

การเฝ้าระวังสายพันธุ์เชื้อไวรัส SARS-CoV-2 ในพื้นที่เขตสุขภาพที่ 10
ระหว่าง มิถุนายน 2564 - ธันวาคม 2565
Surveillance of SARS-CoV-2 variant in 10th Public health region
during June 2021 - December 2022

ขวัญใจ วัจนะฮาด*, สุทธิศ จันทรพันธ์, วราภรณ์ ศิริเต็ม, สุรียา หมานมานะ
Khwanjai Wangkahat*, Sutit Junpan, Waraporn Siriterm, Suraiya Manmana

ศูนย์วิทยาศาสตร์การแพทย์ที่ 10 อุบลราชธานี
Regional Medical Sciences Center 10 Ubon Ratchathani

*Correspondence to: khwanjaiwang@gmail.com.

Received: Oct 30, 2023 | Revised: Jan 18, 2024 | Accepted: Jan 29, 2024

บทคัดย่อ

ตั้งแต่พบผู้ป่วยติดเชื้อโควิด-2019 คนแรกในประเทศไทย สถานการณ์การระบาดของเชื้อไวรัส SARS-CoV-2 กลายเป็นปัญหาสาธารณสุขที่สำคัญและเป็นภัยคุกคามที่รุนแรงโดยเฉพาะพบการกลายพันธุ์ชนิดใหม่ของเชื้อ ศูนย์วิทยาศาสตร์การแพทย์ที่ 10 อุบลราชธานีได้รวบรวมและศึกษาผลการตรวจวิเคราะห์สายพันธุ์เชื้อ SARS-CoV-2 ในพื้นที่เขตสุขภาพที่ 10 ได้แก่ อุบลราชธานี ศรีสะเกษ ยโสธร อำนาจเจริญ และมุกดาหาร โดยทำการศึกษาแบบย้อนหลัง ตัวอย่างป้ายคอ (throat swab) และป้ายโพรงจมูก (nasopharyngeal swab) ของผู้ป่วยที่ตรวจพบสารพันธุกรรมเชื้อ SARS-CoV-2 จำนวน 1,115 ตัวอย่าง ตั้งแต่ มิถุนายน 2564 ถึง ธันวาคม 2565 โดยนำมาตรวจหาตำแหน่งกลายพันธุ์ของเชื้อ SARS-CoV-2 ด้วยวิธี Single Nucleotide Polymorphism (SPN) genotyping assay ด้วยเครื่องเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรม Quant Studio™ 5 Real-Time PCR โดยใช้สถิติเชิงบรรยาย (descriptive statistics) วิเคราะห์ความถี่และร้อยละ ผลการศึกษาค้นพบว่า ตั้งแต่เดือนมิถุนายน 2564 พบสายพันธุ์ Alpha และสายพันธุ์ Delta ร้อยละ 60.98 และ 39.02 ตามลำดับ ในเดือนพฤศจิกายน 2564 พบสายพันธุ์ Delta มีการแพร่ระบาดเพิ่มขึ้นเป็นร้อยละ 100 และลดลงเนื่องจากพบการแพร่ระบาดของสายพันธุ์ Omicron ในเดือนธันวาคม 2564 ซึ่งพบร้อยละ 43.64 และเพิ่มขึ้นเป็นสายพันธุ์หลักในปี พ.ศ. 2565 ตั้งแต่เดือนมกราคม นอกจากนี้พบการแพร่ระบาดของสายพันธุ์ย่อยของ Omicron ได้แก่ BA.1, BA.2, BA.4/BA.5 และ BA.2.75 จากผลการศึกษาแสดงให้เห็นว่า สายพันธุ์เชื้อ SARS-CoV-2 ที่น่ากังวล ได้แก่ สายพันธุ์ Alpha, Delta และ Omicron โดยผลการศึกษาครั้งนี้มีความสอดคล้องกับข้อมูลการเฝ้าระวังสายพันธุ์ SARS-CoV-2 ของประเทศไทย นอกจากนี้ข้อมูลการศึกษาค้นครั้งนี้สามารถใช้เป็นประโยชน์ในระบบการเฝ้าระวังการระบาดของเชื้อ SARS-CoV-2 ในเขตสุขภาพที่ 10

คำสำคัญ: SARS-CoV-2, การเฝ้าระวังสายพันธุ์เชื้อไวรัส, การกลายพันธุ์, สายพันธุ์ที่น่ากังวล, เขตสุขภาพที่ 10

Abstract

Since the first reported COVID-2019 case in Thailand, severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 (SARS-CoV-2) infections have become a significant public health problem and a severity threat, especially due to the emergence of new SARS-CoV-2 variants. A retrospective study aims to surveillance for SARS-CoV-2 variants in the 10th Public Health Region, comprising Ubon Ratchathani, Srisaket, Yasothon, Amnatcharern, and Mukdahan. One thousand and one hundred fifteen detected SARS-CoV-2 samples from throat or nasopharyngeal swabs during June 2021 to December 2022 were investigated for SARS-CoV-2 variant by Single Nucleotide Polymorphism (SPN) genotyping assay. The amplification of specific products was performed in the Quant Studio™ 5 Real-Time PCR. Descriptive statistical analyses were performed using frequency and percentage. Since June 2021, the results showed that Alpha and Delta were 60.98% and 39.02%, respectively. In November 2021, Delta was founded to increase 100%. Omicron was first detected in December 2021, accounting for 43.64% of overall prevalence. However, Omicron's prevalence has increased and become a predominant variant since January 2022. In addition, Omicron subvariants: BA.1, BA.2, BA.4/BA.5 and BA.2.75 also appeared. Our results were showed SARS-CoV-2 variants of concern include Alpha, Delta and Omicron. The results in this study were consistent with sequencing surveillance database of Thailand. In addition, this information can be implemented to establish a monitory outbreak system used in the 10th Public Health Region.

Keywords: SARS-CoV-2, Virus surveillance, Variant, Variants of concern, the 10th Public Health Region

บทนำ

การติดเชื้อไวรัสซาร์ส-โควี-2 (Severe Acute Respiratory Syndrome-Coronavirus-2; SARS-CoV-2) เป็นสาเหตุก่อให้เกิดโรคติดเชื้อไวรัสโคโรนา 2019 (Coronavirus disease 2019 หรือ COVID-19) ซึ่งมีระยะฟักตัว เฉลี่ย 5-6 วัน ถึง 14 วัน สามารถแพร่กระจายเชื้อจากคนสู่คน โดยการสัมผัสกับสารคัดหลั่งจากทางเดินหายใจ หรือแพร่กระจายเชื้อของฝอยละอองน้ำมูก น้ำลาย จากผู้ป่วยที่มีเชื้อโดยการไอหรือจาม ผู้ที่ติดเชื้อ

ส่วนใหญ่ไม่แสดงอาการร้อยละ 45 ร้อยละ 10 ที่มีอาการรุนแรง เกิดภาวะปอดอักเสบ (Pneumonia) จนทำให้เสียชีวิตได้ โดยกลุ่มเสี่ยงที่พบจะมีภาวะปอดอักเสบรุนแรงจนเสียชีวิต⁽¹⁾ พบผู้ป่วยรายแรกด้วยโรคปอดอักเสบ ไม่ทราบสาเหตุ จากเมืองอู่ฮั่น (Wuhan) มณฑลหูเป่ย์ (Hubei) สาธารณรัฐประชาชนจีน เมื่อปลายเดือนธันวาคม 2562 การระบาดของโรคโควิด 19 ได้กระจาย เป็นวงกว้างอย่างรวดเร็ว จากเริ่มแรกมีการระบาดใน

สาธารณสุขรัฐประชาชนจีนเพียงประเทศเดียว ต่อมา ได้กระจายไปยังประเทศและภูมิภาคอื่นๆ ทั่วโลก โดยในวันที่ 11 มีนาคม 2563 องค์การอนามัยโลก จึงได้ประกาศให้โรคโควิด 19 เป็นโรคระบาดใหญ่ทั่วโลก (pandemic)⁽²⁾ ประเทศไทยเริ่มพบผู้ป่วยรายแรกเป็นนักท่องเที่ยวหญิงชาวจีน อายุ 61 ปี เข้ามาในประเทศไทย เมื่อเดือนมกราคม 2563⁽³⁾ นับแต่นั้นมา จึงเริ่มมีการระบาดภายในประเทศ องค์การอนามัยโลกร่วมมือกับพันธมิตรนานาชาติ เครือข่ายผู้เชี่ยวชาญ และนักวิจัยของหน่วยงานต่างๆ ทั่วโลก รวมถึงประเทศไทยติดตามและประเมินวิวัฒนาการของเชื้อไวรัส SARS-CoV-2 ตั้งแต่เดือนมกราคม 2563 การเฝ้าระวังสายพันธุ์ในประเทศไทยโดยกรมวิทยาศาสตร์การแพทย์ ได้เริ่มตั้งแต่เดือนเมษายน 2564 และในพื้นที่เขตสุขภาพที่ 10 ได้เฝ้าระวังสายพันธุ์การระบาดตั้งแต่มิถุนายน 2564

เชื้อไวรัส SARS-CoV-2 จัดอยู่ในจีนัสเบต้า โครนาไวรัส (Betacoronavirus) มีขนาด 60-140 นาโนเมตรหุ้มด้วยชั้นไขมัน มีสารพันธุกรรมเป็นชนิดอาร์เอ็นเอ (RNA) สายเดี่ยว แบบสายบวก (positive single-stranded RNA) ขนาดจีโนม 27-32 กิโลเบส (kb) ประกอบด้วยยีน ORF (open reading frame; ORF1a, ORF1ab), RdRp (RNA-dependent RNA polymerase gene), S (spike protein gene), E (envelope protein gene), M (membrane protein gene) และ N (nucleocapsid protein gene)^(4,5) โดยมีอัตราการกลายพันธุ์แบบไดนามิกสูงกว่าไวรัสอื่น⁽⁶⁾ ทั้งนี้เชื้อไวรัส SARS-CoV-2 ได้มีการจำแนกประเภทสายพันธุ์ออกเป็น 3 กลุ่ม ได้แก่ สายพันธุ์ที่น่ากังวล (Variants of Concern; VOCs), สายพันธุ์ที่น่าสนใจ (Variants of Interest; VOIs)

และสายพันธุ์ที่ต้องเฝ้าติดตาม (Variants Under Monitoring; VUMs)⁽⁷⁾ สำหรับกลุ่มสายพันธุ์ที่น่ากังวล (VOCs) เป็นกลุ่มที่มีการกลายพันธุ์ในระดับที่มีนัยสำคัญทางสาธารณสุข เนื่องจากมีความสามารถในการแพร่ระบาดเพิ่มขึ้น มีความรุนแรงหรือการเปลี่ยนแปลงทางคลินิกของโรค และมีผลทำให้วัคซีนมีประสิทธิภาพลดลง สายพันธุ์ในกลุ่มนี้ ได้แก่ Alpha (B.1.1.7), Beta (B.1.351), Gamma (P.1), Delta (B.1.617.2) และ Omicron (B.1.1.529) ส่วนกลุ่มสายพันธุ์ที่น่าสนใจ (VOIs) เป็นกลุ่มที่มีการเปลี่ยนแปลงทางพันธุกรรมหรือมีผลต่อคุณสมบัติของไวรัส เช่น ความสามารถในการแพร่กระจาย ความรุนแรงของโรค การหลบเลี่ยงภูมิคุ้มกัน การตรวจวินิจฉัย ประสิทธิภาพของยาหรือวัคซีน และมีผลกระทบทางระบาดวิทยา สายพันธุ์ในกลุ่มนี้ ได้แก่ Epsilon (B.1.427/B.1.429), Zeta (P.2), Eta (B.1.525), Theta (P.3), Iota (B.1.526), Lambda (C.37), Mu (B.1.621) และ Kappa (B.1.617.1)^(8,9,10)

ปัจจุบันเทคนิคที่นิยมในการตรวจหาการกลายพันธุ์ของเชื้อ SARS-CoV-2 คือวิธี Whole Genome Sequencing (WGS) ซึ่งเป็นวิธีมาตรฐานเนื่องจากการถอดรหัสพันธุกรรมทั้งจีโนมของสิ่งมีชีวิตเป้าหมาย ทำให้ได้ข้อมูลที่มีคุณภาพและมีความแม่นยำ ซึ่งสามารถนำมาใช้ในการพัฒนาวิธีตรวจวินิจฉัยโรค ยารักษาโรค และวัคซีนป้องกันโรคได้อย่างมีประสิทธิภาพ และมีความสำคัญเป็นอย่างมากในการบ่งชี้ชนิดของเชื้ออุบัติใหม่ แต่มีราคาแพง มีความซับซ้อนในกระบวนการตรวจวิเคราะห์ และต้องอาศัยผู้มีความรู้และเชี่ยวชาญเฉพาะด้านในการวิเคราะห์ผล⁽¹¹⁾ จึงได้มีการนำเทคนิค Single Nucleotide Polymorphism (SNP) genotyping assay มาประยุกต์ใช้ในการตรวจ

หาสายพันธุ์ของเชื้อ SARS-CoV-2 เนื่องจากวิธีนี้เป็นการตรวจหาบริเวณที่มีการเปลี่ยนแปลงลำดับนิวคลีโอไทด์ 1 ตำแหน่ง ซึ่งเป็นวิธีที่ง่าย ใช้เวลาในการตรวจวิเคราะห์น้อย และข้อมูลที่ได้มีความน่าเชื่อถือ จึงเหมาะสำหรับการตรวจหาสายพันธุ์ของเชื้อ SARS-CoV-2 ที่มีการกลายพันธุ์อย่างรวดเร็ว⁽¹²⁾

การศึกษานี้ได้รวบรวมและศึกษาผลการตรวจวิเคราะห์สายพันธุ์เชื้อ SARS-CoV-2 ในพื้นที่เขตสุขภาพที่ 10 ได้แก่ อุบลราชธานี ศรีสะเกษ ยโสธร อำนาจเจริญ และมุกดาหาร โดยทำการศึกษาแบบย้อนหลัง ตั้งแต่มิถุนายน 2564 ถึง ธันวาคม 2565 โดยใช้เทคนิค Single Nucleotide Polymorphism (SNP) genotyping assay และนำเสนอข้อมูลเป็นความถี่และร้อยละ เพื่อศึกษาแนวโน้มการกลายพันธุ์ของเชื้อ SARS-CoV-2 และเป็นข้อมูลใช้ประกอบการวางแผนงานในการควบคุม ติดตาม และป้องกันการระบาดของเชื้อ SARS-CoV-2 ในเขตสุขภาพที่ 10 ต่อไป

วิธีการศึกษา

การศึกษานี้เป็นการศึกษาแบบย้อนหลัง (retrospective study) โดยทำการเก็บรวบรวมข้อมูลการตรวจวิเคราะห์สายพันธุ์ของเชื้อ SARS-CoV-2 จากตัวอย่างผู้ป่วยที่ได้รับเชื้อ SARS-CoV-2 ระหว่างเดือนมิถุนายน 2564 ถึงเดือนธันวาคม 2565 ในเขตสุขภาพที่ 10 ประกอบด้วยจังหวัดมุกดาหาร อำนาจเจริญ ยโสธร ศรีสะเกษ และอุบลราชธานี โดยทำการจัดส่งตัวอย่างเพื่อตรวจวิเคราะห์ ณ ศูนย์วิทยาศาสตร์การแพทย์ที่ 10 อุบลราชธานี และได้กำหนดวิธีการดำเนินการวิจัยดังนี้

1. กลุ่มตัวอย่าง

เก็บรวบรวมข้อมูลผลการตรวจวิเคราะห์สายพันธุ์ของเชื้อ SARS-CoV-2 จากตัวอย่างผู้ป่วยที่ได้รับเชื้อ SARS-CoV-2 ในช่วงระยะเวลาตั้งแต่เดือนมิถุนายน 2564 ถึงเดือนธันวาคม 2565 จำนวน 1,115 ตัวอย่าง โดยขออนุมัติเข้าถึงข้อมูลจำนวน 1,115 ตัวอย่างที่มีการปรับข้อมูลระบุรหัสเรียงลำดับที่ 1 ถึง 1,115 ตามวันที่ได้ตรวจวิเคราะห์ซึ่งไม่มีข้อมูลประวัติส่วนบุคคล เช่น ชื่อ-สกุล รหัสประจำตัวผู้ป่วย ประวัติการป่วย ประวัติการรักษา เป็นต้น และไม่สามารถทวนสอบกลับไปยังข้อมูลเหล่านั้นได้โดยเป็นตัวอย่างป้ายคอ (Throat swab) หรือตัวอย่างป้ายโพรงจมูก (Nasopharyngeal swab) ที่ตรวจพบสารพันธุกรรมของเชื้อ SARS-CoV-2 (มีผล Real-time RT-PCR เป็นผลบวก) และทำการคัดเลือกตัวอย่างเพื่อตรวจหาสายพันธุ์ของเชื้อ SARS-CoV-2 โดยใช้หลักเกณฑ์การคัดเลือกตัวอย่าง ซึ่งเป็นตัวอย่างผู้มารับบริการ (ผู้ป่วยนอก และผู้ป่วยใน) ดังนี้

- ผู้ป่วยที่มีอาการระบบทางเดินหายใจ ผู้ป่วยปอดอักเสบ
- กลุ่มเดินทางมาจากต่างประเทศ รวมถึงต่างด้าวลักลอบเข้าเมือง
- กลุ่มผู้ที่ได้รับวัคซีนครบตามเกณฑ์ (Fully vaccinated)
- กลุ่มที่อาการรุนแรง และหรือ เสียชีวิตทุกราย
- กลุ่มที่มีภาวะภูมิคุ้มกันบกพร่อง
- กลุ่มบุคลากรทางการแพทย์
- กลุ่มผู้ที่เคยติดเชื้อมาก่อน (ติดเชื้อซ้ำ)
- คลัสเตอร์ใหม่ (มีจำนวนผู้ติดเชื้อมากกว่า 50 คนในคลัสเตอร์)
- ลักษณะอื่นๆ ที่สงสัยไวรัสสายพันธุ์ใหม่ เช่น ค่า Ct ต่ำกว่าปกติ

2. การตรวจวิเคราะห์สายพันธุ์ของเชื้อ SARS-CoV-2

การตรวจวิเคราะห์ตัวอย่างผู้ป่วย ได้แก่ ตัวอย่างป้ายคอ (Throat swab) หรือตัวอย่างป้ายโพรงจมูก (Nasopharyngeal swab) ใส่ในอาหารสำหรับนำส่งเชื้อไวรัส (Viral Transport Medium; VTM หรือ Universal Transport Medium; UTM) ซึ่งเป็นตัวอย่างที่ตรวจพบสารพันธุกรรมของเชื้อ SARS-CoV-2 จำนวน 1,115 ตัวอย่าง นำมาสกัดสารพันธุกรรมอาร์เอ็นเอ (RNA) โดยใช้ชุดสกัดน้ำยา Zymo Nucleic Acid Extraction Kit (Seegene, Korea) นำเข้าเครื่องสกัดอัตโนมัติ (Zymo EXM3000) และทำการตรวจหาสายพันธุ์ของเชื้อ SARS-CoV-2 ด้วยชุดน้ำยาสำเร็จรูป TaqMan™ Microbiome Mutation Assays (applied biosystems by Thermo Fisher Scientific) โดยใช้เทคนิค Single Nucleotide Polymorphism (SNP) genotyping assay และทำการตรวจวิเคราะห์ด้วยเครื่องเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรม Quant Studio™ 5 Real-Time PCR ซึ่งเป็นการตรวจหาตำแหน่งกลายพันธุ์ของเชื้อ SARS-CoV-2 จำนวน 9 ตำแหน่ง ได้แก่ L452R, E484Q, E484K, K417N, K417T, Del69H70, G339D, Q493R และ L452Q ซึ่งเป็นตำแหน่งที่มีความแตกต่างกันและสามารถใช้เป็นตำแหน่งอ้างอิงในการจำแนกสายพันธุ์ของเชื้อ SARS-CoV-2 ได้ โดยตำแหน่งเหล่านี้อ้างอิงจาก GISAID

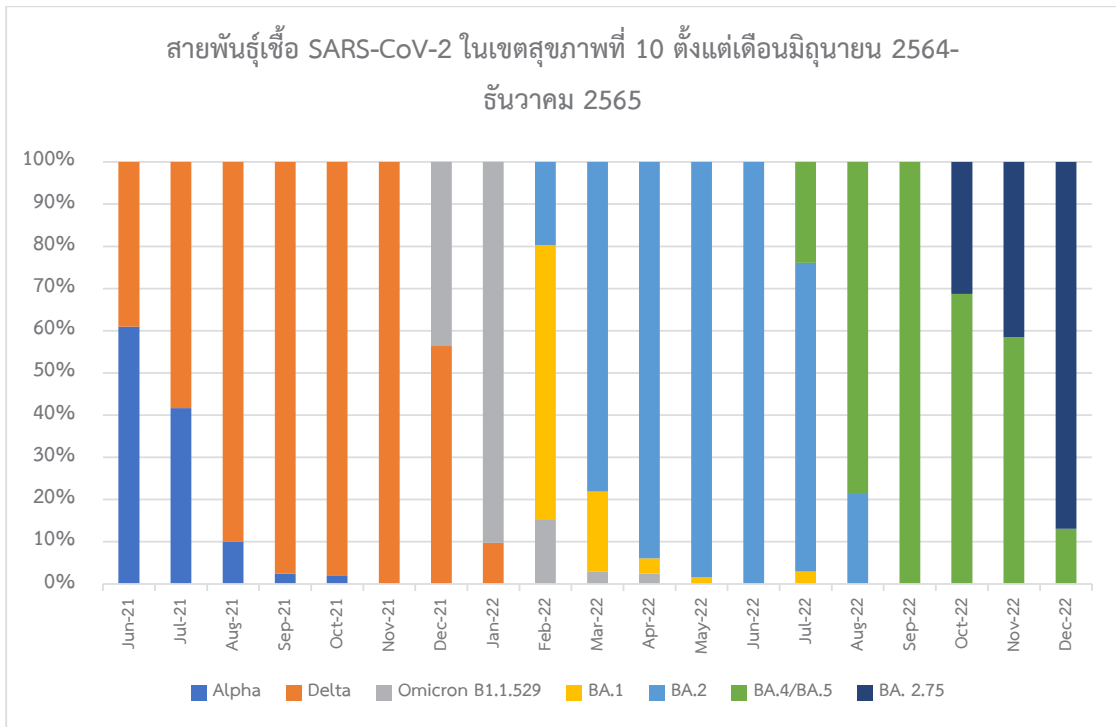
ที่มีการแสดงระบุตำแหน่ง lineage comparison ของเชื้อ SARS-CoV-2

3. การวิเคราะห์ข้อมูล

สำหรับข้อมูลการตรวจหาสายพันธุ์ของเชื้อ SARS-CoV-2 ของเขตสุขภาพที่ 10 นำมาวิเคราะห์โดยใช้โปรแกรม Excel ในการวิเคราะห์โดยใช้สถิติเชิงบรรยาย (descriptive statistics) วิเคราะห์ความถี่และร้อยละ

ผลการศึกษา

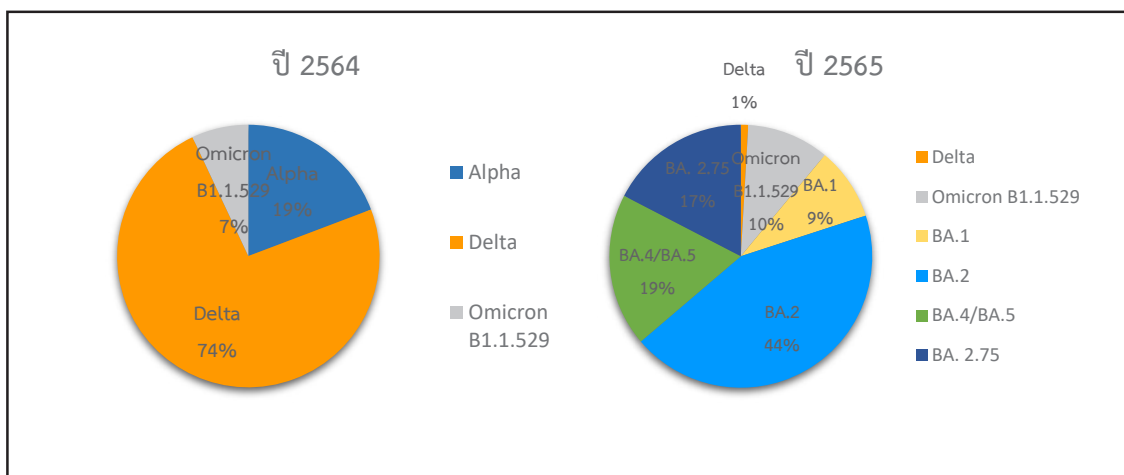
จากการศึกษาการระบาดของสายพันธุ์ของเชื้อ SARS-CoV-2 ในพื้นที่เขตสุขภาพที่ 10 ตั้งแต่เดือนมิถุนายน 2564 ถึงเดือนธันวาคม 2565 พบว่าเดือนมิถุนายน 2564 พบสายพันธุ์แอลฟา 60.98% (25/41) มากกว่าสายพันธุ์เดลต้า 39.02% (16/41) โดยสายพันธุ์เดลต้ามีอัตราการระบาดเพิ่มสูงขึ้นและเพิ่มเป็น 100% ในเดือนพฤศจิกายน 2564 นอกจากนี้ในช่วงปลายเดือนธันวาคม 2564 ได้พบการระบาดของเชื้อสายพันธุ์ใหม่คือ สายพันธุ์โอมิครอน คิดเป็น 43.64% (24/55) อัตราการแพร่ระบาดของสายพันธุ์โอมิครอนได้เพิ่มขึ้นอย่างรวดเร็วและเพิ่มเป็น 100% ตั้งแต่เดือนกุมภาพันธ์ 2565 ทั้งนี้ยังพบสายพันธุ์ย่อยของโอมิครอน คือ BA.1 และ BA.2 ส่วนสายพันธุ์ย่อย BA.4/BA.5 พบในเดือนกรกฎาคม 2565 และสายพันธุ์ย่อย BA.2.75 พบในเดือนตุลาคม 2565 (ภาพที่ 1)



ภาพที่ 1 แผนภูมิแสดงสายพันธุ์เชื้อ SARS-CoV-2 ในเขตสุขภาพที่ 10 ตั้งแต่เดือนมิถุนายน 2564 - ธันวาคม 2565

การระบาดของสายพันธุ์เชื้อ SARS-CoV-2 ในปี 2564 พบสายพันธุ์ที่ระบาดคือสายพันธุ์แอลฟา (19%) สายพันธุ์เดลต้า (74%) และสายพันธุ์โอมิครอน (7%) ในขณะที่ในปี 2565 พบสายพันธุ์เดลต้า (1%) และสายพันธุ์โอมิครอน (99%)

โดยสายพันธุ์ย่อย BA.1, BA.2, BA.4/BA.5 และ BA.2.75 คิดเป็นร้อยละ 9 ร้อยละ 44 ร้อยละ 19 และร้อยละ 17 ตามลำดับ (ภาพที่ 2)



ภาพที่ 2 แผนภูมिवงกลมแสดงสายพันธุ์เชื้อ SARS-CoV-2 ที่พบในเขตสุขภาพที่ 10 (A) ปี 2564 และ (B) ปี 2565

วิจารณ์

การศึกษาการเปลี่ยนแปลงลำดับจีโนมโหปี Single Nucleotide Polymorphisms (SNP) ซึ่งเป็นทางเลือกหนึ่งในการศึกษาการกลายพันธุ์ของเชื้อ SARS-CoV-2 ที่กระจายอยู่ในช่วงที่มีการระบาด เป็นวิธีที่ให้ผลรวดเร็ว ค่าใช้จ่ายน้อย และให้ผลลัพธ์ที่น่าพอใจเมื่อเทียบกับการศึกษาโดยวิธี Whole genome sequencing⁽¹²⁻¹⁴⁾ ซึ่งใช้เวลานานและค่าใช้จ่ายสูง สามารถนำมาเป็นเครื่องมือในการเฝ้าระวังและติดตามสายพันธุ์ของเชื้อไวรัสที่ได้

จากข้อมูลการศึกษาติดตามการเฝ้าระวังสายพันธุ์เชื้อ SARS-CoV-2 เขตสุขภาพที่ 10 ตั้งแต่เดือนมิถุนายน 2564 ถึงธันวาคม 2565 พบสายพันธุ์ที่น่ากังวล (Variants of Concern) ที่ระบาดในเขตสุขภาพที่ 10 คือ สายพันธุ์ Alpha, Delta และ Omicron สายพันธุ์ย่อยของโอมิครอน คือ BA.1, BA.2, BA.4/BA.5 และ BA.2.75 ผลการศึกษานี้สอดคล้องกับข้อมูลการเฝ้าระวังสายพันธุ์ของเชื้อ SAR-CoV-2 ที่พบในประเทศไทย (SARS-CoV-2 variants in Thailand) โดยกรมวิทยาศาสตร์การแพทย์⁽¹⁵⁾ โดยการระบาดของเชื้อ SARS-CoV-2 ในประเทศเริ่มจากกลุ่มนักท่องเที่ยวชาวจีน ทำให้ระยะแรกสายพันธุ์ที่พบจึงเป็นสายพันธุ์ดั้งเดิมหรือสายพันธุ์อื่น ต่อมาพบการระบาดของสายพันธุ์แอลฟาจากกลุ่มนักท่องเที่ยวสถานบันเทิงและสนามมวย⁽¹⁶⁾ ถัดมาได้เปลี่ยนเป็นสายพันธุ์เดลต้า ซึ่งสัมพันธ์กับกลุ่มคนงานที่แคมป์คนงานหลักสี่ กทม. และการเดินทางกลับภูมิลำเนาของผู้ใช้แรงงาน⁽¹⁷⁾ ส่งผลให้สายพันธุ์เดลต้ากระจายตัวทั่วทุกจังหวัดอย่างรวดเร็ว ในช่วงปลายปี 2565 พบการระบาดของสายพันธุ์โอมิครอนในพื้นที่เขตสุขภาพที่ 10 เป็นวงกว้างและ

สามารถแทนที่สายพันธุ์เดลต้าได้ในเวลารวดเร็ว สอดคล้องกับธรรมชาติของเชื้อ SARS-CoV-2 สายพันธุ์โอมิครอนซึ่งมีการกลายพันธุ์มากกว่า 30 ตำแหน่งบริเวณ Spike protein gene ส่งผลให้การแพร่กระจายของเชื้อง่ายขึ้น สามารถหลบภูมิคุ้มกันได้ดียิ่งขึ้น และความรุนแรงของโรคน้อยลง^(18,19) ผู้ติดเชื้อมักไม่แสดงอาการหรืออาการไม่รุนแรง ทั้งนี้ยังพบการระบาดของสายพันธุ์ย่อยของโอมิครอน คือ BA.1, BA.2, BA.4/BA.5 และ BA.2.75 อีกด้วย ทั้งนี้อัตราการแพร่ระบาดของเชื้อแต่ละสายพันธุ์สัมพันธ์กับค่าระดับการติดเชื้อพื้นฐาน (Basic Reproduction Number: R0) ซึ่งแสดงความสามารถในการแพร่เชื้อตามธรรมชาติของเชื้อ SARS-CoV-2 จากจำนวนคนเฉลี่ยที่ผู้ติดเชื้อ 1 คน สามารถแพร่เชื้อไปยังกลุ่มประชากรที่ไม่มีภูมิคุ้มกัน⁽²⁰⁾ นอกจากนี้ในพื้นที่เขตสุขภาพที่ 10 ไม่พบการรายงานการระบาดของสายพันธุ์เบต้า โดยการระบาดของสายพันธุ์เบต้าในประเทศไทยพบการรายงานในพื้นที่จังหวัดในภาคใต้ของประเทศไทย ซึ่งเกี่ยวข้องกับการลักลอบเข้าเมืองอย่างผิดกฎหมายผ่านชายแดนไทยมาเลเซียและการชุมนุมร่วมกิจกรรมทางศาสนาอิสลามในพื้นที่ภาคใต้⁽¹⁾

ผลการศึกษารั้งนี้ พบว่า แต่ละสายพันธุ์ของเชื้อ SARS-CoV-2 จะมีการแพร่ระบาดอยู่ช่วงระยะเวลาหนึ่งและหลังจากนั้นจะมีการกลายพันธุ์ของเชื้อ SARS-CoV-2 เป็นสายพันธุ์ใหม่ โดยที่สายพันธุ์ใหม่จะมีความเร็วในการแพร่ระบาดและส่งผลต่อการติดเชื้อที่แตกต่างกัน ซึ่งสามารถใช้เป็นข้อมูลประกอบการวางแผนทางในการควบคุมติดตาม และป้องกันการระบาดของเชื้อ SARS-CoV-2 ในเขตสุขภาพที่ 10 ต่อไป

กิตติกรรมประกาศ

งานวิจัยฉบับนี้สำเร็จลงได้ด้วยดี เนื่องจากได้รับความช่วยเหลือในการจัดส่งตัวอย่างจากเจ้าหน้าที่ทุกท่านที่ปฏิบัติหน้าที่ในทุกภาคส่วนของเขตสุขภาพที่ 10 ได้แก่ อุบลราชธานี ศรีสะเกษ ยโสธร อำนาจเจริญ และมุกดาหาร

เอกสารอ้างอิง

1. Chantutanon S, Sangsawang Ch. 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. Bulletin of the Department of Medical Science 2022; 64(2):81-92.
2. Hua J, Shaw R. Corona Virus (COVID-19) “Infodemic” and Emerging Issues through a Data Lens: The Case of China. International Journal of Environmental Research and Public Health 2020; 17(7):2309.
3. Wang MY, Zhao R, Gao LJ, Gao XF, Wang DP, Cao JM. SARS-CoV-2: structure, biology, and structure-based therapeutics development. Front Cell Infect Microbiol 2020; 10:587269. doi:10.3389/fcimb.2020.587269
4. Tu YF, Chien CS, Yarmishyn AA, Lin YY, Luo YH, Lin YT, et al. A review of SARS-CoV-2 and the ongoing clinical trials. Int J Mol Sci 2020; 21(7):2657-70. doi:10.3390/ijms21072657
5. มานี นี จิตตกานต์พิชัย. ปฐมบท COVID-19. วารสารกรมวิทยาศาสตร์การแพทย์ 2563; 62(1):1-5.
6. Yin C. Genotyping coronavirus SARS-CoV-2: methods and implications. Genomics 2020 Sep; 112(5):3588-96. doi:10.1016/j.ygeno.2020.04.016
7. Choi JY, Smith DM. SARS-CoV-2 Variants of Concern. Yonsei Med J 2021 Nov; 62(11): 961-8. doi:10.3349/ymj.2021.62.11.961
8. Aleem A, Akbar Samad AB, Vaqar S. Emerging Variants of SARS-CoV-2 and Novel Therapeutics Against Coronavirus (COVID-19). StatPearls [Internet]. 2023. [cited 2023 Oct 18]. Available from: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK570580>
9. Ahmad A, Fawaz MAM, Aisha A. A comparative overview of SARS-CoV-2 and its variants of concern. Infez Med 2022; 30(3):328-43. doi:10.53854/liim-3003-2
10. Angel YT, Jodi WL, Priyia P, Vengadesh L, Chan K, Lee L. Emerging SARS-CoV-2 Variants of Concern (VOCs): An Impending Global Crisis. Biomedicines 2021; 9:1303-28.
11. Chiara M, D’Erchia A, Gissi C, Manzari C, Parisi A, Resta N, et al. Next generation sequencing of SARS-CoV-2 genomes: challenges, applications and opportunities. Briefings in Bioinformatics 2021; 22(2): 616–30.

12. Harper H, Burridge A, Winfield M, Finn A, Davidson A, Matthews D, et al. Detecting SARS-CoV-2 variants with SNP genotyping. *PloS one* 2021; 16(2):e0243185.
13. Henriques-Santos BM, Farjun B, Corrêa IA, Figueiredo JB, Fidalgo-Neto AA, Kuriyama SN. SARS-CoV-2 Variant Determination Through SNP Assays in Samples From Industry Workers From Rio de Janeiro, Brazil. *Front Microbiol* 2022; 12:757783. doi:10.3389/fmicb.2021.757783
14. Sit BHM, Po KHL, Cheung YY, Tsang AKL, Leung PKL, Zheng J, et al. Detection of SARS-CoV-2 VOC-Omicron using commercial sample-to-answer real-time RT-PCR platforms and melting curve-based SNP assays. *J Clin Virol Plus* 2022; 2(3):100091. doi:10.1016/j.jcvp.2022.100091
15. กรมวิทยาศาสตร์การแพทย์. ข้อมูลการเฝ้าระวังสายพันธุ์ของเชื้อ SAR-CoV-2 ที่พบในประเทศไทย (SARS-CoV-2 variants in Thailand) โดยกรมวิทยาศาสตร์การแพทย์ [อินเทอร์เน็ต]. [เข้าถึงเมื่อ 18 ต.ค. 2566]. เข้าถึงได้จาก: <https://www.data.go.th/dataset/sars-cov-2-variants>
16. พิไลลักษณ์ อัครไพฑูริย์เอกาตะ, สิริภรณ์ พุกกัน, สิทธิพร ปานเม่น, ธนัสภา ธนเดชากุล, สิริชล กาละ, วันดี มีฉลาด และคณะ. การศึกษาจีโนมของเชื้อ SARS-CoV-2 ที่พบ ณ สนามมวยและสถานบันเทิงในเขตกรุงเทพมหานครของประเทศไทย. *วารสารกรมวิทยาศาสตร์การแพทย์* 2020; 62(3):133-42.
17. รพีพรรณ รัตนวงศ์นรา มอร์ด. มาทำความรู้จักโควิดกลายพันธุ์ โดยเฉพาะสายพันธุ์เดลต้าตัวที่แกร่งที่สุดและแพร่เชื้อได้ไวที่สุดในตอนนี้ [อินเทอร์เน็ต]. 25 สิงหาคม 2021. [เข้าถึงเมื่อ 18 ต.ค. 2566]. เข้าถึงได้จาก: <https://www.rama.mahidol.ac.th/ramachannel/article>
18. Dhawan M, Saied AA, Mitra S, Alhumaydhi FA, Emran TB, Wilairatana P. Omicron variant (B.1.1.529) and its sublineages: What do we know so far amid the emergence of recombinant variants of SARS-CoV-2. *Biomed Pharmacother* 2022; 154:113522. doi:10.1016/j.biopha.2022.113522
19. Dhawan M, Priyanka, Choudhary OP. Omicron SARS-CoV-2 variant: Reasons of emergence and lessons learnt. *Int J Surg* 2022; 97:106198. doi:10.1016/j.ijssu.2021.106198
20. บวรศม สิริระพันธ์, ระพีพงศ์ สุพรรณไชยมาตย์, พาสัน พิฆิตรพิทย์, แพรวนภา พันธุ์สวัสดิ์, วรรัตน์ ใจชื่น, วรสิทธิ์ ศรศรีวิชัย และคณะ. รายงานวิจัย เรื่องการพัฒนาแบบจำลองบูรณาการระบบการแก้ไขปัญหาโรคติดเชื้อไวรัสโคโรนา 2019 เพื่อสนับสนุนกระบวนการตัดสินใจเชิงนโยบาย. สถาบันวิจัยระบบสาธารณสุข; 2563.