

การเฝ้าระวังสายพันธุ์เชื้อไวรัสไข้เลือดออกในประเทศไทย

Dengue genotyping surveillance in Thailand

นางสาวพัชรินทร์ บุญอินทร์

กองโรคติดต่อนำโดยแมลง กรมควบคุมโรค กระทรวงสาธารณสุข

ไข้เลือดออกเป็นปัญหาสำคัญของสาธารณสุขไทย เกิดจากยุงลายพาหะที่มีเชื้อไวรัสเดงกีมากที่สุด ผู้ป่วยส่วนใหญ่มักไม่แสดงอาการหรือมีอาการไข้เล็กน้อย แต่บางรายอาจมีอาการไข้เลือดออกรุนแรง ซึ่งอาจมีอาการช็อก มีเลือดออกรุนแรง หรืออวัยวะเสียหาย ไวรัสเดงกีประกอบไปด้วย 4 ซีโรทัยป์ (serotype) และแยกย่อยเป็น 20 สายพันธุ์ (genotype) ซึ่งประเทศไทยสามารถพบไข้เลือดออกได้ทั้ง 4 ซีโรทัยป์ โดยในปัจจุบันนี้ เทคโนโลยีทางด้านการทำลำดับเบสในเชื้อก่อโรค ซึ่งใช้เป็นวิธีการตรวจหาสายพันธุ์ของไวรัสเดงกี จากตัวอย่างเลือดงานเฝ้าระวังไวรัสโรคติดต่อนำโดยยุงลาย ปี 2564-2566 ทั้งสิ้น 53 ตัวอย่าง จากจังหวัดเชียงใหม่ แม่ฮ่องสอน ลำปาง ตาก พิษณุโลก พระนครศรีอยุธยา ระยอง ร้อยเอ็ด สุรินทร์ กาฬสินธุ์ นครราชสีมา และกรุงเทพมหานคร (ตารางที่ 1) นำมาทำลำดับเบสในส่วน Envelop gene ของเชื้อไวรัสเดงกี และสร้างแผนภูมิต้นไม้ หรือ phylogenetic tree เพื่อหาสายพันธุ์และแสดงให้เห็นถึงการวิวัฒนาการของเชื้อไวรัส¹

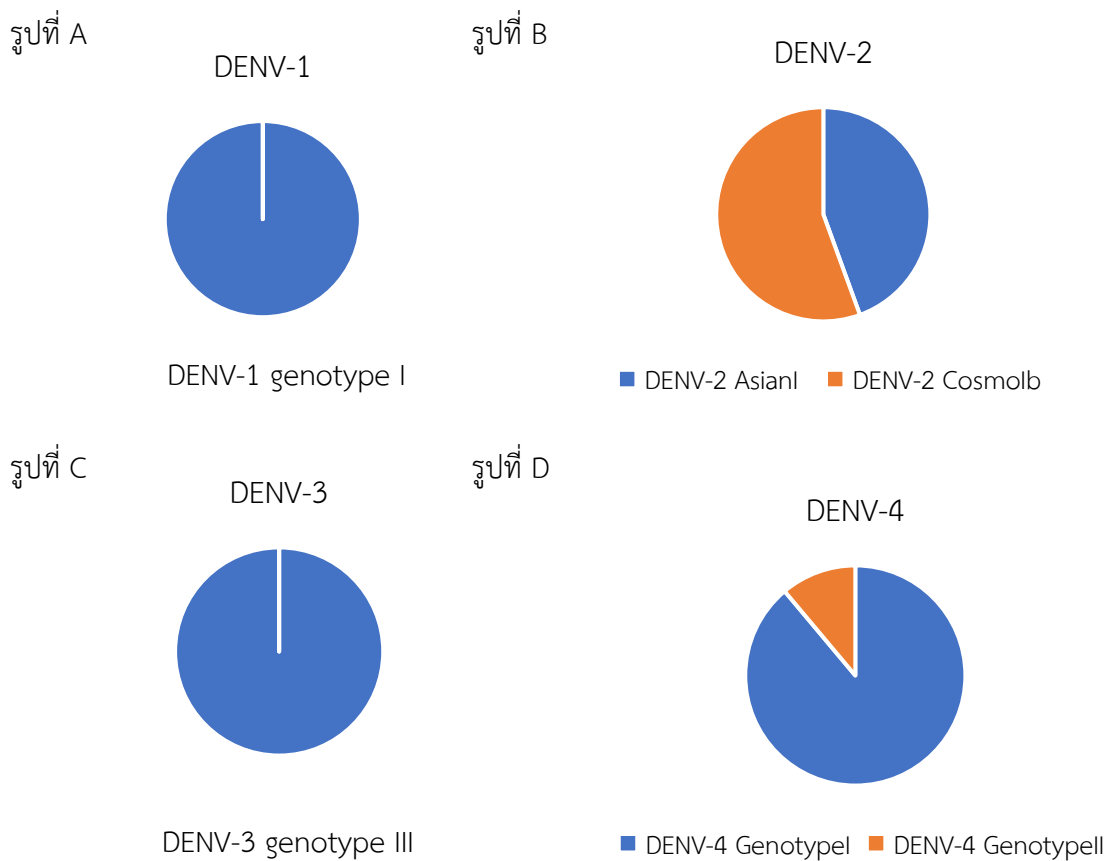
ตารางที่ 1 จำนวนตัวอย่างที่ตรวจหาสายพันธุ์ของไวรัสเดงกีในแต่ละจังหวัด

จังหวัด	DENV-1	DENV-2	DENV-3	DENV-4	รวม
พระนครศรีอยุธยา	3	1			4
กรุงเทพมหานคร	2	1	1	1	5
เชียงใหม่	1		3		4
กาฬสินธุ์	4	4			8
ลำปาง	1				1
แม่ฮ่องสอน	2		1		3
นครราชสีมา	6		1	3	10
พิษณุโลก	2	1		2	5
ระยอง	2			4	6
ร้อยเอ็ด		1		2	3
สุรินทร์	1				1
ตาก		1			1
ยะลา	1			1	2
รวม	25	9	6	13	53

ผลจากการวิเคราะห์หาสายพันธุ์ของทั้ง 4 ซีโรทัยป์ พบ Dengue serotype 1 (รูปที่ A) แยกได้ genotype I ทั้งหมด 25 ตัวอย่าง (ร้อยละ 100) (แม่ฮ่องสอน ลำปาง พระนครศรีอยุธยา กาฬสินธุ์ และนครราชสีมา) โดย 24 ตัวอย่าง มีความสัมพันธ์ใกล้เคียงกับตัวอย่างเชื้อไวรัสที่อยู่ในฐานข้อมูลออนไลน์จากประเทศไทย จีน เวียดนาม และสิงคโปร์ ปี 2556-2557 และ 1 ตัวอย่างจากจังหวัดนครราชสีมา มีความสัมพันธ์ใกล้เคียงกับตัวอย่างเชื้อไวรัสที่อยู่ในฐานข้อมูลออนไลน์จากฮาวาย ปี 2487 Dengue serotype 2 (รูปที่ B) ทั้งหมด 9 ตัวอย่าง แยก

¹ Sy, Ava Kristy, et al. "Genetic Diversity and Dispersal of DENGUE Virus among Three Main Island Groups of the Philippines during 2015–2017." *Viruses* 15.5 (2023): 1079.

ได้ Asian genotype I จำนวน 4 ตัวอย่าง (ร้อยละ 44) (พิษณุโลก ร้อยเอ็ด ตาก กรุงเทพมหานคร) มีความสัมพันธ์ใกล้เคียงกับตัวอย่างเชื้อไวรัสที่อยู่ในฐานข้อมูลออนไลน์จากประเทศมาเลเซีย และสิงคโปร์ ปี 2556-2557 และ Cosmopolitan genotype จำนวน 5 ตัวอย่าง (ร้อยละ 56) (พระนครศรีอยุธยาและกาฬสินธุ์) มีความสัมพันธ์ใกล้เคียงกับตัวอย่างเชื้อไวรัสที่อยู่ในฐานข้อมูลออนไลน์จากประเทศไต้หวัน และเมียนมา ปี 2556-2557 Dengue serotype 3 (รูปที่ C) แยกได้ genotype III ทั้งหมด 6 ตัวอย่าง (ร้อยละ 100) (เชียงใหม่ แม่ฮ่องสอน นราธิวาส และกรุงเทพมหานคร) มีความสัมพันธ์ใกล้เคียงกับตัวอย่างเชื้อไวรัสที่อยู่ในฐานข้อมูลออนไลน์จากประเทศสิงคโปร์ ปี 2556-2557 และ Dengue serotype 4 (รูปที่ D) ทั้งหมด 13 ตัวอย่าง แยกได้ genotype I จำนวน 12 ตัวอย่าง (ร้อยละ 89) (พิษณุโลก ระยอง ร้อยเอ็ด นราธิวาส ยะลา และ กรุงเทพมหานคร) มีความสัมพันธ์ใกล้เคียงกับตัวอย่างเชื้อไวรัสที่อยู่ในฐานข้อมูลออนไลน์จากประเทศเมียนมา และสิงคโปร์ ปี 2556-2557 และ genotype II จำนวน 1 ตัวอย่าง (ร้อยละ 11) (ระยอง) มีความสัมพันธ์ใกล้เคียงกับตัวอย่างเชื้อไวรัสที่อยู่ในฐานข้อมูลออนไลน์จากประเทศอินโดนีเซีย ปี 2556-2557



รูปที่ 1 แผนรูปแสดงสัดส่วนสายพันธุ์ของไวรัสเดงกีที่พบในประเทศไทย

การดำเนินการเฝ้าระวังสายพันธุ์ของไวรัสเดงกีในประเทศไทย ทำให้เห็นถึงความแตกต่างของเชื้อไวรัสเดงกีในแต่ละพื้นที่ ซึ่งควรดำเนินการเก็บข้อมูลอย่างต่อเนื่อง เพื่อเป็นการเฝ้าระวังการเปลี่ยนแปลงของสายพันธุ์ หรือการเกิดสายพันธุ์ใหม่ขึ้นในพื้นที่การระบาดของโรค ซึ่งอาจจะส่งผลกระทบต่อความรุนแรงของโรค ประสิทธิภาพของวัคซีน การควบคุม ป้องกันจากสายพันธุ์ที่มีความสามารถในการเพิ่มปริมาณอย่างรวดเร็ว และนำข้อมูลที่ได้มาใช้เป็นมาตรการควบคุม ป้องกันโรคไข้เลือดออกที่เหมาะสมในแต่ละพื้นที่ของประเทศไทยต่อไป