



รายงานการเฝ้าระวังทางระบาดวิทยาประจำสัปดาห์  
Weekly Epidemiological Surveillance Report, Thailand

ปีที่ 51 ฉบับที่ 12 : 3 เมษายน 2563

Volume 51 Number 12 : April 3, 2020

กองระบาดวิทยา กรมควบคุมโรค กระทรวงสาธารณสุข / Division of Epidemiology, Department of Disease Control, Ministry of Public Health



บทความพิเศษ

## คำถาม-คำตอบ เรื่อง ความเชื่อมโยงของเชื้อไวรัสโคโรนา 2019 (novel coronavirus 2019: COVID-19) และโรคติดต่อระหว่างสัตว์และคน

✉ soawapak@gmail.com

เรียบเรียงโดย เสาวพัทธ์ อึ้งจ้อย<sup>1</sup>, รัตนพร ตั้งวังวิวัฒน์<sup>2</sup>, สุธิตา ม่วงน้อยเจริญ<sup>3</sup>, พรชัย ทุมรินทร์<sup>1</sup>, ปภัสสร ภิญญไพพรพาณิชย์<sup>2</sup>, ชฎาภรณ์ เพียรเจริญ<sup>2</sup>, วีรพงษ์ ธนพงศ์ธรรม<sup>4</sup>  
<sup>1</sup>สำนักงานความร่วมมือระหว่างประเทศ กรมควบคุมโรค <sup>2</sup>กองโรคติดต่อทั่วไป กรมควบคุมโรค <sup>3</sup>กองระบาดวิทยา กรมควบคุมโรค <sup>4</sup>สำนักควบคุม ป้องกัน และบำบัดโรคสัตว์ กรมปศุสัตว์

คำถาม-คำตอบ มีรายละเอียดดังต่อไปนี้

### 1. เชื้อชนิดใหม่สามารถก่อโรคในสัตว์ได้หรือไม่

Coronavirus เป็นไวรัสชนิด RNA virus มีลักษณะคล้ายมงกุฎ (Crown) หรือรัศมีของดวงอาทิตย์จึงได้ชื่อว่า Coronavirus ไวรัสชนิดนี้สามารถก่อให้เกิดโรคในคนและในสัตว์หลากหลายชนิด โดยมีอาการของโรคที่แตกต่างกันไป เช่น ในสุนัขจะก่อโรคทางระบบทางเดินอาหารเป็นหลัก ทำให้สุนัขที่ป่วยจะมีอาการอาเจียนและท้องเสีย ส่วนในแมวก่อให้เกิดโรคเยื่อช่องท้องอักเสบ (Feline Infectious Peritonitis: FIP) ไวรัสชนิดนี้ยังก่อโรคของระบบทางเดินอาหารในกลุ่มของสัตว์เคี้ยวเอื้องได้อีกด้วย

สำหรับการก่อโรคในค้างคาว มีรายงานการตรวจพบเชื้อครั้งแรกในปี พ.ศ. 2554<sup>[1]</sup> ต่อมาในปี พ.ศ. 2558 ได้มีการตรวจพบเชื้อ Coronavirus ทั้ง B Betacoronavirus (SARS-CoV related) และ D Betacoronavirus ในค้างคาวบริเวณภาคตะวันออกเฉียงเหนือของประเทศไทย ซึ่งพบได้ในค้างคาวสปีชีส์ที่แตกต่างกัน กล่าวได้ว่า เชื้อ Coronavirus ในค้างคาวไม่ได้มีความจำเพาะต่อสปีชีส์ของโฮสต์<sup>[2]</sup> นอกจากนี้ตามรายงานการสำรวจของโครงการ PREDICT<sup>[3]</sup> ได้ตรวจพบเชื้อ Betacoronavirus ใน

ค้างคาวแม่ไก่ภาคกลาง (จังหวัดชลบุรี) และในค้างคาวปากย่นในจังหวัดราชบุรี ซึ่งไวรัสนี้มีความสัมพันธ์ใกล้ชิดทางพันธุกรรมกับเชื้อ MERS ที่ก่อโรคในคน

การก่อโรคในคน เชื้อ Coronavirus ที่พบบ่อยในคนมีอยู่ 4 สายพันธุ์คือ 229E, NL63, OC43 และ HKU1 แต่มีอีก 2 สายพันธุ์ที่มีก่อให้เกิดโรคระบาดมาก่อนหน้า คือ โรค SARS ระบาดในปี พ.ศ. 2545-2546 และโรค MERS ระบาดในปี พ.ศ. 2555<sup>[4]</sup>

### 2. ทำไมเกิดข้อสงสัยของความสัมพันธ์เชื้อ COVID-19 และการเป็นโรคติดต่อระหว่างสัตว์และคน

จากการศึกษาลักษณะทางพันธุกรรมของเชื้อ COVID-19 ที่ได้จากคนไข้ 5 คนที่เริ่มป่วยตั้งแต่ระยะต้นของการระบาด (แยกเชื้อได้จากสารน้ำล้างหลอดลมถุงลมปอด (bronchoalveolar lavage fluid)) พบว่าเชื้อไวรัส COVID-19 มีลักษณะคล้ายคลึงกับเชื้อไวรัส SARS-CoV ถึงร้อยละ 79.5 โดยจากการวิเคราะห์เบื้องต้น เชื้อไวรัส COVID-19 อาจมีลักษณะของกรดอะมิโนบางส่วนคล้ายกับ ไวรัส SARS-CoV และอาจจะสามารถเกาะติดกับตัวรับที่อยู่บนผิวเซลล์ของมนุษย์ ซึ่งเป็นโปรตีน เรียกว่า ACE2 เหมือนกับไวรัส SARS-CoV



◆ คำถาม-คำตอบ เรื่อง ความเชื่อมโยงของเชื้อไวรัสโคโรนา 2019 (novel coronavirus 2019: COVID-19) และโรคติดต่อระหว่างสัตว์และคน	177
◆ สรุปการตรวจข่าวการระบาดของโรคในรอบสัปดาห์ที่ 12 ระหว่างวันที่ 22-28 มีนาคม 2563	181
◆ ข้อมูลรายงานโรคเฝ้าระวังทางระบาดวิทยาประจำสัปดาห์ที่ 12 ระหว่างวันที่ 22-28 มีนาคม 2563	183

นอกจากนั้น เชื้อไวรัส COVID-19 มีลักษณะทางพันธุกรรม หรือ genome ที่คล้ายคลึงกับเชื้อ Coronavirus ที่พบในค้างคาว มากถึงร้อยละ 96 [5] ผลการวิเคราะห์สายพันธุ์กรรม (phylogenetic tree) โดย Zhu และคณะ [6] แสดงให้เห็นว่าเชื้อที่เป็นสาเหตุนี้ จัดเป็น Coronavirus ในกลุ่ม Betacoronavirus แต่อยู่คนละกลุ่มย่อยกับเชื้อไวรัส SARS-CoV และ MERS-CoV และยังพบว่า บางส่วนในสายพันธุ์กรรมของเชื้อ Coronavirus ที่ก่อให้เกิดการระบาดในครั้งนี้ บางส่วนมีความคล้ายคลึงกับเชื้อ Coronavirus ที่พบได้ในงูชนิด *Bungarus multicinctus* (Many-banded krait) และ *Naja atra* (Chinese cobra) [7] ประกอบกับข้อมูลการระบาดของโรค SARS เมื่อ 18 ปีที่แล้ว พบว่าค้างคาวเป็นแหล่งรังโรคของเชื้อไวรัส SARS-CoV และการศึกษาก่อนหน้านี้ระบุว่าเชื้อไวรัส SARS-CoV ในค้างคาวสามารถติดต่อกันได้ [8]

### 3. มีโอกาสมากน้อยเพียงใดว่า เชื้อ COVID-19 มีต้นกำเนิดจากสัตว์และแพร่มาสู่คน

Andrew Lambaut ผู้เชี่ยวชาญทางด้านการศึกษาการระบาดของไวรัส มหาวิทยาลัย Edinburgh ให้ความเห็นเกี่ยวกับการตรวจลำดับสายพันธุ์กรรมของเชื้อไวรัสชนิดนี้ที่แยกได้จากผู้ป่วยจำนวน 24 ตัวอย่าง ผลพบว่าลำดับสายพันธุ์กรรมของเชื้อไวรัสจากตัวอย่างทั้งสิ้น 24 ตัวอย่างที่มาจากทั้งประเทศไทย และประเทศจีน มีลักษณะทางพันธุกรรมที่หลากหลายน้อยมาก นั่นหมายความว่า “เชื้อไวรัสเหล่านี้มาจากต้นตอเดียวกัน” สรุปว่า ถ้า COVID-19 นี้มีการแพร่อยู่ในคนในระยะตั้งแต่ก่อนที่เจอผู้ป่วยรายแรกที่มีรายงานว่ามีผู้ป่วยในวันที่ 8 ธันวาคม 2562 ลำดับสายพันธุ์กรรมจากเชื้อไวรัสใน 24 ตัวอย่างที่เก็บมาตรวจ จะต้องมีความแตกต่างกันออกไป นอกจากนั้น Lambaut ยังคาดว่าต้นกำเนิดของการที่เชื้อแพร่มาสู่คน น่าจะอยู่ระหว่างวันที่ 30 ตุลาคม-29 พฤศจิกายน 2562 [9]

#### คณะที่ปรึกษา

นายแพทย์สุชาติ เจตนเสน นายแพทย์ประยูร กุณาต  
นายแพทย์ดำรงกุล อังชุตักดิ์ นายสัตวแพทย์ประวิทย์ ชุมเกษียร  
องอาจ เจริญสุข

หัวหน้ากองบรรณาธิการ : แพทย์หญิงจวลัยรัตน์ ไชยฟู

บรรณาธิการวิชาการ : สัตวแพทย์หญิงเสาวพักตร์ อับจ้อย

#### กองบรรณาธิการ

คณะทำงานด้านบรรณาธิการ กองระบาดวิทยา

#### ฝ่ายข้อมูล

สมาน สยมภูรุจน์ันท์ ศติธันว์ มาแอดเดียน  
พัชรี ศรีหมอก นพัชกร อังคะนิช

Kristain Anderson ผู้เชี่ยวชาญด้านชีวโมเลกุล [9] กล่าวว่า เชื้อ COVID-19 ก่อกำเนิดขึ้นในค้างคาว แต่ไม่ได้ก่อให้เกิดโรคในค้างคาวเช่นเดียวกับไวรัสซาร์ส แต่มีแหล่งรังโรค คือ สัตว์ที่เป็นตัวกลาง 1-2 ชนิด ที่อาจนำเชื้อไปติดมนุษย์ จึงตั้งสมมติฐานว่า ไวรัสชนิดนี้แฝงตัวอยู่ในสัตว์ที่ขายในตลาดอยู่ช้านานแล้ว แต่ยังไม่เกิดการติดข้ามสู่มนุษย์ จนกระทั่งเกิดการวิวัฒนาการของไวรัส จึงสามารถทำให้ติดข้ามมายังมนุษย์ได้ ทำให้มีการระบาดใหญ่ของไวรัสชนิดนี้ขึ้นมา โดยคาดว่ามีการติดข้ามจากสัตว์มาสู่คนเพียงแค่ครั้งเดียวเท่านั้น เนื่องจากเชื้อไวรัสที่แยกได้จากผู้ป่วย 24 ตัวอย่างพบว่าไวรัสมีสายพันธุ์กรรมค่อนข้างเป็นไปในทางเดียวกัน ไม่มีวิวัฒนาการที่หลากหลาย ถ้าเกิดมีการติดข้ามจากค้างคาวไปยังสัตว์หลายชนิดจะพบว่า สายพันธุ์กรรมของไวรัสจะมีความหลากหลายกว่านี้ ดังนั้นการระบาดที่ต่อเนื่องในประชากรเป็นการติดต่อระหว่างคนสู่คนเป็นหลัก โดยที่มาตรการในการปิดตลาดค้าสัตว์ที่อยู่นั้นเป็นการดำเนินการหลังจากเชื้อได้ข้ามจากสัตว์มาสู่คนแล้ว

### 4. เชื้อจากสัตว์ติดต่อมาสู่คนด้วยกลไกใด

Peter Daszak (ประธานพันธมิตรด้านอนามัยสิ่งแวดล้อมขององค์การไม่แสวงหาผลกำไร และนักวิจัยด้านโรคติดเชื้อไวรัสอุบัติใหม่ในประเทศจีนและประเทศอื่น ๆ) ทบทวนเหตุการณ์ที่ผ่านมา พบว่า กรณีสาร์ส มีโปรตีนบนผิวเซลล์ทำหน้าที่เป็นตัวรับที่เชื้อไวรัสจะไปจับและเกิดการติดเชื้อ ดังนั้น ถ้าบนผิวเซลล์ของคนมีตัวรับดังกล่าวเหมือนกับที่มีในค้างคาว สุนัข หรืออูฐ จะทำให้คนมีความเสี่ยงต่อการติดเชื้อดังกล่าวได้ เช่นเดียวกับ เชื้อ SARS-CoV ซึ่งเชื้อไวรัสจะมาจับกับตัวรับบนผิวเซลล์ที่ชื่อ Angiotensin Converting Enzyme 2 (ACE2) ซึ่งคนมีตัวรับนี้เหมือนที่มีในค้างคาว และเนื่องจากงานวิจัยนี้เพิ่งจะถูกเผยแพร่จากสถาบันไวรัสวิทยาในเมืองอู่ฮั่น และจากการตีพิมพ์ล่าสุดของเชื้อไวรัสโคโรนา 2019 ก็สามารถจับกับตัวรับบนผิวเซลล์นี้เช่นเดียวกัน [10] สิ่งเหล่านี้จึงเป็นเหตุผลตามหลักพื้นฐานทางชีวเคมีที่อธิบายว่าทำไมเชื้อไวรัสจึงติดเชื้อข้ามมาสู่คนได้

### 5. ค้างคาวเป็นต้นตอของการระบาดในคนในหรือไม

เชื้อ Coronavirus มีความหลากหลายมากในสัตว์ป่า จากการระบาดของโรคซาร์ส ได้มีการหาเชื้อนี้ในค้างคาวทำให้ทราบว่าการระบาดของโรคซาร์ส ได้มีการหาเชื้อนี้ในค้างคาวทำให้เรายังพบว่าค้างคาวมีความเชื่อมโยงกับ SARS-CoV มากกว่า 50 สายพันธุ์ได้มีการสำรวจภูมิคุ้มกันในคนที่อาศัยอยู่ในชุมชนหลายแห่งในมณฑลยูนนานทางตะวันตกเฉียงใต้ของประเทศจีนและในคนที่อาศัยอยู่ใกล้ฝูงค้างคาวที่พบเชื้อไวรัสซาร์ส พบว่าร้อยละ 3 ของคนมีภูมิคุ้มกันต่อเชื้อไวรัสที่อยู่ในค้างคาว ดังนั้น เชื้อไวรัสที่อยู่ใน

ค้างคาวสามารถติดสู่คนได้ โดยอาจก่อให้เกิดอาการที่ไม่ค่อยรุนแรง ไม่แสดงอาการ หรือเป็นต้นเหตุของการเจ็บป่วยในระบบทางเดินหายใจได้ ซึ่งยากต่อการวินิจฉัย<sup>[11]</sup>

## 6. ปัจจัยอะไรบ้างที่จะกำหนดว่าเหตุการณ์ที่เป็นกรณีติดต่อข้ามจากสัตว์มาสู่คนหรือที่เรียกว่า “Spill-over” จะกลายมาเป็นภาวะระบาดครั้งใหญ่เหมือนที่เกิดขึ้นในเมืองอู่ฮั่น ?

มีปัจจัยหลัก ๆ 2 ด้านที่เกี่ยวข้อง ได้แก่ ปัจจัยเกี่ยวกับตัวเชื้อไวรัส และปัจจัยด้านประชากรมนุษย์ สำหรับปัจจัยจากตัวเชื้อไวรัส ถ้าเชื้อไวรัสสามารถจับกับตัวรับที่อยู่บนพื้นผิวเซลล์ของมนุษย์ได้เป็นอย่างดี ก็จะทำให้เกิดการติดเชือย่างรุนแรง ในขณะที่เชื้อไวรัสบางตัวไม่สามารถจับกับตัวรับได้ดี โอกาสเกิดการติดเชือย่างรุนแรงก็จะน้อย สำหรับปัจจัยด้านประชากร ถ้าหากไวรัสที่อยู่ในสัตว์ป่า และสัตว์ป่าเหล่านี้ถูกจับเข้าตลาดค้าสัตว์ ซึ่งเป็นสถานที่ที่มีความเสี่ยงในการที่เชื้อจากสัตว์ตัวหนึ่งจะติดต่อไปยังคนหลายคน เกิดได้สูงมากกว่าสัตว์ป่าที่อยู่ในธรรมชาติ เช่นกรณีของค้างคาวในถ้ำที่มณฑลยูนนาน เนื่องจากคนไม่ได้เข้าไปในถ้ำบ่อยเท่ากับในตลาด ตามธรรมชาติของค้างคาวที่จะบินออกจากถ้ำไปหาอาหาร เช่น แมลง ดังนั้น โอกาสที่จะติดต่อกัน ก็อาจอยู่ในขอบเขตของชาวบ้านกลุ่มหนึ่งในหมู่บ้าน (ซึ่งอาจมีจำนวนประชากร 2-3 พันคน) แต่เมื่อไรที่มีการล่าสัตว์และนำสัตว์เหล่านี้เข้ามาในตลาดโดยที่สัตว์เหล่านี้ยังมีชีวิตอยู่ ค้างคาวเหล่านั้นก็อาจจะขับถ่ายมูลในตลาด ซึ่งก็อาจจะไปติดสัตว์ตัวอื่น ๆ เช่น อีเห็น/ชะมด (civet) สุกร หรือมนุษย์ได้ หรืออีกรกรณีหนึ่ง เมื่อค้างคาวไปรวมตัวกันเพื่อหากินแมลงรอบ ๆ ฟาร์มสุกร สุกรหรือสัตว์อื่น ๆ เช่น อีเห็น หรือ ตัวอ้วน (Bamboo rat) ก็อาจจะติดเชื้อ และสามารถถ่ายทอดเชื้อไปสู่มนุษย์ได้<sup>[11]</sup>

## 7. ประเทศไทยมีความเสี่ยงของการติดโรคนี้อาจจากค้างคาวหรือไม่

### 7.1 เรามีหลักฐานของการพบเชื้อนี้ในค้างคาวหรือสัตว์อื่นหรือไม่

ในปี พ.ศ. 2559 USAID/FAO ได้ให้ทุนสนับสนุนการดำเนินงานวิจัยเกี่ยวกับโรคที่อาจเกิดจากค้างคาว โดยเป็นการดำเนินการร่วมกันระหว่าง กรมอุทยานแห่งชาติสัตว์ป่าและพรรณพืช กรมปศุสัตว์ และคณะแพทยศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย ในการทำวิจัยในค้างคาว คน และปศุสัตว์ โดยโครงการระยะที่ 1 (พ.ศ. 2559-2560) กรมปศุสัตว์ ศึกษาหาหลักฐานการติดเชื้อไวรัสที่มีค้างคาวเป็นพาหะในสุกรและสัตว์เลี้ยงในภาคตะวันออกในประเทศไทย เป็นการหาหลักฐานการติดเชื้อไวรัส 5 กลุ่มที่มีค้างคาวเป็นพาหะ ได้แก่ พาราไมกโซไวรัส อินฟลูเอนซาไวรัส

โคโรนาไวรัส ฟลาวิไวรัส และพิโลไวรัส ในฟาร์มสุกร ที่ตั้งอยู่ในพื้นที่รัศมี 30 กิโลเมตร รอบฝูงค้างคาวสองแห่งในภาคตะวันออกคือ วัดหลวงพรหมาวาส จ.ชลบุรี และวัดโพธิ์บางคล้า จ.ฉะเชิงเทรา ผลการศึกษาพบว่า ไม่พบเชื้อโรคชนิดใหม่ในสุกรและสัตว์เลี้ยง แต่พบเชื้อโรคในกลุ่มโคโรนาไวรัสในสุกร และเชื้ออินฟลูเอนซาไวรัสในสุกรและสุนัข ซึ่งเชื่อดังกล่าวเป็นเชื้อที่มีอยู่เดิมในสุกรและสุนัข<sup>[12]</sup>

ข้อมูลการสำรวจเชื้อข้างต้นร่วมกับโครงการวิจัยประเมินความเสี่ยงในการแพร่ระบาดของเชื้อไวรัสชนิดนี้ในฟาร์มสุกร โดยการใช้วิธีการวิเคราะห์ multi-criteria decision analysis เป็นการหาความเสี่ยงในระดับพื้นที่และระดับฟาร์มสุกรต่อการแพร่ระบาดของเชื้อไวรัสชนิดนี้ โดยใช้วิธีการวิเคราะห์แบบ Multi-criteria decision analysis (MCDA) ซึ่งในการวิเคราะห์หาความเสี่ยงต้องอาศัยผู้เชี่ยวชาญในการกำหนดปัจจัยเสี่ยงรวมถึงการอยู่ในบริเวณที่อยู่อาศัยของค้างคาว และระดับความสำคัญของแต่ละปัจจัย นำข้อมูลมาวิเคราะห์ต่อโดยวิธีทางสารสนเทศภูมิศาสตร์ (GIS) พบว่ามีพื้นที่เสี่ยงสูงใน 18 จังหวัด 101 อำเภอ และ 496 ตำบล<sup>[13]</sup> ปัจจุบันมีการพัฒนาฐานข้อมูลและเว็บไซต์ “ระบบสารสนเทศเพื่อการเฝ้าระวังโรคที่มีค้างคาวเป็นแหล่งรังโรค” (<http://164.115.25.102/dldpig/showDataNipah.php>) ซึ่งใช้ในการเก็บข้อมูลที่ได้จากแอปพลิเคชัน E-SmartPlus และยังใช้ในการแสดงผลที่ได้จากงานวิจัย ในรูปแบบต่าง ๆ เช่น แผนที่ตาราง และกราฟ เป็นต้น

### 7.2 พฤติกรรมของคนไทยในการสัมผัสค้างคาว

จากการดำเนินงานโครงการวิจัยระหว่างหน่วยงานที่ได้รับทุน USAID/FAO โดยศึกษาความรู้ ทักษะ และพฤติกรรมการปฏิบัติของฟาร์มสุกรในพื้นที่รอบฝูงค้างคาวแม่ไก่ในภาคตะวันออกของประเทศไทย โดยทำการเก็บแบบสอบถามเจ้าของฟาร์มสุกรจำนวน 89 ราย ในพื้นที่ศึกษา ซึ่งผลพบว่าส่วนใหญ่เจ้าของฟาร์มมีความรู้เกี่ยวกับโรคดังกล่าวน้อยมาก ซึ่งส่งผลให้การปฏิบัติในการป้องกันโรคน้อยถึงปานกลางด้วย แต่อย่างไรก็ตามเกษตรกรเหล่านี้มีทัศนคติที่ดีต่อการป้องกันและควบคุมโรค<sup>[13]</sup> และได้มีการสำรวจพฤติกรรมการบริโภคค้างคาวใน 4 จังหวัด คือ ราชบุรี สระแก้ว นครสวรรค์ และพิษณุโลก พบว่าคนไทยยังมีการบริโภคค้างคาว ทั้งในส่วนของเนื้อและเลือดค้างคาว<sup>[14]</sup>

จากข้อมูลที่ปรากฏในข้อ 7.1 และ 7.2 ทั้งสภาพภูมิศาสตร์ ปัจจัยเสี่ยง การตรวจทางห้องปฏิบัติการ และพฤติกรรมบริโภค จึงทำให้โดยรวมประเทศมีโอกาสเสี่ยงปานกลางต่อการติดเชื้อโรค nCoV จากค้างคาวสู่คน

## 8. การป้องกันควบคุมโรคดังกล่าวในมุมมองของโรคติดต่อระหว่างสัตว์และคน ควรดำเนินการอย่างไร

เชื้อ coronavirus มีแนวโน้มว่าจะก่อให้เกิดโรคระบาดใหญ่ ดังนั้นสิ่งสำคัญ คือ การสืบหาว่าจะมีช่องทางไหนบ้างที่เชื้อไวรัสตัวนี้จะติดเข้าสู่มนุษย์ เพื่อป้องกันไม่ให้เชื้อติดข้ามจากสัตว์มาสู่คน การลดความเสี่ยงสำคัญ คือ 1) การมีระบบเฝ้าระวังโรคที่ดีในตลาดค้าสัตว์ 2) มีการค้นหาเชื้อไวรัสในค้างคาว 3) มีการตรวจแยกลักษณะพันธุกรรมของเชื้อในห้องปฏิบัติการ 4) การคัดค้นและพัฒนา ยา และ 5) การจัดการด้านสุขลักษณะในตลาด คนที่ทำงานในตลาด คนที่ต้องสัมผัสสัตว์ หรือคนที่อยู่ใกล้รังค้างคาว ต้องสวมถุงมือ หรือมีการล้างมือบ่อย ๆ โดยมุ่งเน้นการปรับเปลี่ยนพฤติกรรม และเราควรจัดการเรื่องนี้ในระดับมหภาค เพราะเราทราบปัจจัยส่งเสริมให้เกิดการระบาดครั้งใหญ่ ไม่ว่าจะเป็นสัตว์ป่าที่ถูกล่ามาเป็นอาหาร การทำลายป่า การสร้างถนนหรือเหมืองในใจกลางป่าใหญ่ สิ่งเหล่านี้ล้วนเป็นที่มาของการเกิดโรคระบาดใหม่ ๆ และจะสำเร็จได้ด้วยการดำเนินงานตามแนวคิดสุขภาพหนึ่งเดียว

### เอกสารอ้างอิง

1. Gouilh MA, Puechmaillie SJ, Gonzalez JP, Teeling E, Kittayapong P, Manuguerra JC. SARS-Coronavirus ancestor's foot-prints in South-East Asian bat colonies and the refuge theory. *Infect Genet Evol.* 2011;11(7): 1690-702.
2. Wacharapluesadee S, Duengkae P, Rodpan A, Kaewpom T, Maneeorn P, Kanchanasaka B, et al. Diversity of coronavirus in bats from Eastern Thailand [Internet]. *Virology Journal*; 2015 [cited 2020 Jan 28]. Available from: <https://virologyj.biomedcentral.com/articles/10.1186/s12985-015-0289-1>
3. ศูนย์ความร่วมมือองค์การอนามัยโลก ด้านค้นคว้าและอบรมโรคติดต่อเชื้อไวรัสสัตว์สู่คน. รายงานผลการตรวจไวรัสทางห้องปฏิบัติการในสัตว์ป่า โครงการ PREDICT2. คณะแพทยศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย. 2561.
4. Cui J, Li F, Shi ZL. Origin and evolution of pathogenic coronaviruses. *Nature Reviews Microbiology.* 2019; 17(3):181-92. doi: 10.1038/s41579-018-0118-9.
5. Peng Zhou, Xing-Lou Yang, Xian-Guang Wang, Ben Hu, Lei Zhang, Wei Zhang, et al. Discovery of a novel coronavirus associated with the recent pneumonia outbreak in humans and its potential bat origin

[Internet]. 2020 [cited 2020 Jan 28]. Available from: <https://www.biorxiv.org/content/10.1101/2020.01.22.914952v2>

6. Na Zhu, Dingyu Zhang, Wenling Wang, Xinwang Li, Bo Yang, Jingdong Song, et al. A Novel Coronavirus from Patients with Pneumonia in China, 2019 [Internet]. *The New England Journal of Medicine*; 2020 [cited 2020 Jan 28]. Available from: [https://www.nejm.org/doi/full/10.1056/NEJMoa2001017?query=recirc\\_mostViewed\\_railB\\_article#article\\_references](https://www.nejm.org/doi/full/10.1056/NEJMoa2001017?query=recirc_mostViewed_railB_article#article_references)
7. Wei Ji, Wei Wang, Xiaofang Zhao, Junjie Zai, Xingguang Li. Homologous recombination within the spike glycoprotein of the newly identified coronavirus may boost cross-species transmission from snake to human. *J Med Virol*; 2020 [cited 2020 Jan 28]. Available from: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/31967321?dopt=Abstract>
8. Gautam Naik. Bat-to-Human Leap Likely for SARS-Like Virus [Internet]. *The Wall Street Journal*; 2013 [cited 2020 Jan 28]. Available from: <https://www.wsj.com/articles/no-headline-available-1383150366?tesla=y>
9. Sharon Begley. DNA sleuths read the coronavirus genome, tracing its origins and looking for dangerous mutations [Internet]. *STAT*; 2020 [cited 2020 Jan 28]. Available from: <https://www.statnews.com/2020/01/24/dna-sleuths-read-coronavirus-genome-tracing-origins-and-mutations/>
10. Xintian Xu, Ping Chen, Jingfang Wang, Jiannan Feng, Hui Zhou, Xuan Li, et al. Evolution of the novel coronavirus from the ongoing Wuhan outbreak and modeling of its spike protein for risk of human transmission [Internet]. *SCIENCE CHINA Life Sciences*; 2020 [cited 2020 Jan 28]. Available from: <http://engine.scichina.com/publisher/scp/journal/SCLS/doi/10.1007/s11427-020-1637-5?slug=fulltext>
11. Shawna Williams. Where Coronaviruses Come From [Internet]. *The Scientist*; 2020 [cited 2020 Jan 28]. Available from: <https://www.the-scientist.com/news-opinion/where-coronaviruses-come-from-67011>

12. กลุ่มระบาดวิทยาทางสัตวแพทย์ กรมปศุสัตว์. การดำเนินการเกี่ยวกับโรคที่เกิดจากค้างคาวในประเทศไทย. กรมปศุสัตว์; 2561.

13. Weerapong Thanapongtharm, Mathilde C. Paul, Anuwat Wiratsudakul, Vilaiporn Wongphruksasoong, Wantanee Kalpravidh, Kachen Wongsathapornchai, et al. A spatial assessment of Nipah virus transmission in Thailand pig farms using multi-criteria decision analysis [Internet]. BMC Veterinary Research; 2019 [cited 2020 Jan 28]. Available from: <https://bmcvetres.biomedcentral.com/articles/10.1186/s12917-019-1815-y>

14. Suwannarong K, Schuler S. Bat consumption in Thailand [Internet]. Infection ecology & epidemiology; 2016 [cited 2020 Jan 28]. Available from: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC4724787/>

**แนะนำการอ้างอิงสำหรับบทความนี้**

เสาวพัทธ์ อึ้งจ้อย, รัตนพร ตั้งวงวิวัฒน์, สุธิดา ม่วงน้อยเจริญ, พรชัย ทุมรินทร์, ปภัสสร ภิญโญพรพาณิชย์, ชฎาภรณ์ เพ็ชรเจริญ และวีรพงษ์ ธนพงศ์ธรรม. คำถาม-คำตอบ เรื่อง ความเชื่อมโยงของเชื้อไวรัสโคโรนา 2019 (novel coronavirus: COVID-19) และโรคติดต่อระหว่างสัตว์และคน. รายงานการเฝ้าระวังทางระบาดวิทยาประจำสัปดาห์. 2563; 51: 177-81.

\*\*\*\*\*



**สรุปการตรวจสอบข่าวการระบาดของโรคในรอบสัปดาห์ (Outbreak Verification Summary)**

เสาวลักษณ์ กมล, จินตนา พรหมลา, เกณิกา สงวนสัตย์, อำพล นาไชยราญ, บวรวรรณ ดิเรกโกศ

ทีมตระหนักรู้สถานการณ์ (Situation Awareness Team: SAT) กรมควบคุมโรค กระทรวงสาธารณสุข

✉ [outbreak@health.moph.go.th](mailto:outbreak@health.moph.go.th)

สถานการณ์การเกิดโรคและภัยสุขภาพที่สำคัญประจำสัปดาห์ที่ 12 ระหว่างวันที่ 22-28 มีนาคม 2563 ทีมตระหนักรู้สถานการณ์ กรมควบคุมโรค ได้รับรายงานและตรวจสอบข้อมูลเฝ้าระวังทางระบาดวิทยา พบโรคและเหตุการณ์ที่น่าสนใจ ดังนี้

**สถานการณ์ภายในประเทศ**

1. **โรคชิคุนกุนยา 4 ราย จังหวัดชัยภูมิ** พบผู้ป่วย 4 ราย รายแรกเพศหญิง อายุ 33 ปี ภูมิลำเนาหมู่ที่ 5 บ้านหนองไผ่ล้อม ตำบลหนองบัวใหญ่ อำเภोजัตร์ส จังหวัดชัยภูมิ อาชีพพนักงานร้านรับติดตั้งแอร์ ไม่มีโรคประจำตัว เริ่มป่วยวันที่ 10 มีนาคม 2563 มีอาการไข้ มีน้ำมูก เจ็บคอ สามีไปซื้อยาลดไข้ที่ร้านยามาให้รับประทาน วันที่ 11 มีนาคม 2563 เวลา 06.30 น. มีไข้ เริ่มมีผื่นขึ้นตามตัว และปวดตามข้อ ซื้อยาดำรับโบราณมารับประทาน วันที่ 13 มีนาคม 2563 อาการไม่ทุเลา มีไข้ ปวดข้อและผื่นขึ้นตามตัว จึงไปโรงพยาบาลเอกชนแห่งหนึ่งในจังหวัดระยอง แพทย์ตรวจร่างกายร่วมกับเจาะเลือดส่งตรวจทางห้องปฏิบัติการ ผลการตรวจด้วยวิธี PCR พบเชื้อไวรัสชิคุนกุนยา ผลการตรวจความสมบูรณ์ของเม็ดเลือด พบความเข้มข้นของเลือดร้อยละ 37 เกล็ดเลือด 225,000 เซลล์ต่อลูกบาศก์มิลลิเมตร เม็ดเลือดขาว 3,610 เซลล์ต่อลูกบาศก์มิลลิเมตร เป็นชนิดลิมโฟไซต์ร้อยละ 31 ประวัติการเดินทางวันที่ 25 กุมภาพันธ์-7 มีนาคม 2563 ผู้ป่วยได้เดินทาง

ไป-กลับ ที่ทำงานกับบ้านพัก ในเวลาทำงานจะออกไปให้บริการติดตั้งแอร์ ล้างแอร์กับสามี ที่เป็นพนักงานด้วยกันตามร้านต่าง ๆ ในจังหวัดนครราชสีมา ตั้งแต่วันที่ 8 มีนาคม 2563 เดินทางไปรับเหมาติดตั้งแอร์และเข้าห้องพักอยู่กับสามีที่จังหวัดระยอง ขณะนี้ผู้ป่วยยังพักอาศัยที่บ้านเช่าจังหวัดระยอง ทีมสอบสวนโรคดำเนินการสอบสวนโรคในวันที่ 23 มีนาคม 2563 ดำเนินการค้นหาผู้ป่วยเพิ่มเติมในชุมชนพบผู้ป่วยสงสัย จำนวน 3 ราย ตามนิยามผู้ที่มีอาการไข้ ร่วมกับอาการ ปวดข้อ ปวดกล้ามเนื้อ มีผื่น อย่างไรก็ตาม และมีการตรวจทางห้องปฏิบัติการยืนยัน วันที่ 25 มีนาคม 2563 ดำเนินการเก็บตัวอย่างเลือด จำนวน 3 ตัวอย่าง ส่งตรวจที่สถาบันบำราศนราดูร ผลพบสารพันธุกรรมของเชื้อไวรัสชิคุนกุนยา

การดำเนินงานเฝ้าระวัง ป้องกัน ควบคุมโรคในพื้นที่ วันที่ 20 มีนาคม 2563 ศูนย์ควบคุมโรคติดต่อ นำโดยแมลงที่ 9.1 ชัยภูมิ ลงพื้นที่ในหมู่บ้านที่เกิดโรค สุ่มสำรวจพบค่า HI = 47.62% CI = 18.33% BI = 78.57% วันที่ 23 มีนาคม 2563 สุ่มลูกน้ำยุงลาย

