดตรัง และสำนักงานสาธารณสุขจังหวัดพัทลุง ที่ให้ความอนุเคราะห์ อำนวยความสะดวกแก่ผู้ศึกษาในการรวบรวมข้อมูลในครั้งนี้เป็นอย่างดี

เอกสารอ้างอิง

1. World Health Organization. Coronavirus disease (COVID-19). [online]. 2021; [cited 2021 Dec 24]. Available from: URL: <https://www.who.int/emergencies/diseases/novel-coronavirus-2019/question-and-answers-hub/q-a-detail/coronavirus-disease-covid-19>.
2. Tang YW, Schmitz JE, Persing DH, Stratton CW. Laboratory diagnosis of COVID-19: current issues and challenges. J Clin Microbiol 2020; 58(6): e00512-20.
3. World Health Organization. Origin of SARS-CoV-2. [online]. 2020; [cited 2021 Aug 14]; [2 screens]. Available from: URL: <https://apps.who.int/iris/bitstream/handle/10665/332197/WHO-2019-nCoV-FAQ-Virus-origin-2020.1-eng.pdf>.
4. World Health Organization. WHO-convened global study of origins of SARS-CoV-2: China part. [online]. 2021; [cited 2021 Aug 14]; [120 screens]. Available from: URL: <https://www.who.int/publications/i/item/who-convened-global-study-of-origins-of-sars-cov-2-china-part>.
5. ProMED-mail. Novel coronavirus (02): Thailand ex China (HU) WHO. Archive Number: 20200113.6886644. [online]. 2020; [cited 2022 Jan 19]. Available from: URL: <https://promedmail.org/promed-post/?id=20200113.6886644>.
6. Cov-lineages.org. Lineage list. [online]. 2019; [cited 2022 Jan 19]. Available from: URL: https://cov-lineages.org/lineage_list.html.
7. World Health Organization. Episode #39-update on virus variants. [online]. 2021; [cited 2022 Jan 14]. Available from: URL: <https://www.who.int/emergencies/diseases/novel-coronavirus-2019/media-resources/science-in-5/episode-39--update-on-virus-variants>.
8. World Health Organization. Tracking SARS-CoV-2 variants. [online]. 2021; [cited 2022 Jan 19]. Available from: URL: <https://www.who.int/activities/tracking-SARS-CoV-2-variants>.
9. World Health Organization. Naming the coronavirus disease (COVID-19) and the virus that causes it. [online]. 2020; [cited 2022 Jan 14]; [2 screens]. Available from: URL: <https://www.who.int/emergencies/>

- [diseases/novel-coronavirus-2019/technical-guidance/naming-the-coronavirus-disease-\(covid-2019\)-and-the-virus-that-causes-it.](#)
10. Liu Y, Rocklöv J. The reproductive number of the Delta variant of SARS-CoV-2 is far higher compared to the ancestral SARS-CoV-2 virus. *J Travel Med* 2021; 28(7): taab124. (3 pages).
 11. Manatu H. Covid-19 variants update. [online]. 2021; [cited 2021 Nov 28]; [67 screens]. Available from: URL: https://www.health.govt.nz/system/files/documents/pages/variants-update-27-april-2022_0.pdf.
 12. Paredes MI, Lunn SM, Famulare M, Frisbie LA, Painter I, Burstein R, et al. Associations between SARS-CoV-2 variants and risk of COVID-19 hospitalization among confirmed cases in Washington State: a retrospective cohort study. *Clin Infect Dis* 2022; ciac279. (19 pages).
 13. Phiriyasart F, Chantutanon S, Salaeh F, Roka A, Thepparat T, Kaesaman S, et al. Outbreak investigation of coronavirus disease (COVID-19) among Islamic missionaries in southern Thailand, April 2020. *OSIR Journal* 2020; 13(2): 48-54.
 14. Chailek C, Taweewigyakarn P, Yimchoho N, Saritapirak N, Namwat C, Sawanpanyalert N. Epidemiological characteristics and medical visits of the first 58 COVID-19 deaths, January-June 2020, Thailand. *OSIR Journal* 2021; 14(1): 1-11.
 15. Team E. The epidemiological characteristics of an outbreak of 2019 novel coronavirus diseases (COVID-19)-China, 2020. *China CDC Wkly* 2020; 2(8): 113-22.
 16. Centers for Disease Control and Prevention. COVID-19. [online]. 2022; [cited 2022 May 08]. Available from: URL: <https://www.cdc.gov/coronavirus/2019-ncov>.
 17. Mysiak K. The relationship between significant, power, sample size & effect size. [online]. 2020; [cited 2022 May 08]; [9 screens]. Available from: URL: <https://towardsdatascience.com/the-relationship-between-significant-power-sample-size-effect-size-899fcf95a76d>.

Epidemiology of SARS-CoV-2 Beta Variant (B.1.351) and Risk Factors for Severe Illness in the Southernmost Provinces of Thailand, April–September 2021

Sawanya Chantutanon¹ and Choopong Sangsawang²

¹ Office of Disease Prevention and Control 12 Songkhla, Songkhla 90000, Thailand

² Field Epidemiology Training Center (FETC), Office of Disease Prevention and Control 12 Songkhla, Songkhla 90000, Thailand

ABSTRACT This study aimed to explore the epidemiology of the SARS-CoV-2 Beta variant (B.1.351) outbreak in the seven southernmost provinces of Thailand. A cross-sectional study was conducted on confirmed Beta variant cases. The surveillance and case investigation data of the Office of Disease Prevention and Control 12 Songkhla were reviewed from 1 April to 30 September 2021. The Beta variant was confirmed in 551 cases (18.93%) out of 2,911 lineage-known SARS-CoV-2 cases. The top three highest proportions of Beta-variant cases were found in Narathiwat, Satun and Pattani provinces at 50.78%, 34.13% and 13.66%, respectively. Of all cases, 294 were male and 217 were female. The age range was 1–100 years (median 34 years). Most of cases were Thai (99.27%), most of whom were Muslim (96%). The first cluster of Beta variant was found in May 2021, while the peak of cases occurred in July 2021. Risk factors of the outbreak were gatherings in Islamic activities. The retrospective cohort study was conducted by reviewing outpatient cards and investigation documents of 286 patients (including 14 severely ill cases or deaths) who were diagnosed with Beta variant in Narathiwat and Satun from 1 April to 30 September 2021. The risk factors of severe or dead cases were age over 60 years (adjusted OR = 11.26, 95%CI: 2.42–52.59), chronic lung diseases (adjusted OR = 23.80, 95%CI: 1.23–458.61) and male gender (adjusted OR = 7.36, 95%CI: 1.02–52.76). Risk factors of the Beta variant outbreak were illegal influx across the Thai-Malaysian border and Islamic gatherings. Thus, the following should be undertaken: strengthening border surveillance to prevent illegal influx; banning religious gatherings, and improving vaccination coverage in elderly and chronically ill persons.

Keywords: COVID-19, Beta variant, Risk factors for severe illness, Southernmost provinces of Thailand