ว กรมวิทย พ 2569; 68 (2): 425-436

หนึ่งทศวรรษของการติดเชื้อไวรัสพาราอินฟลูเอนซา: การวิเคราะห์ย้อนหลังของการติดเชื้อทางเดินหายใจที่โรงพยาบาลรามาธิบดี (พ.ศ. 2555-2565)

ตรีวัฒน์ วัฒนะโชคชัย[1] กิ่งกาญจน์ รักษ์มณี[1] พิเชฐ ยุทธนาการวิกรม[1] มนัสนันท์ บุญญานุวัตร์[2] สิรพิชญา พลายแก้ว[2] ประพันธ์ สุขสุเดช[3] วอทันยู นครศรี[4] วุฒิพงษ์ ใจหาญ[5] และ ละออ ชัยลือกิจ[6]

[1]ภาควิชาพยาธิวิทยา คณะแพทยศาสตร์โรงพยาบาลรามาธิบดี มหาวิทยาลัยมหิดล กรุงเทพมหานคร 10400

[2]ภาควิชาจุลชีววิทยา คณะวิทยาศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย กรุงเทพมหานคร 10330

[3]ห้องปฏิบัติการคลินิกเทคนิคการแพทย์ บริษัท แล็บเฮ้าส์ (ชลบุรี) จำกัด อำเภอเมือง ชลบุรี 20000

[4]ธนาคารทรัพยากรชีวภาพแห่งชาติ สำนักงานพัฒนาวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยีแห่งชาติ (สวทช.) อำเภอคลองหลวง ปทุมธานี 12120

[5]ภาควิชาชีววิทยา คณะวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีราชมงคลธัญบุรี อำเภอคลองหลวง ปทุมธานี 12120

[6]ภาควิชาอายุรศาสตร์โรคต่อมไร้ท่อและเมแทบอลิซึม คณะแพทยศาสตร์โรงพยาบาลรามาธิบดี มหาวิทยาลัยมหิดล กรุงเทพมหานคร 10400

บทคัดย่อ ไวรัสพาราอินฟลูเอนซา (Parainfluenza virus: PIV) เป็นสาเหตุสำคัญของการติดเชื้อทางเดินหายใจส่วนบนและส่วนล่างทั่วโลก ประกอบด้วย 4 ซีโรไทป์ ได้แก่ PIV-1, PIV-2, PIV-3 และ PIV-4 การศึกษานี้วิเคราะห์ข้อมูลย้อนหลังจากห้องปฏิบัติการไวรัสวิทยา คณะแพทยศาสตร์โรงพยาบาลรามาธิบดี ระหว่างปี พ.ศ. 2555-2565 รวมทั้งสิ้น 43,329 ราย พบอัตราการติดเชื้อ PIV โดยรวมอยู่ที่ 9.10% โดยมีอัตราสูงสุดในปี พ.ศ. 2557 (12.74%) การติดเชื้อมีความผันแปรตามฤดูกาลอย่างชัดเจน พบผู้ติดเชื้อสูงในช่วงเดือนมกราคม ถึง มิถุนายน โดยเฉพาะเดือนกุมภาพันธ์ซึ่งมีอัตราการติดเชื้อรายเดือนสูงสุด (13.76%) ซีโรไทป์ที่พบมากที่สุด คือ PIV-3 (46.16%) รองลงมา คือ PIV-1 (27.61%), PIV-4 (13.40%) และ PIV-2 (12.38%) ในเด็กทารก เด็กวัยเตาะแตะ และเด็กก่อนวัยเรียน พบว่ามีความสัมพันธ์กับการติดเชื้อ PIV อย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ (p = 0.021, OR = 3.90, 95% CI = 1.23-12.43; p = 0.012, OR = 4.44, 95% CI = 1.40-14.11 และ p = 0.033, OR = 3.52, 95% CI = 1.10-11.24 ตามลำดับ) โดยพบการติดเชื้อ PIV ในเด็กวัยเตาะแตะสูงสุดอย่างมีนัยสำคัญ ปัจจัยด้านเพศและช่วงเวลาสถานการณ์แพร่ระบาดของโรค COVID-19 ไม่มีความสัมพันธ์กับอัตราการติดเชื้อ การใช้ตัวอย่าง Nasal swab มีโอกาสตรวจพบ PIV ต่ำกว่า Nasopharyngeal swab อย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ ข้อมูลเหล่านี้สามารถนำไปใช้ในการเตรียมความพร้อมเพื่อรับมือการระบาด PIV ที่อาจเกิดขึ้นในอนาคต

คำสำคัญ: การศึกษาข้อมูลย้อนหลัง, ไวรัสพาราอินฟลูเอนซา, ไวรัสระบบทางเดินหายใจ, โรงพยาบาลรามาธิบดี

Corresponding author E-mail: laor.cha@mahidol.ac.th

Received: 10 September 2025 *Revised: 10 March 2026* *Accepted: 17 March 2026*

บทนำ

ไวรัสพาราอินฟลูเอนซา (parainfluenza virus: PIV) ถูกค้นพบครั้งแรกในช่วงปลายทศวรรษ 1950[1] เป็นสาเหตุที่ทำให้เกิดการติดเชื้อที่ระบบทางเดินหายใจส่วนบน (upper respiratory tract infection: URTI) และทางเดินหายใจส่วนล่าง (lower respiratory tract infection: LRTI)[2] โดยเฉพาะในเด็กที่มีอายุต่ำกว่า 5 ปี นอกจากนี้ยังพบในผู้ใหญ่ที่มีภูมิคุ้มกันบกพร่องและผู้สูงอายุ ซึ่งเป็นสาเหตุสำคัญของการเจ็บป่วยและการตายในทารกทั่วโลก[2,3]

การติดเชื้อ PIV มีความสัมพันธ์กับโรคทางเดินหายใจแบบเรื้อรัง (chronic airway diseases) หลายชนิด เช่น โรคหอบหืด (asthma) โรคปอดอุดกั้นเรื้อรัง (chronic obstructive pulmonary disease: COPD) หรือโรคไซนัสอักเสบเรื้อรัง (chronic rhinosinusitis)[4] นอกจากนี้ยังมีหลักฐานว่าการติดเชื้อ PIV บางซีโรไทป์ โดยเฉพาะ PIV-3 มีความสัมพันธ์กับความรุนแรงของโรคระบบทางเดินหายใจส่วนล่าง เช่น โรคปอดบวมรุนแรง (severe pneumonia) และภาวะหายใจล้มเหลวแบบเฉียบพลัน (acute respiratory distress syndrome: ARDS) โดยมีรายงานผู้ป่วยชายอายุ 48 ปี ซึ่งไม่มีโรคประจำตัวมาก่อน แต่มีภาวะ ARDS ภายหลังการติดเชื้อ PIV-3 แม้ผลการตรวจหาเชื้อ SARS-CoV-2 ให้ผลเป็นลบ แต่ผลการทดสอบทาง serology บ่งชี้ว่ามีการติดเชื้อ PIV-3 ซึ่งอาจเป็นสาเหตุสำคัญของโรคปอดบวมรุนแรง และสะท้อนถึงบทบาทของ PIV-3 ต่อความรุนแรงของโรคในผู้ใหญ่ที่มีสุขภาพดี[5]

PIV มีสารพันธุกรรมเป็นแบบอาร์เอ็นเอสายเดี่ยว มีเปลือกห่อหุ้ม (single-stranded RNA, enveloped viruses) จัดอยู่ในวงศ์ *Paramyoviridaie*[2] แบ่งออกเป็น 4 ซีโรไทป์ (serotypes) ได้แก่ PIV-1, PIV-2, PIV-3 และ PIV-4[3] ซึ่ง PIV จัดอยู่ใน paramyxoviruses ประกอบด้วย 2 สกุล (genera) ย่อย ได้แก่ *Respirovirus* (PIV-1 และ PIV-3) และ *Rubulavirus* (PIV-2 และ PIV-4) ซึ่ง PIV-4 สามารถแบ่งออกเป็น 2 กลุ่มย่อย ได้แก่ PIV-4A และ PIV-4B[1] ลักษณะทางระบาดวิทยาของเชื้อ PIV-3 พบว่าสามารถตรวจพบได้ตลอดทั้งปีและมีอุบัติการณ์สูงในช่วงปลายฤดูหนาวถึงต้นฤดูร้อน โดยเฉพาะระหว่างเดือนมีนาคม ถึงสิงหาคม[6] รายจากต่างประเทศพบว่าภายหลังการผ่อนคลายมาตรการควบคุมโรค COVID-19 อุบัติการณ์การติดเชื้อ PIV เพิ่มสูงขึ้นอย่างชัดเจน โดยเฉพาะในเด็กอายุ 0-4 ปี (คิดเป็นอัตรา 120 คนต่อประชากรวัยเด็ก 100,000 คน)[7] นอกจากนี้การติดเชื้อ PIV ระบบทางเดินหายใจส่วนล่าง (lower respiratory tract infection: LRTI) ของผู้ป่วยในกลุ่มเสี่ยง เช่น ผู้ป่วยมะเร็งเม็ดเลือดและผู้ป่วยปลูกถ่ายเซลล์ต้นกำเนิด มีอัตราการเสียชีวิต (mortality) ค่อนข้างสูง[8]

การศึกษานี้มีวัตถุประสงค์เพื่อประเมินความสัมพันธ์ระหว่างปัจจัยด้านประชากร ช่วงเวลา ที่มีผลต่อการติดเชื้อ PIV และชนิดของสิ่งส่งตรวจที่มีผลต่อการตรวจพบเชื้อ PIV ใช้ข้อมูลย้อนหลังจากห้องปฏิบัติการไวรัสวิทยา คณะแพทยศาสตร์โรงพยาบาลรามาธิบดี เพื่อนำผลการศึกษาไปในการเตรียมความพร้อมเพื่อสนับสนุนด้านการตรวจวิเคราะห์เชื้อ การจัดสรรทรัพยากรของห้องปฏิบัติการ และการเตรียมความพร้อมทางด้านการแพทย์และสาธารณสุข ทั้งนี้เนื่องจากปัจจุบันยังไม่มีวัคซีนหรือยาต้านไวรัสที่จำเพาะต่อเชื้อ PIV ดังนั้นการศึกษาข้อมูลย้อนหลังทางระบาดวิทยาจึงมีความสำคัญอย่างยิ่งต่อการลดภาระของโรคติดเชื้อระบบทางเดินหายใจในประชากร

วัสดุและวิธีการ

รูปแบบการศึกษา

การศึกษานี้เป็นการศึกษาเชิงสังเกตแบบย้อนหลัง มีลักษณะเป็นการวิเคราะห์ข้อมูลเชิงพรรณนาและเชิงวิเคราะห์ (retrospective descriptive and analytical study) โดยใช้ข้อมูลการตรวจทางห้องปฏิบัติการของผู้ป่วยที่มีอาการเข้าได้กับกลุ่มอาการติดเชื้อก่อโรคระบบทางเดินหายใจ ณ ห้องปฏิบัติการไวรัสวิทยา ภาควิชาพยาธิวิทยา คณะแพทยศาสตร์โรงพยาบาลรามาธิบดี มหาวิทยาลัยมหิดล ระหว่างวันที่ 1 มกราคม พ.ศ. 2555 ถึง 31 ธันวาคม พ.ศ. 2565 โดยใช้วิธี nucleic acid amplification tests (NAATs) รวมจำนวนทั้งสิ้น 43,329 ราย

กลุ่มเป้าหมายและการจัดกลุ่มตัวอย่าง

กลุ่มเป้าหมายของการศึกษา คือ ผู้ป่วยทุกช่วงอายุ ที่มีอาการเข้าได้กับการติดเชื้อระบบทางเดินหายใจอย่างน้อย 1 อาการ ได้แก่ มีไข้ ไอ น้ำมูกไหล เจ็บคอ หรือหอบเหนื่อยหายใจลำบาก และได้รับการส่งตรวจทางห้องปฏิบัติการเพื่อค้นหาสาเหตุจากเชื้อก่อโรค การวิเคราะห์เชิงปัจจัยดำเนินการภายใต้กรอบแนวคิด case-control โดยอาศัยข้อมูลย้อนหลังจากระบบห้องปฏิบัติการ แบ่งตัวอย่างออกได้เป็น 2 กลุ่ม ได้แก่ กลุ่มศึกษา (case group) คือ ผู้ป่วยที่ตรวจพบสารพันธุกรรมของ PIV (PIV positive) และกลุ่มควบคุม (control group) คือ ผู้ป่วยที่มีอาการของโรคระบบทางเดินหายใจเช่นเดียวกันแต่ตรวจไม่พบสารพันธุกรรมของ PIV (PIV negative)

การใช้กลุ่มควบคุมจากประชากรที่มีอาการและได้รับการตรวจวินิจฉัยในช่วงเวลาเดียวกัน ช่วยลดอคติจากการคัดเลือก (selection bias) และทำให้ทั้งสองกลุ่มมีความคล้ายคลึงกันในทางคลินิกและกระบวนการตรวจวินิจฉัย ทำให้ความแตกต่างระหว่างกลุ่มสามารถสะท้อนถึงความสัมพันธ์ของปัจจัยที่ศึกษาเกี่ยวกับการติดเชื้อ PIV ได้ โดยจำนวนตัวอย่างของทั้งสองกลุ่มที่ใช้ในการศึกษาถูกกำหนดตามผลการตรวจจริงจากฐานข้อมูลของห้องปฏิบัติการในช่วงเวลาศึกษา

ตัวแปรที่ใช้ในการศึกษา

ตัวแปรผลลัพธ์หลักของการศึกษา คือ สถานะการติดเชื้อ ซึ่งจำแนกเป็นผู้ป่วยที่ตรวจพบเชื้อ PIV (PIV positive) และผู้ป่วยที่ตรวจไม่พบเชื้อ PIV (PIV negative)

ปัจจัยที่ใช้ในการศึกษา (independent variable) ประกอบด้วย เพศ (จำแนกออกเป็น เพศชาย และเพศหญิง), กลุ่มอายุ [(กลุ่มอายุ แบ่งออกเป็น 8 กลุ่ม ได้แก่ ทารกแรกเกิด (newborn) อายุไม่เกิน 1 เดือน, ทารก (infant) อายุมากกว่า 1 เดือน ถึง 1 ปี, เด็กวัยเตาะแตะ (toddler) อายุมากกว่า 1 ถึง 3 ปี, เด็กปฐมวัย (preschooler) อายุมากกว่า 3 ถึง 6 ปี, เด็กวัยเรียน (school-age child) อายุมากกว่า 6 ถึง 12 ปี, วัยรุ่น (adolescent) อายุมากกว่า 12 ถึง 18 ปี, ผู้ใหญ่ (adult) อายุมากกว่า 18 ถึง 60 ปี และผู้สูงอายุ (elderly) อายุมากกว่า 60 ปี)], ประเภทของสิ่งส่งตรวจ เป็นตัวอย่างจากระบบทางเดินหายใจ ได้แก่ Nasopharyngeal aspirate (NPA), Nasopharyngeal swab (NPS), Nasopharyngeal wash (NPW) Nasal swab (NS), Nasal wash (NW) และ Throat swab (TS), ปัจจัยด้านเวลา (เดือนและปีที่ส่งตรวจ) และช่วงเวลาสถานการณ์การแพร่ระบาดของโรค COVID-19 (แบ่งเป็นช่วงเวลาก่อนและหลังการแพร่ระบาด)

การรวบรวมข้อมูล

ข้อมูลดิบ (raw data) ถูกรวบรวมจากระบบสารสนเทศทางห้องปฏิบัติการ (Laboratory Information System: LIS) ของโรงพยาบาลรามาธิบดี และจัดการข้อมูลเบื้องต้นโดยใช้โปรแกรม Microsoft Excel 2021 (Microsoft Corporation, Remond, WA, USA) ตรวจสอบความถูกต้องของข้อมูลและกำจัดข้อมูลที่ซ้ำซ้อน เพื่อให้ได้ชุดข้อมูลที่เหมาะสมสำหรับการวิเคราะห์ทางสถิติ

เกณฑ์การคัดเลือก

เกณฑ์การคัดเลือกเข้า (inclusion criteria) ได้แก่ ข้อมูลผู้ป่วยทุกกลุ่มอายุที่มีอาการเกี่ยวกับการติดเชื้อก่อโรคระบบทางเดินหายใจ ได้รับการตรวจหาสารพันธุกรรมของเชื้อ PIV ด้วยวิธี NAATs โดยใช้ชุดทดสอบ xTAG Respiratory Viral Panel (Luminex Corporation, USA) และ FTD Respiratory Pathogen 33 multiplex (Fast Track Diagnostic, Luxembourg)

เกณฑ์การคัดเลือกออก (exclusion criteria) ได้แก่ ผู้ป่วยที่ไม่มีข้อมูล ผู้ป่วยที่มีการส่งตรวจซ้ำซึ่งเป็นรายเดียวกันภายในระยะเวลา 1 เดือน ผู้ป่วยรายเดียวกันที่มีการส่งตรวจโดยใช้ตัวอย่างมากกว่า 1 ชนิดภายในระยะเวลา 1 เดือน และผู้ป่วยที่ไม่ได้รับการตรวจหาสารพันธุกรรมของเชื้อ PIV

การวิเคราะห์ข้อมูลและสถิติที่ใช้

การวิเคราะห์ข้อมูลในการศึกษานี้แบ่งออกเป็นสองประเภทหลัก คือ สถิติเชิงพรรณนา (Descriptive Statistics) และสถิติเชิงอนุมาณ (Inference Statistics) สำหรับสถิติเชิงพรรณนาจะศึกษาข้อมูลเกี่ยวกับเพศ กลุ่มอายุ สิ่งส่งตรวจทางการแพทย์ เดือนและปีที่ทำการศึกษา โดยนำเสนอข้อมูลด้วยสถิติพื้นฐาน เช่น จำนวน ความถี่ ร้อยละ ค่าต่ำสุด ค่าสูงสุด และสัดส่วน

ส่วนสถิติเชิงอนุมานจะใช้การวิเคราะห์แบบไควสแควร์ (chi-square) เพื่อหาความสัมพันธ์ระหว่างปัจจัยต่าง ๆ กับการติดเชื้อ PIV ที่ระดับนัยสำคัญทางสถิติที่ 0.05 นอกจากนี้ยังมีการคำนวณอัตราส่วนความเสี่ยง (odds ratio: OR) ผ่านการวิเคราะห์ logistic regression ทั้งแบบตัวแปรเดี่ยว (univariable analysis) และตัวแปรแบบพหุ (multivariable analysis) โดยใช้โปรแกรม Stata Version 18 SE (Stata Corp LLC, College Station, USA), R Version 4.3.2 (R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria) และ Rstudio version 2024.09.0-375 (RStudio, PBC, Boston, MA, USA) ในการวิเคราะห์ผล

ในการแปลผลข้อมูลจะพิจารณาค่า *p*-value หากน้อยกว่า 0.05 จะพิจารณาว่ามีความสัมพันธ์อย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ หากค่า *p*-value มากกว่าหรือเท่ากับ 0.05 แสดงว่าไม่มีความสัมพันธ์ ส่วนการแปลผล odds ratio (เพื่อแสดงถึงทิศทางและขนาดของความสัมพันธ์) จะพิจารณาจากค่า odds ratio (OR) พร้อมช่วงความเชื่อมั่น 95% (95% confidence interval; 95% CI) ถ้า OR = 1 ไม่มีความสัมพันธ์ ถ้า OR >1 หมายถึงปัจจัยนั้นสัมพันธ์กับโอกาสของการติดเชื้อ PIV ที่เพิ่มขึ้น และ ถ้า OR < 1 หมายถึง ปัจจัยนั้นสัมพันธ์กับโอกาสของการติดเชื้อ PIV ที่ลดลง

จริยธรรมการวิจัย

ได้รับการรับรองด้านจริยธรรม (COA. MURA 2023/116) จากคณะกรรมการจริยธรรมการวิจัยในคน คณะแพทยศาสตร์โรงพยาบาลรามาธิบดี มหาวิทยาลัยมหิดล เมื่อวันที่ 27 มกราคม พ.ศ. 2566

ผล

ข้อมูลผู้ป่วยที่นำมาศึกษาทั้งหมดเป็นผู้ป่วยที่มีอาการทางระบบทางเดินหายใจตามดุลพินิจของแพทย์ผู้รักษา และได้รับการส่งตรวจหาเชื้อก่อโรคระบบทางเดินหายใจด้วยวิธี NAATs ซึ่งครอบคลุมเชื้อก่อโรคระบบทางเดินหายใจหลายชนิดจากกลุ่มผู้ป่วยต้องสงสัย จำนวน 43,329 ราย จึงอาจรวมถึงผู้ป่วยที่มีการติดเชื้อทางเดินหายใจชนิดอื่นนอกเหนือจาก PIV ภายหลังการตรวจวิเคราะห์พบว่าผู้ป่วยที่ตรวจพบเชื้อ PIV (case study) และตรวจไม่พบเชื้อ (case control) มีความแตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติในปัจจัยด้านกลุ่มอายุและประเภทของสิ่งส่งตรวจ ขณะที่ไม่พบความแตกต่างอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติด้านปัจจัยทางเพศ

ความชุกของผู้ติดเชื้อ PIV โดยรวม ร้อยละ 9.10 (3,941/43,329) โดยความชุกมีความแตกต่างกันในแต่ละปีพบค่าสูงสุดในปี พ.ศ. 2557 และต่ำสุดในปี พ.ศ. 2564 ดังแสดงในตารางที่ 1

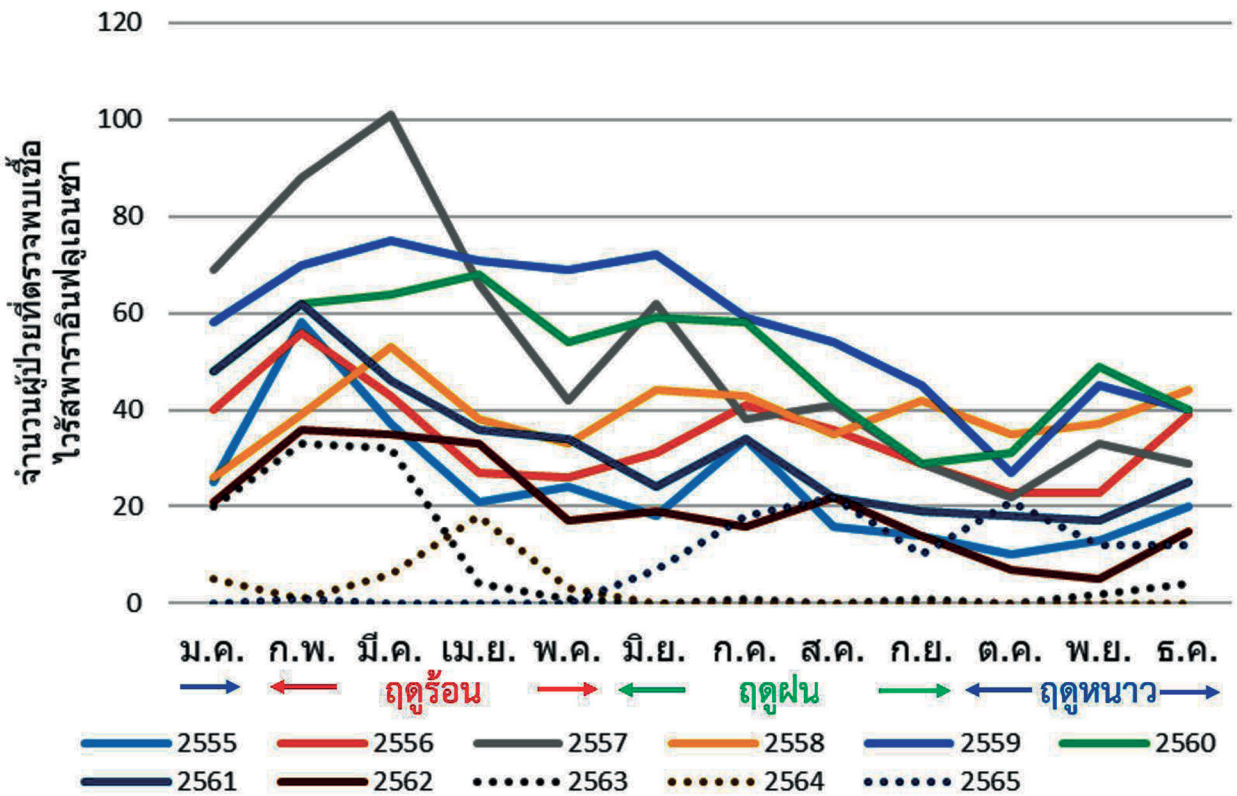
ตารางที่ 1 ความชุกของการติดเชื้อ PIV จำแนกรายปี พ.ศ. 2555-2565

ปี (พ.ศ.)	จำนวนที่ตรวจ (n)	จำนวนติดเชื้อ (n)	ความชุก (%)
2555	2,912	290	9.96
2556	4,460	414	9.28
2557	4,865	620	12.74
2558	5,973	469	7.85
2559	8,258	685	8.29
2560	6,660	604	9.07
2561	3,756	385	10.25
2562	2,855	240	8.41

ตารางที่ 1 ความชุกของการติดเชื้อ PIV จำแนกรายปี พ.ศ. 2555–2565 (ต่อ)

ปี (พ.ศ.)	จำนวนที่ตรวจ (n)	จำนวนติดเชื้อ (n)	ความชุก (%)
2563	1,589	98	6.17
2564	863	33	3.82
2565	1,138	103	9.05
รวม	43,329	3,941	9.10

ความชุกของผู้ติดเชื้อ PIV รายเดือนในผลการศึกษานี้เป็นค่าเฉลี่ยรายเดือนที่คำนวณจากข้อมูลย้อนหลัง 10 ปี (พ.ศ. 2555–2565) สัดส่วนผู้ติดเชื้อที่ตรวจพบต่อจำนวนตัวอย่างผู้ป่วยทั้งหมดที่ส่งตรวจในแต่ละเดือนตลอดช่วงเวลาดังกล่าว จำนวนทั้งสิ้น 43,329 ตัวอย่าง โดยพบความชุกในเดือนมกราคม ร้อยละ 9.54 (360/3,774), กุมภาพันธ์ ร้อยละ 13.76 (506/3,678), มีนาคม ร้อยละ 13.66 (492/3,601), เมษายน ร้อยละ 12.98 (382/2,944), พฤษภาคม ร้อยละ 10.23 (303/2,963), มิถุนายน ร้อยละ 10.42 (336/3,225), กรกฎาคม ร้อยละ 8.74 (342/3,912), สิงหาคม ร้อยละ 6.84 (290/4,239), กันยายน ร้อยละ 5.55 (232/4,181), ตุลาคม ร้อยละ 5.15 (194/3,766), พฤศจิกายน ร้อยละ 6.62 (236/3,564) และธันวาคม ร้อยละ 7.70 (268/3,482) ตามลำดับ ดังแสดงในภาพที่ 1



ภาพที่ 1 จำนวนผู้ป่วยที่ติดเชื้อ PIV ทั้งหมดต่อเดือนในระหว่างปี พ.ศ. 2555–2565

จากการวิเคราะห์ข้อมูลทั่วไปของผู้ป่วยที่ได้รับการตรวจหาเชื้อ PIV ทั้งสิ้น 43,329 ราย เมื่อจำแนกตามเพศพบข้อมูลเพศครบถ้วน จำนวน 41,752 ราย ร้อยละ 96.36 (41,752/43,329) โดยมีผู้ป่วย จำนวน 1,577 ราย ร้อยละ 3.64 (1,577/43,329) ที่ไม่มีการบันทึกข้อมูลเพศจึงถูกตัดออกจากการวิเคราะห์ เมื่อจำแนกตามเพศ พบว่าผู้ป่วยเพศชายร้อยละ 52.07 (21,739/41,752) มีผู้ติดเชื้อร้อยละ 9.21 (2,003/21,739) และผู้ป่วยเพศหญิงร้อยละ 47.93 (20,013/41,752) มีผู้ติดเชื้อร้อยละ 8.76 (1,753/20,013) จากการศึกษาเปรียบเทียบอัตราการติดเชื้อระหว่างเพศไม่พบความแตกต่างอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ (p-value = 0.105) ดังแสดงในตารางที่ 2

เมื่อจำแนกข้อมูลตามกลุ่มอายุทั้งสิ้น 27,914 ราย พบว่ากลุ่มทารก (infant) และกลุ่มเด็กวัยเตาะแตะ (toddler) มีอัตราการติดเชื้อสูง คิดเป็นร้อยละ 13.62 (542/3,979) และ 15.18 (755/4,975) ตามลำดับ ในขณะที่กลุ่มวัยรุ่น (adolescent) และผู้ใหญ่ (adult) มีอัตราการติดเชื้อค่อนข้างต่ำ ส่วนกลุ่มผู้สูงอายุ (elderly)พบอัตราการติดเชื้อต่ำสุด ร้อยละ 3.93 (279/7,103) จากการวิเคราะห์ข้อมูลพบว่าปัจจัยด้านกลุ่มอายุมีความแตกต่างของอัตราการติดเชื้อ PIV ในอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ (p-value < 0.001) ดังแสดงในตารางที่ 2

สำหรับข้อมูลชนิดของสิ่งส่งตรวจทั้งหมด จำนวน 35,308 ตัวอย่าง พบว่า NS เป็นชนิดที่มีการส่งตรวจมากที่สุด คิดเป็นร้อยละ 54.06 (19,087/35,308) โดยมีอัตราการตรวจพบเชื้อ ร้อยละ 7.64 (1,458/19,087) นอกจากนี้สิ่งส่งตรวจประเภท NPA และ NW มีอัตราการตรวจพบเชื้อค่อนข้างสูงเมื่อเปรียบกับชนิดอื่น ๆ หลังจากการวิเคราะห์ข้อมูลพบว่าปัจจัยด้านชนิดของสิ่งส่งตรวจ มีความแตกต่างกับอัตราการตรวจพบเชื้อ PIV อย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ (p-value < 0.001) รายละเอียดชนิดของสิ่งส่งตรวจ ดังแสดงในตารางที่ 2

ตารางที่ 2 ข้อมูลทั่วไปของผู้ป่วยติดเชื้อ PIV จำแนกตามเพศ กลุ่มอายุ และสิ่งส่งตรวจ

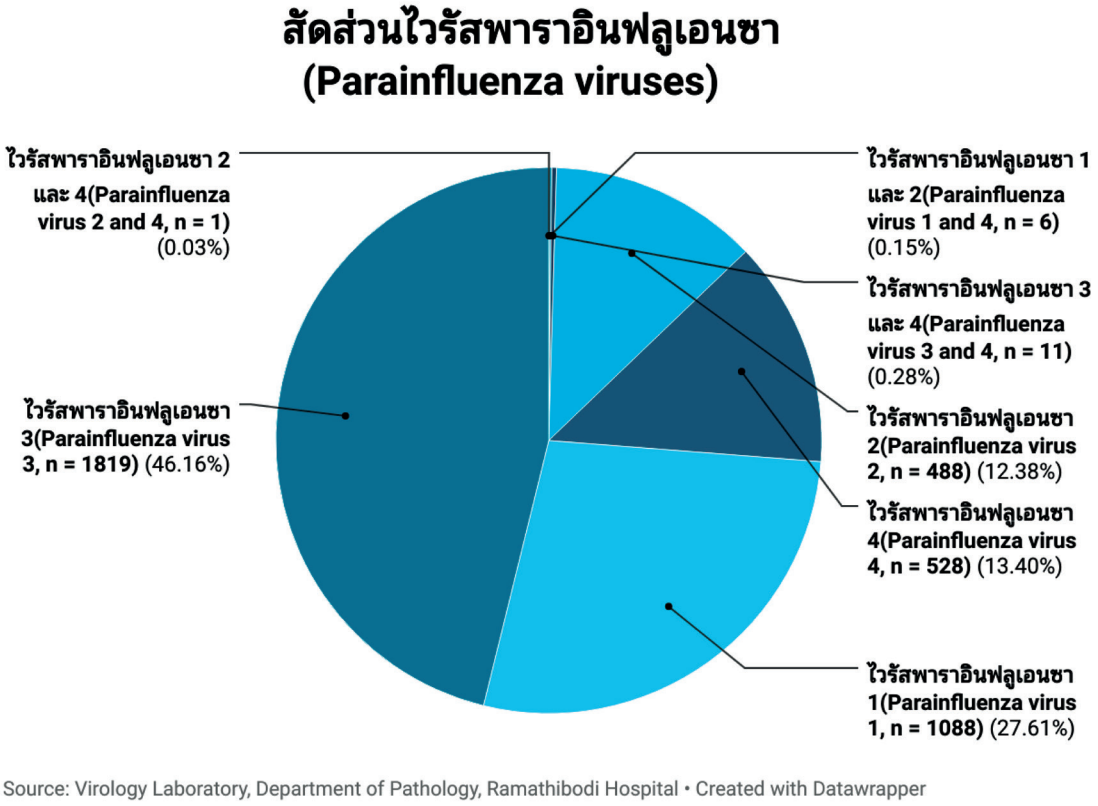
Factors		**Number**	**PIV**				***p-value***
			P	**(%)**	**N**	**(%)**	
Gender							0.105
(41,752)	Male	21,739(52.07%)	2,003	9.21	19,736	90.79	
	Female	20,013(47.93%)	1,753	8.76	18,260	91.24	
Age							< 0.001
(27,914)	Newborn	108(0.39%)	4	3.70	104	96.30	
	Infant	3,979(14.25%)	542	13.62	3437	86.38	
	Toddler	4,975(17.82%)	755	15.18	4220	84.82	
	Preschooler	3,039(10.89%)	369	12.14	2670	87.86	
	School-aged child	1,921(6.88%)	107	5.57	1814	94.43	
	Adolescent	836(2.99%)	25	2.99	811	97.01	
	Adult	5,953(21.33%)	191	3.21	5762	96.79	
	Elderly	7,103(25.45%)	279	3.93	6824	96.07	
Specimen							< 0.001
(35,308)	Nasal swab (NS)	19,087(54.06%)	1458	7.64	17629	92.36	
	Nasal wash (NW)	545(1.54%)	72	13.21	473	86.79	
	Nasopharyngeal aspirate (NPA)	944(2.67%)	136	14.41	808	85.59	
	Nasopharyngeal swab (NPS)	11,072(31.36%)	1207	10.90	9865	89.10	

ตารางที่ 2 ข้อมูลทั่วไปของผู้ป่วยติดเชื้อ PIV จำแนกตามเพศ กลุ่มอายุ และสิ่งส่งตรวจ (ต่อ)

Factors		Number	PIV				*p-value*
			P	(%)	N	(%)	
	Nasopharyngeal wash (NPW)	901(2.55%)	111	12.32	790	87.68	
	Throat swab (TS)	2,759(7.81%)	251	9.10	2508	90.90	

หมายเหตุ: PIV = Parainfluenza virus, *p*-value = probability value, P = Positive, N = Negative

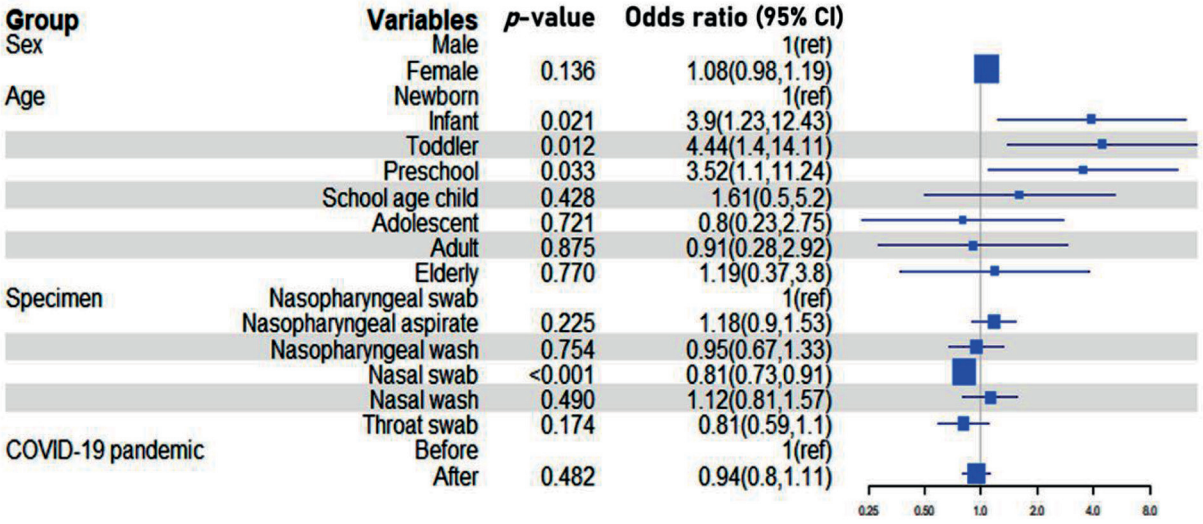
จากจำนวนผู้ติดเชื้อ 3,941 เมื่อพิจารณาจากสัดส่วนของผู้ติดเชื้อ PIV ประกอบด้วย PIV-1 ร้อยละ 27.61 (1,088/3,941), PIV-2 ร้อยละ 12.38 (488/3,941), PIV-3 ร้อยละ 46.16 (1,819/3,941), PIV-4 ร้อยละ 13.40 (528/3,941) และการติดเชื้อร่วมกันของ PIV (co-infections) ร้อยละ 0.46 (18/3,941) ตามลำดับ ในการศึกษานี้พบการติดเชื้อร่วมกันแบบ PIV-1 และ PIV-4 ร้อยละ 0.15 (6/3941), PIV-2 และ PIV-4 ร้อยละ 0.03 (1/3,941) และ PIV-3 และ PIV-4 ร้อยละ 0.28 (11/3,941) ตามลำดับ ดังแสดงในภาพที่ 2



ภาพที่ 2 สัดส่วนผู้ติดเชื้อ PIV จำแนกตามสายพันธุ์

จากการวิเคราะห์ปัจจัยที่ความสัมพันธ์กับการติดเชื้อ PIV โดยใช้การวิเคราะห์แบบพหุตัวแปร (multivariable analysis) พบว่าเพศไม่มีความสัมพันธ์กับการติดเชื้อ PIV อย่างมีนัยสำคัญสถิติ เมื่อพิจารณาตามกลุ่มอายุพบว่าเด็กทารก (infant) เด็กวัยเตาะแตะ (toddler) กลุ่มเด็กก่อนวัยเรียน (preschooler) มีความเสี่ยงต่อการติดเชื้อ PIV อย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ ในขณะที่กลุ่มวัยรุ่น ผู้ใหญ่ และผู้สูงอายุไม่พบความสัมพันธ์กับการติดเชื้อ PIV อย่างมีนัยสำคัญทางสถิติสำหรับชนิดสิ่งส่งตรวจ พบว่า NPA,

NPW, NW และ TS ไม่พบความสัมพันธ์กับอัตราการตรวจพบเชื้อ PIV อย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ ส่วนการใช้ตัวอย่าง NS มีโอกาสตรวจพบ PIV ต่ำกว่า NPS อย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ นอกจากนี้เมื่อเปรียบเทียบช่วงก่อนและหลังสถานการณ์การแพร่ระบาดของ COVID-19 ไม่พบความสัมพันธ์ของการติดเชื้อ PIV อย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ ดังแสดงในภาพที่ 3



ภาพที่ 3 ความสัมพันธ์ระหว่างปัจจัยที่มีอิทธิพลต่อการติดเชื้อ PIV

วิจารณ์

จากการศึกษาผู้ป่วย จำนวน 43,329 คน ของห้องปฏิบัติการไวรัสวิทยา คณะแพทยศาสตร์โรงพยาบาลรามาธิบดี ตั้งแต่ปี พ.ศ. 2555-2565 พบความชุกของผู้ติดเชื้อ PIV ร้อยละ 9.10 ซึ่งสอดคล้องกับการศึกษาของ Parsons J และคณะ[9] ที่รายงานความชุกของเชื้อ PIV ในผู้ป่วยร้อยละ 2-10 อย่างไรก็ตามผลการศึกษานี้สูงกว่าการศึกษาของ DeGroote NP และคณะ[10] ในสหรัฐอเมริกา ซึ่งรายงานความชุกเพียงร้อยละ 5 ความแตกต่างดังกล่าวอาจอธิบายได้จากความแตกต่างด้านโครงสร้างประชากร ระบบการส่งตรวจทางห้องปฏิบัติการ ความไวของวิธีตรวจวิเคราะห์ รวมถึงบริบททางระบาดวิทยาในแต่ละประเทศ ซึ่งสะท้อนให้เห็นถึงความจำเป็นในการมีข้อมูลเฉพาะพื้นที่เพื่อการวางแผนด้านสาธารณสุขที่เหมาะสม เมื่อพิจารณาความชุกในแต่ละปี พบว่าปี พ.ศ. 2557 มีความชุกสูงที่สุด (ร้อยละ 12.74) และพบการติดเชื้อสูงในช่วงเดือนกุมภาพันธ์ ถึง เมษายน โดยเฉพาะเดือนกุมภาพันธ์ คล้ายกับการศึกษาวิจัยของ Lam TT และคณะ[11] ทำการศึกษาเปรียบเทียบการระบาดทั่วโลกของ PIV ในปี พ.ศ. 2553-2558 พบความชุกของ PIV สูงในช่วงเดือนเมษายน ถึง มิถุนายน ซึ่งเป็นช่วงเปลี่ยนฤดูกาลจากฤดูหนาวเข้าสู่ฤดูร้อนในพื้นที่เขตอบอุ่นทางตอนเหนือ (The Northern Temperate Zone) ความสอดคล้องดังกล่าวชี้ให้เห็นถึงอิทธิพลของปัจจัยด้านฤดูกาลและสภาพภูมิอากาศต่อการแพร่ระบาดของเชื้อ อย่างไรก็ตามประเทศไทยเป็นประเทศเขตร้อน การพบความชุกสูงในช่วงเวลาดังกล่าวอาจเกี่ยวข้องกับพฤติกรรมของประชากรและสภาพแวดล้อมมากกว่าปัจจัยอุณหภูมิเพียงอย่างเดียว ซึ่งควรมีการศึกษาเพิ่มเติมในอนาคต

ผลการศึกษาครั้งนี้พบว่าเชื้อ PIV-3 มีความชุกสูงที่สุด รองลงมา คือ PIV-1, PIV-4 และ PIV-2 ตามลำดับ สอดคล้องกับการศึกษาของ Oh DY และคณะ[12] ในสหพันธ์สาธารณรัฐเยอรมนี ซึ่งพบลำดับความชุกในทิศทางเดียวกัน ความสอดคล้องนี้สนับสนุนบทบาทสำคัญของ PIV-3 ในการก่อโรคทางเดินหายใจ อย่างไรก็ตามสัดส่วนความชุกของแต่ละสายพันธุ์อาจแตกต่างกันตาม

ช่วงเวลาและพื้นที่ การเฝ้าระวังอย่างต่อเนื่องจึงมีความสำคัญต่อการประเมินแนวโน้มการเปลี่ยนแปลงของชนิดเชื้อในระยะยาว การติดเชื้อ PIV พบรูปแบบการติดเชื้อก่อโรคระบบทางเดินหายใจร่วมกับเชื้อชนิดอื่นส่วนใหญ่เป็นการติดเชื้อร่วม 2 ชนิด (two-strain co-infection) ร่วมกับ Rhinovirus/Enterovirus และ Respiratory Syncytial Virus (RSV) โดยเฉพาะ PIV-3 และ PIV-1 ที่ติดเชื้อร่วมกับ Rhinovirus/Enterovirus ซึ่ง PIV-3 พบการติดเชื้อร่วมมากที่สุด ซึ่งสะท้อนถึงการหมุนเวียนของไวรัสหลายชนิดในมนุษย์ และความสามารถของชุดตรวจแบบ multiplex PCR ในการตรวจพบเชื้อพร้อมกัน[13] ด้านความสัมพันธ์ทางเพศ พบว่าเพศไม่มีความสัมพันธ์กับการติดเชื้อ PIV สอดคล้องกับการศึกษาของ Shi W และคณะ[14] ที่รายงานว่าอัตราการติดเชื้อในเพศชายและเพศหญิงไม่แตกต่างกันอย่าง ผลการศึกษานี้สะท้อนให้เห็นว่าเพศอาจไม่ใช่ปัจจัยกำหนดความเสี่ยงต่อการติดเชื้อโดยตรง อย่างไรก็ตามไม่สามารถตัดบทบาทของปัจจัยทางพฤติกรรมสังคมที่อาจแตกต่างกันในแต่ละกลุ่มเพศได้ สำหรับกลุ่มอายุกับการติดเชื้อ PIV พบว่ากลุ่มเด็กทารก (infant) เด็กวัยเตาะแตะ (toddler) และกลุ่มเด็กก่อนวัยเรียน (preschooler) (ช่วงอายุมากกว่า 1 เดือน ถึง 6 ปี) มีความสัมพันธ์กับการติดเชื้อไวรัส PIV อย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ สอดคล้องกับการศึกษาของ Liu WK และคณะ[15] ในเมืองกวางโจวทางตอนใต้ของสาธารณรัฐประชาชนจีน ที่รายงานความชุกสูงในเด็กอายุต่ำกว่า 5 ปี ของโรคทางเดินหายใจเฉียบพลัน (ARTI) ผลการศึกษาดังกล่าวสอดคล้องกับความไม่สมบูรณ์ของระบบภูมิคุ้มกันในเด็กเล็ก อย่างไรก็ตามการไม่พบผู้ติดเชื้อในทารกแรกเกิดอายุน้อยกว่า 1 เดือน อาจสะท้อนถึงการป้องกันจากภูมิคุ้มกันที่ถ่ายทอดจากมารดาหรือข้อจำกัดด้านจำนวนตัวอย่างในกลุ่มนี้ ในด้านประเภทสิ่งส่งตรวจทางการแพทย์ พบว่าสิ่งส่งตรวจ NS มีโอกาสตรวจพบสารพันธุกรรมของเชื้อ PIV น้อยกว่าวิธีอื่น (NPA, NPW, NW) และน้อยกว่า NPS อย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ ผลการศึกษานี้บ่งชี้ว่าการเลือกใช้สิ่งส่งตรวจตามความเหมาะสมทางคลินิกและความสะดวกในการเก็บตัวอย่าง อาจส่งผลต่อการตรวจพบเชื้อซึ่งอาจพิจารณาเลือกจาก NPS ก่อน อย่างไรก็ตามการศึกษานี้ไม่ได้ประเมินคุณภาพตัวอย่างหรือระยะเวลาการเก็บตัวอย่างหลังเริ่มมีอาการ ซึ่งอาจส่งผลต่อความไวของการตรวจและควรพิจารณาเป็นข้อจำกัดของการศึกษา

ข้อควรระวังในการตรวจวิเคราะห์สารพันธุกรรมในกรณีปริมาณสารพันธุกรรมของเชื้อ PIV อยู่ในระดับต่ำ การเก็บตัวอย่างไม่ได้คุณภาพ อาจส่งผลต่อกระบวนการตรวจวิเคราะห์ทางชีวโมเลกุลตั้งแต่กระบวนสกัดสารพันธุกรรม เช่น การเลือกชุดสกัดสารพันธุกรรม การเลือกใช้ชุดสกัดให้เหาะสมกับกระบวนการตรวจวิเคราะห์ การย่อยสลายอนุภาคไวรัสในเซลล์มนุษย์[16] และการเก็บรักษาสารพันธุกรรม[17] ซึ่งการดำเนินการอย่างเหมาะสมจะช่วยเพิ่มประสิทธิภาพในการตรวจวินิจฉัยเชื้อได้อย่างถูกต้องมากยิ่งขึ้น รวมถึงการเลือกชุดทดสอบที่ครอบคลุมความหลากหลายทางพันธุกรรมของเชื้อไวรัส อาจช่วยให้สามารถทำการตรวจวิเคราะห์ได้อย่างถูกต้องและแม่นยำขึ้น สำหรับข้อจำกัดในการศึกษานี้เนื่องจากข้อมูลที่ใช้ในการวิเคราะห์ข้อมูลมีเพียงข้อมูลจากโรงพยาบาลรามาธิบดีเท่านั้น ทำให้ภาพรวมการวิเคราะห์อาจไม่ครอบคลุมต่อการศึกษาปัจจัยอื่น ดังนั้นควรทำการศึกษาลักษณะด้านประชากรศาสตร์ ข้อมูลด้านสังคมศาสตร์ ข้อมูลสิ่งแวดล้อม และอาการทางคลินิกฯ เพิ่มเติม เพื่อช่วยให้ได้ข้อมูลที่มีความถูกต้อง ครอบคลุม และเป็นประโยชน์เพิ่มมากขึ้น

การศึกษานี้ใช้ข้อมูลจากฐานข้อมูลทางห้องปฏิบัติการไวรัสวิทยา ซึ่งไม่สามารถจำแนกผู้ป่วยตามกลุ่มอาการทางคลินิกและระดับความรุนแรง ตั้งแต่กลุ่มอาการไม่รุนแรง (mild case) ไปจนถึงอาการรุนแรง (severe case) อย่างไรก็ตามกลุ่มตัวอย่างทั้งหมดเป็นผู้ป่วยที่มีอาการทางระบบทางเดินหายใจและได้รับการส่งตรวจด้วยชุดทดสอบที่ครอบคลุมเชื้อก่อโรคหลายชนิด สะท้อนถึงการใช้งานจริงของห้องปฏิบัติการในสถานการณ์เวชปฏิบัติ ผลการศึกษาแสดงให้เห็นว่า PIV เป็นหนึ่งในเชื้อที่ตรวจพบได้บ่อยในผู้ป่วยติดเชื้อระบบบทางเดินหายใจและมีความสำคัญไม่น้อยไปกว่า influenza virus, RSV และ SARS-CoV-2 ดังนั้นการศึกษาในอนาคต

ควรบูรณาการข้อมูลทางคลินิก เช่น ระดับความรุนแรงของอาการ การนอนโรงพยาบาล การติดเชื้อร่วม และผลลัพธ์ทางคลินิก เพื่อประเมินภาระโรค (burden of disease) ของการติดเชื้อ PIV ได้อย่างครอบคลุมมากยิ่งขึ้น

สรุป

จากข้อมูลการตรวจวิเคราะห์เชื้อ PIV ของห้องปฏิบัติการไวรัสวิทยา คณะแพทยศาสตร์โรงพยาบาลรามาธิบดี พบความชุกของการติดเชื้อ PIV ร้อยละ 9.10 พบอุบัติการณ์สูงที่สุดในช่วงปลายฤดูหนาวถึงต้นฤดูร้อน โดยเฉพาะช่วงเดือนกุมภาพันธ์ ถึง เมษายน ผู้ป่วยที่อยู่ในช่วงอายุมากกว่า 1 เดือน ถึง 6 ปี มีโอกาสเสี่ยงต่อการป่วยเป็นโรคติดเชื้อ PIV มากกว่าช่วงอายุอื่น นอกจากนี้ข้อมูลเชิงเทคนิคแสดงให้เห็นว่าการเลือกใช้สิ่งส่งตรวจ NPS มีประสิทธิภาพสูงสุดในการตรวจวินิจฉัยทางห้องปฏิบัติการ แม้การศึกษานี้จะมีข้อจำกัดการเข้าถึงข้อมูลอาการและความรุนแรงทางคลินิก แต่ผลการศึกษาแสดงให้เห็นว่า PIV เป็นเชื้อที่ควรเฝ้าระวังในทุกเพศวัย ดังนั้นข้อมูลเหล่านี้จึงเป็นประโยชน์สำหรับบุคลากรทางการแพทย์ในการวินิจฉัยแยกโรคและเป็นฐานข้อมูลสำหรับหน่วยงานด้านสาธารณสุข เพื่อนำมาใช้ประโยชน์ในการเตรียมความพร้อมรับมือกับสถานการณ์การแพร่ระบาดของเชื้อ PIV ในอนาคต โดยเฉพาะในกลุ่มประชากรวัยเด็กที่เป็นกลุ่มเปราะบาง

การเปิดเผยการใช้ปัญญาประดิษฐ์

ทางผู้นิพนธ์ได้มีการใช้โปรแกรมปัญญาประดิษฐ์ ได้แก่ ChatGPT (OpenAI, USA) และ Gemini (Alphabet Inc., USA) เพื่อช่วยตรวจสอบความถูกต้องของเนื้อหา ปรับปรุงสำนวนทางวิชาการ และการตรวจสอบความถูกต้องของไวยากรณ์ภาษาอังกฤษ

กิตติกรรมประกาศ

ขอขอบคุณ ห้องปฏิบัติการไวรัสวิทยาและภาควิชาพยาธิวิทยา คณะแพทยศาสตร์โรงพยาบาลรามาธิบดี ในการสนับสนุนและให้ความช่วยเหลือตลอดการดำเนินการวิจัย ขอขอบคุณ รศ.นพ. มงคล คุณากร รศ.ดร. บุษบา ฤกษ์อำนวยโชค ดร.เอกวัฒน์ ผสมทรัพย์ และทุกท่านในภาควิชาพยาธิวิทยา ที่ร่วมเป็นส่วนหนึ่งในการส่งเสริมและสนับสนุนการวิจัยนี้จนสำเร็จได้ด้วยดี และขอขอบคุณ รศ.ดร. ศศิวิมล รัตนสิริ นางสาวศศิภรณ์ สิทธิศร นายพงศ์สันต์ ฉัตรแสงเจริญ และนางสาวณรดา รัตนาไพบูลย์ ที่ได้ให้คำแนะนำและให้การช่วยเหลือในการใช้โปรแกรมวิเคราะห์ทางด้านสถิติ

เอกสารอ้างอิง

1. Henrickson KJ. Parainfluenza viruses. Clin Microbiol Rev 2003; 16(2): 242–64.
2. Elboukari H, Ashraf M. Parainfluenza virus. In: StatPearls. online]. Treasure Island, FL: StatPearls Publishing; 2024. [cited 2025 Aug 18]. Available from: URL: https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK560719.
3. Branche AR, Falsey AR. Parainfluenza virus infection. Semin Respir Crit Care Med 2016; 37(4): 538–54.
4. Pawełczyk M, Kowalski ML. The role of human parainfluenza virus infections in the immunopathology of the respiratory tract. Curr Allergy Asthma Rep 2017; 17(3): 16. (10 pages).
5. Kakizaki R, Tojo R, Bunya N, Mizuno H, Uemura S, Narimatsu E. A 48-year-old previously healthy man presenting with acute respiratory distress syndrome (ARDS), negative tests for SARS-CoV-2, and positive serology for parainfluenza virus type 3 (PIV-3). Am J Case Rep 2022; 23: e934362. (5 pages).
6. Xu M, Yue W, Song X, Zeng L, Liu L, Zheng J, et al. Epidemiological characteristics of parainfluenza virus type 3 and the effects of meteorological factors in hospitalized children with lower respiratory tract infection. Front Pediatr 2022; 10: 872199. (7 pages).

7. Kuitunen I, Artama M, Haapanen M, Renko M. Record high parainfluenza season in children after relaxation of COVID-19 restrictions in fall 2021: a nationwide register study in Finland. Influenza Other Respir Viruses 2022; 16(4): 613-6.
8. Tabatabai J, Schnitzler P, Prifert C, Schiller M, Weissbrich B, von Lilienfeld-Toal M, et al. Parainfluenza virus infections in patients with hematological malignancies or stem cell transplantation: analysis of clinical characteristics, nosocomial transmission and viral shedding. PLoS One 2022; 17(7): e0271756. (13 pages).
9. Parsons J, Korsman S, Smuts H, Hsiao NY, Valley-Omar Z, Gelderbloem T, et al. Human parainfluenza virus (HPIV) detection in hospitalized children with acute respiratory tract infection in the Western Cape, South Africa during 2014-2022 reveals a shift in dominance of HPIV 3 and 4 infections. Diagnostics 2023; 13(15): 2576. (13 pages).
10. DeGroote NP, Haynes AK, Taylor C, Killerby ME, Dahl RM, Mustaquim D, et al. Human parainfluenza virus circulation, United States, 2011-2019. J Clin Virol 2020; 124: 104261. (5 pages).
11. Lam TT, Tang JW, Lai FY, Zaraket H, Dbaibo G, Bialasiewicz S, et al. Comparative global epidemiology of influenza, respiratory syncytial and parainfluenza viruses, 2010–2015. J Infect 2019; 79(4): 373–82.
12. Oh DY, Biere B, Grenz M, Wolff T, Schweiger B, Dürrwald R, et al. Virological surveillance and molecular characterization of human parainfluenzavirus infection in children with acute respiratory illness: Germany, 2015–2019. Microorganisms 2021; 9(7): 1508. (22 pages).
13. Rakmanee K, Watthanachokchai T, Yutthanakarnwikom P, Pasomsub E. A ten-year retrospective study on patterns of pathogens in acute respiratory tract infection at Ramathibodi Hospital, Thailand. Bull Dept Med Sci 2025; 67(4): 611-24.
14. Shi W, Cui S, Gong C, Zhang T, Yu X, Li A, et al. Prevalence of human parainfluenza virus in patients with acute respiratory tract infections in Beijing, 2011–2014. Influenza Other Respir Viruses 2015; 9(6): 305–7.
15. Liu WK, Liu Q, Chen DH, Liang HX, Chen XK, Huang WB, et al. Epidemiology and clinical presentation of the four human parainfluenza virus types. BMC Infect Dis 2013; 13: 28. (8 pages).
16. Watthanachockchai T, Rakmanee K. Lysis of host cells and viral particles in extracting viral nucleic acids from human samples. Bull Dept Med Sci 2025; 67(3): 541-56.
17. Rakmanee K, Watthanachockchai T. Preservation of DNA and RNA for molecular biological diagnosis. Bull Dept Med Sci 2025; 67(3): 530-40.

A Decade of Parainfluenza Virus Infections: Retrospective Analysis of Respiratory Infections at Ramathibodi Hospital (2012–2022)

Treewat Watthanachockchai[1], **Kingkan Rakmanee**[1], **Pichet Yutthanakarnwikom**[1] **Manutsanun Boonyanuwat**[2], **Sirapichaya Phlykaew**[2], **Praphan Suksudej**[3], **Vorthunju Nakhonsri**[4], **Wuttipong Jaihan**[5], **and La-or Chailurkit**[6]

[1]*Department of Pathology, Faculty of Medicine, Ramathibodi Hospital, Mahidol University, Bangkok 10400, Thailand*

[2]*Department of Microbiology, Faculty of Science, Chulalongkorn University, Bangkok 10330, Thailand*

[3]*Molecular laboratory, Labhouse (Chonburi) Co., Ltd., Muang District, Chonburi 20000, Thailand*

[4]*National Biobank of Thailand, National Science and Technology Development Agency, Khlong Luang District, Pathum Thani 12120, Thailand*

[5]*Division of Biology, Faculty of Science and Technology, Rajamangala University of Technology Thanyaburi, Khlong Luang District, Pathum Thani 12110, Thailand*

[6]*Division of Endocrinology and Metabolism, Department of Medicine, Faculty of Medicine Ramathibodi Hospital, Mahidol University, Bangkok 10400, Thailand*

ABSTRACT The parainfluenza virus (PIV) is a leading cause of respiratory tract infections worldwide. There are four serotypes: PIV-1, PIV-2, PIV-3, and PIV-4. This study analyzed retrospective data from the Virology Laboratory at the Faculty of Medicine at Ramathibodi Hospital from 2012 to 2022, totaling 43,329 cases. The overall PIV infection rate was 9.10%, peaking in 2014 at 12.74%. Infections exhibited clear seasonal variation, with the highest number of cases occurring from January to June, with February recording the highest monthly infection rate (13.76%). PIV-3 was the most common serotype (46.16%), followed by PIV-1 (27.61%), PIV-4 (13.40%), and PIV-2 (12.38%) among infants, toddlers, and preschoolers. There was a statistically significant association with PIV infection (p = 0.021, OR = 3.90, 95% CI = 1.23–12.43; p = 0.012, OR = 4.44, 95% CI = 1.40–14.11; and p = 0.033, OR = 3.52, 95% CI = 1.10–11.24), and the highest incidence of PIV infection was found in toddlers. Gender and the timing of the pandemic were not associated with infection rates. Nasal swabs had a significantly lower chance of detecting PIV than nasopharyngeal swabs. This data can be used to prepare for potential future PIV outbreaks.

Keywords: Retrospective study, Parainfluenza virus, Respiratory virus, Ramathibodi Hospital