

รายงานการสอบสวนโรคไข้มาลาเรียชนิดไวแวกซ์ และการศึกษาทางกีฏวิทยาในพื้นที่กลับมาแพร่เชื้อใหม่ ตำบลจะแหน อำเภอสบ้าย้อย จังหวัดสงขลา

Case Investigation of *Plasmodium vivax* Malaria and Entomological Study
in a Re-emerging Transmission Area, Chanae Subdistrict, Saba Yoi District, Songkhla Province

กิริติ กิตติวัฒนาวงศ์¹, ณัฐกานต์ สุเหม¹, นลัทพร หมวดจันทร์¹, อมลณัฐ จันทรพัฒน์¹, สุวรรณ สนวนวงศ์¹,
ชลิดา หนูเหมือน², วราภรณ์ แก้วพิทักษ์³, โสภาวดี มูลเมฆ^{1*}

Kerati Kittiwattanawong¹, Natthakan Suhem¹, Nalattaporn Muatchan¹, Amolnut Chantarapat¹,
Suwanna Sanuwong¹, Chalida Numuean², Waraporn Kaewpitak³, Sopavadee Moonmake^{1*}

¹ สำนักงานป้องกันควบคุมโรคที่ 12 จังหวัดสงขลา,

² ภาควิชาชีววิทยา คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยสงขลานครินทร์,

³ ภาควิชาชีววิทยา คณะวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี มหาวิทยาลัยราชภัฏสงขลา

¹ Office of Disease Prevention and Control Region 12 Songkhla,

² Department of Biology, Faculty of Science, Prince of Songkla University,

³ Department of Biology Faculty of Science and Technology Songkhla Rajabhat University

* Corresponding author email: sopavadee14@yahoo.com

Received: August 20, 2025

Revised: October 17, 2025

Accepted: October 21, 2025

บทคัดย่อ

ศูนย์ควบคุมโรคติดต่ออำเภอจะแหน จังหวัดสงขลา ได้รับแจ้งพบผู้ป่วยไข้มาลาเรียชนิด *P. vivax* จำนวน 4 ราย ระหว่างวันที่ 25 พฤศจิกายน – 26 ธันวาคม 2567 ในพื้นที่กลุ่มบ้านคลองมุดอ หมู่ที่ 1 ต.จะแหน อ.สบ้าย้อย จ.สงขลา จึงลงพื้นที่เพื่อยืนยันการติดเชื้อโรคไข้มาลาเรียชนิด *P. vivax* ในพื้นที่กลับมาแพร่เชื้อใหม่ของผู้ป่วยจำนวน 4 ราย และดำเนินการเฝ้าระวัง ป้องกันควบคุมโรคและให้ข้อเสนอแนะ โดยลงพื้นที่ศึกษาทางกีฏวิทยา ทบทวนรายงานสอบสวนโรค ผลการดำเนินการพบผู้ป่วยรายแรกเป็นการติดเชื้อจากจังหวัดอื่น (Bo case) จากพื้นที่กลุ่มบ้านแพร่เชื้อ (A1) โดยติดเชื้อ *P. vivax* จากกลุ่มบ้านชาโก หมู่ที่ 3 ต.บ้านแห อ.ธารโต จ.ยะลา ซึ่งเป็นการป่วยครั้งแรกก่อนการป่วยครั้งนี้เป็นเวลา 5 เดือน โดยสันนิษฐานว่าเป็นไข้มาลาเรียแบบการติดเชื้อในระยะต่ำ หรือไข้มาลาเรียแบบระยะในเม็ดเลือดแดงแบบไม่มีอาการ ส่วนรายที่ 2 และ 3 เป็นการติดเชื้อในหมู่บ้านที่ผู้ป่วยอาศัยอยู่ขณะติดเชื้อ (A case) ในพื้นที่กลุ่มบ้านไม่มีการแพร่เชื้อ (B1) และรายที่ 4 เป็นการติดเชื้อจากหมู่บ้านอื่น แต่อยู่ภายในตำบลเดียวกัน (Bx case) ในพื้นที่กลุ่มบ้านไม่มีการแพร่เชื้อ การศึกษาทางกีฏวิทยาพบยุงก้นปล่อง 50 ตัว 5 ชนิด ได้แก่ *An. barbirostris* (26 ตัว), *An. tessellatus* (14 ตัว), *An. kochi* (6 ตัว), *An. saeungae* (2 ตัว), *An. crawfordi* (1 ตัว) และ *Anopheles* sp. (1 ตัว) และผลตรวจไม่พบเชื้อมาลาเรียในยุงก้นปล่อง การค้นหาผู้ป่วยรายใหม่โดยการเจาะเลือดหมู่ จำนวน 38 ราย ไม่พบเชื้อมาลาเรีย

คำสำคัญ: โรคไข้มาลาเรีย, พลาสโมเดียม ไวแวกซ์, ยุงก้นปล่อง, การควบคุมโรคไข้มาลาเรีย

Abstract

Vector-Borne Diseases Control Center 12.2 Songkhla was notified of four confirmed cases of *Plasmodium vivax* malaria between November 25 and December 26, 2024, in the Korlormudor village cluster, Village No. 1, Chanae Subdistrict, Saba Yoi District, Songkhla Province. An investigation was carried out to determine the re-emergence of local transmission and to implement surveillance, prevention, and control measures, including entomological surveys and a review of case investigation reports. The first case was identified as an import case (Bo) from an A1 transmission area, with infection acquired in the Sakai village cluster, Village No. 3, Ban Rae Subdistrict, Than To District, Yala Province. The patient had been infected five months prior, and this episode was presumed to be either a relapse from dormant liver-stage hypnozoites or a recrudescence of an asymptomatic erythrocytic-stage infection. The second and third cases were classified as indigenous cases (A cases) from a B1 area (non-transmission village cluster), while the fourth case was classified as an import case (Bx) from another village within the same subdistrict, also in a B1 area. Entomological surveys collected 50 *Anopheles* mosquitoes, comprising five species: *An. barbirostris* (26), *An. tessellatus* (14), *An. kochi* (6), *An. saeungae* (2), *An. crawfordi* (1), and *Anopheles* sp. (1). No malaria parasites were detected in the mosquitoes. A mass blood survey of 38 individuals also found no malaria infections.

Keywords: Malaria, *Plasmodium vivax*, *Anopheles* mosquitoes, Malaria control

1. บทนำ

การระบาดของโรคไข้มาลาเรียเป็นปัญหาด้านสุขภาพที่สำคัญในประเทศไทยซึ่งมียุงก้นปล่อง (*Anopheles* spp.) เป็นพาหะนำโรค โดยมียุงก้นปล่อง 6 ชนิดที่เป็นพาหะนำเชื้อมาลาเรียได้ เป็นพาหะหลัก 3 ชนิด ได้แก่ *Anopheles dirus*, *An. minimus*, และ *An. maculatus* เป็นพาหะรอง 3 ชนิด ได้แก่ *An. aconitus*, *An. sundanicus*, และ *An. pseudowillmori* และพาหะสงสัยอีก 4 ชนิด ได้แก่ *An. philippinensis*, *An. barbirostris*, *An. campestris*, และ *An. culicifacies*⁽¹⁻²⁾ โรคไข้มาลาเรียมีสาเหตุมาจากการติดเชื้อโปรโตซัวชนิดพลาสโมเดียม (*Plasmodium* spp.) ในประเทศไทยมีสายพันธุ์ที่ก่อโรคในคน 5 ชนิด คือ *Plasmodium falciparum*, *P. vivax*, *P. ovale*, *P. malariae*, และ *P. knowlesi* เชื้อพลาสโมเดียมมีวงจรชีวิตในโฮสต์ 2 ชนิด เมื่อยุงก้นปล่องเพศเมียกัดคนที่ติดเชื้อมาลาเรียในระยะแกมโตไซต์เชื้อจะเข้าไปในทางเดินอาหารของยุงก้นปล่อง โดยแกมโตไซต์ตัวผู้และตัวเมียมีการผสมพันธุ์และพัฒนาเป็นระยะโอโอไคไนต์ที่ฝังตัวในชั้น basal-lamina ของยุงก้นปล่อง จากนั้นพัฒนาต่อเป็นระยะสปอโรซอยต์และเคลื่อนที่ไปยังต่อมน้ำลายของยุงก้นปล่อง เมื่อยุงก้นปล่องเพศเมียกัดกินเลือดคน สปอโรซอยต์จากต่อมน้ำลายจะเข้าสู่กระแสเลือดและมุ่งไปยังตับเพื่อฟักตัวเป็นระยะเวลา 9 - 40 วัน ขึ้นกับชนิดของเชื้อมาลาเรีย เช่น 12-17 วัน สำหรับเชื้อ *P. vivax*⁽³⁻⁴⁾ หลังจากนั้นจะแพร่เข้าสู่เซลล์เม็ดเลือดแดง ทำให้ผู้ป่วยมีอาการไข้สูง หนาวสั่น และอาการอื่น ๆ ที่เกี่ยวข้อง เชื้อมาลาเรียที่พบเด่นในประเทศไทย เช่น *P. vivax*⁽⁵⁻⁶⁾ *P. vivax* มีลักษณะเด่นที่สามารถคงอยู่ในรูปแบบระยะฮิโนซอยต์ภายในเซลล์ตับได้นานหลายเดือนส่งผลให้โรคสามารถกลับมาแสดงอาการอีกครั้งโดยไม่มีการติดเชื้อใหม่⁽⁷⁻⁹⁾ การเกิดอาการซ้ำของ *P. vivax* สามารถแยกจากการติดเชื้อใหม่ได้ยาก ในปี ค.ศ. 2011 L. Hulden และ L. Hulde ศึกษาการกระตุ้นฮิโนซอยต์โดยสามารถถูกกระตุ้นออกจากระยะฮิโนซอยต์ได้หากได้รับโปรตีนที่อยู่ในต่อมน้ำลายของยุงก้นปล่องที่จำเพาะกับเชื้อ *P. vivax*⁽¹⁰⁾ จากการศึกษาของ V. Andrianaranjaka และคณะ ในปี ค.ศ. 2013 รายงานผู้ติดเชื้อ *P. vivax* หลังเดินทางไปยังมาดากัสการ์ที่มีเชื้อมาลาเรียระบาดและเกิดอาการซ้ำสองครั้งที่ 11 สัปดาห์และ 21 สัปดาห์ต่อมา แม้จะอยู่ในพื้นที่ปลอดเชื้อมาลาเรีย จากการตรวจพันธุกรรมโดย PCR-RFLP และ HTA พบว่าเชื้อที่กลับมาเป็นซ้ำมีพันธุกรรมแบบเดียวกันกับการติดเชื้อครั้งแรก แสดงให้เห็นว่าฮิโนซอยต์ถูกกระตุ้นและทำให้เกิดการกลับเป็นซ้ำของโรค⁽¹¹⁾ การศึกษาของ H. Xi และคณะ ในปี ค.ศ. 2019 รายงานผู้ป่วยชาวจีน เป็นโรคไข้มาลาเรียชนิด *P. vivax* หลังจากเดินทางกลับจากประเทศกานาเป็นเวลา 39 วัน ผู้ป่วยได้รับการวินิจฉัยว่ามีการกลับเป็นซ้ำถึง 4 ครั้ง โดยมีช่วงห่างระหว่างแต่ละครั้งตั้งแต่ 58 ถึง 232 วัน การกลับเป็นซ้ำครั้งสุดท้ายเกิดขึ้นเมื่อ 491 วัน หรือประมาณ 16 เดือน หลังจากการติดเชื้อครั้งแรก⁽¹²⁾



รูปที่ 1 แผนที่แสดงตำแหน่งร่วมของผู้ป่วย 4 ราย, จุดจับยุงกันปล่อง 3 จุด, และ การค้นหาผู้ป่วยรายใหม่โดยการเจาะเลือดหมู่ ในกลุ่มบ้านคอลอมุดอ หมู่ที่ 1 ตำบลจะแหน อำเภอสะบ้าย้อย จังหวัดสงขลา

การตรวจยืนยันชนิดเชื้อด้วยวิธีทางอณูชีววิทยา

การตรวจยืนยันชนิดเชื้อมาลาเรียใช้เทคนิค Nested PCR เพื่อเพิ่มปริมาณเชื้อเพื่อการระบุชนิด ขั้นแรกใช้ไพรเมอร์ที่จับได้กับเชื้อมาลาเรียทุกชนิด (rPLU5: CTTGTTGTTGCCTTAACTTC - rPLU6: TTAAAATTGTTGCAGTTAAACG) ผลิตภัณฑ์พีซีอาร์ขนาด 1,200 คู่เบส จากนั้นนำผลิตภัณฑ์พีซีอาร์ในขั้นแรกมาพีซีอาร์ครั้งที่สองโดยใช้ไพรเมอร์ที่จำเพาะกับเชื้อมาลาเรียชนิด *P. vivax* (rVIV1: CGCTTCTAGCTTAATCCACATAACTGATAC - rVIV2: ACTTCCAAGCCGAAGCAAAGAAAGTCCTTA) ผลิตภัณฑ์พีซีอาร์ขนาด 120 คู่เบส ตามขั้นตอนดังนี้ เริ่มอุณหภูมิ 95 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 5 นาที ตามด้วย 94 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 30 วินาที, 58 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 2 นาที, และ 72 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 2 นาที จำนวน 25 รอบ⁽²¹⁻²²⁾ โดยตรวจยืนยันชนิดเชื้อมาลาเรียจากตัวอย่างเลือดผู้ป่วยทั้ง 4 ราย และตรวจหาเชื้อมาลาเรียในตัวอย่างยุงกันปล่องทั้ง 50 ตัวอย่าง

4. ผลการสอบสวน

การศึกษาสภาพแวดล้อม และระยะพื้นที่ที่เกี่ยวข้องกับผู้ป่วย 4 ราย

กลุ่มบ้านชาโก หมู่ที่ 3 ต.บ้านแห อ.ธารโต จ.ยะลา มีบริเวณติดกับชายป่า มีแหล่งน้ำและร่องน้ำไหลผ่านมีระยะพื้นที่เป็นกลุ่มบ้านแพร่เชื้อมีผู้ป่วยติดเชื้อมีในกลุ่มบ้านในปัจจุบัน (A1) และการพบผู้ป่วย *P. vivax* ในปี พ.ศ. 2566-2567 และผู้ป่วยรายที่ 1 เดินทางไปพักค้างแรม 1 คืนในพื้นที่กลุ่มบ้านชาโก หมู่ที่ 3 ต.บ้านแห อ.ธารโต จ.ยะลา ในวันที่ 25 มิถุนายน 2567⁽⁵⁾

กลุ่มบ้านคอลอมุดอ หมู่ที่ 1 ต.จะแหน อ.สะบ้าย้อย จ.สงขลา การศึกษาสภาพแวดล้อมรอบบ้านผู้ป่วย เป็นสวนยาง และสนามฟุตบอลขนาด 30 x 50 เมตร มีบริเวณติดกับชายป่า มีแหล่งน้ำและร่องน้ำไหลผ่าน ส่วนใหญ่ทำการเกษตร สวนยางเลี้ยงสัตว์ โดยพบผู้ป่วย *P. vivax* ติดเชื้อมีในกลุ่มบ้านที่ผู้ป่วยอาศัยอยู่ขณะติดเชื้อ (A case) จำนวน 1 ราย ในปี พ.ศ. 2560 และเป็นกลุ่มบ้านแพร่เชื้อมีผู้ป่วยติดเชื้อมีในกลุ่มบ้านในปัจจุบัน (A1) ในปี พ.ศ. 2561 เป็นกลุ่มบ้านที่หยุดการแพร่เชื้อแต่ยังไม่ครบ 3 ปีติดต่อกัน (A2) ในปี พ.ศ. 2562 และ เป็นกลุ่มบ้านไม่มีการแพร่เชื้อ-เสี่ยงสูง ไม่มีผู้ป่วยติดเชื้อมีในกลุ่มบ้านอย่างน้อย 3 ปีติดต่อกัน และสำรวจพบยุงพาหะหลักหรือยุงพาหะรอง ตัวเต็มวัยหรือลูกน้ำหรือมีสภาพภูมิประเทศเหมาะสมต่อการแพร่พันธุ์ของยุงพาหะหลักหรือ ยุงพาหะรอง (B1) ในปี พ.ศ. 2564 จนถึง ปี พ.ศ. 2567 และพบผู้ป่วยทั้ง 4 รายในปี พ.ศ. 2567⁽⁵⁾

ยืนยันการวินิจฉัย ศึกษาลักษณะทางระบาดวิทยาของผู้ป่วยยืนยันโรคไข้มาลาเรีย การสอบสวนการเกิดโรคของผู้ป่วยโรคไข้มาลาเรียทั้ง 4 ราย และ Timeline ของผู้ป่วย

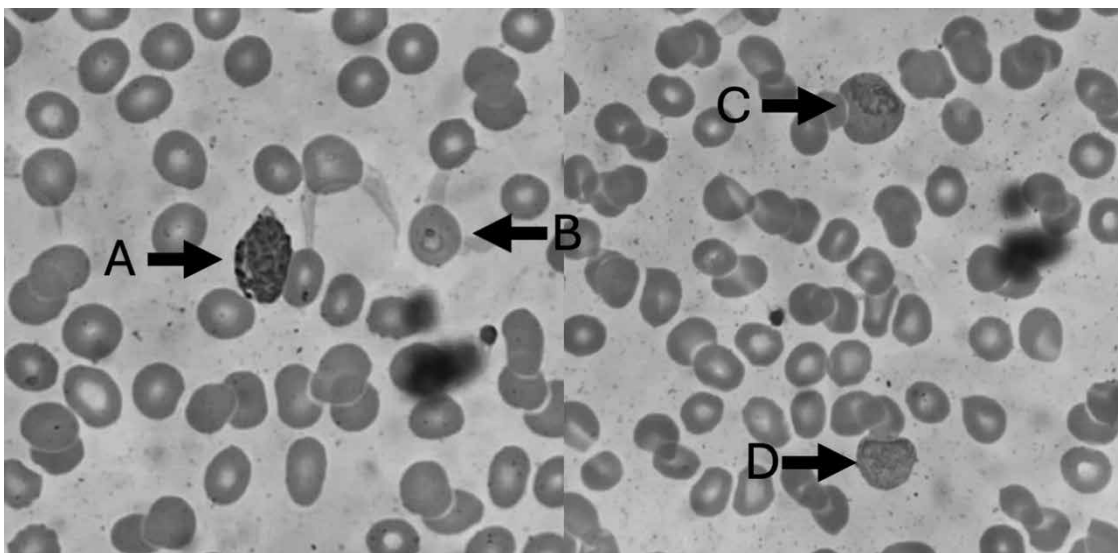
ผู้ป่วยรายที่ 1 เพศหญิง อายุ 50 ปี อาชีพค้าขาย ป่วยครั้งแรกช่วงปลายเดือนมิถุนายน 2567 หลังเดินทางไปพักค้าง 1 คืนที่บ้านชาโก ต.บ้านแห อ.ธวัชชัย จ.ยโสธร จากนั้นกลับมาที่กลุ่มบ้านคอรุ่มดอ หมู่ที่ 1 ต.จะแห อ.เสบาย้อย จ.สงขลา เริ่มป่วยต้นเดือนกรกฎาคม มีไข้ หนาวสั่น ปวดเมื่อย เหนื่อย เป็น ๆ หาย ๆ หลายวัน ซ้อยากินและอาการดีขึ้น ป่วยครั้งที่ 2 วันที่ 21 พฤศจิกายน 2567 โดยไม่ได้เดินทางออกนอกพื้นที่ มีอาการเหมือนครั้งแรก แต่อาการไม่ดีขึ้น วันที่ 25 พฤศจิกายน 2567 เข้ารับการรักษาที่ รพ.เสบาย้อย แพทย์วินิจฉัยไข้เลือดออก แต่ผลตรวจ Dengue NS1 เป็นลบ ต่อมา วันที่ 27 พฤศจิกายน 2567 วินิจฉัยเป็นไข้มาลาเรียชนิด *P. vivax* ด้วยวิธีตรวจฟิล์มเลือด (ภาพที่ 2)⁽²³⁻²⁴⁾

ผู้ป่วยรายที่ 2 เพศหญิง อายุ 17 ปี อาชีพนักเรียน เป็นบุตรของผู้ป่วยรายที่ 1 ไม่มีประวัติเดินทางออกนอกพื้นที่ 1 เดือนก่อนป่วย เริ่มมีอาการเมื่อวันที่ 24 พฤศจิกายน 2567 ที่กลุ่มบ้านคอรุ่มดอ มีไข้ ไอแห้ง เข้ารักษาแบบผู้ป่วยนอกที่ รพ.เสบาย้อย วันที่ 27 พฤศจิกายน มีอาการเหนื่อย เหนื่อย ซีด เข้ารักษาตัวใน รพ.เสบาย้อย วันที่ 28 พฤศจิกายน วินิจฉัยเป็นไข้มาลาเรียชนิด *P. vivax* ด้วยวิธีตรวจฟิล์มเลือด⁽²³⁻²⁴⁾

ผู้ป่วยรายที่ 3 เพศชาย อายุ 34 ปี อาชีพกรีดยางและเลี้ยงสัตว์ ไม่มีประวัติเดินทางออกนอกพื้นที่ 1 เดือนก่อนป่วย ผู้ป่วยทำงานทุกวันในสวนยางหลังบ้านของผู้ป่วยรายที่ 1 ตั้งแต่เช้าถึงค่ำ วันที่ 27 พฤศจิกายน 2567 เริ่มป่วย มีไข้สูง หนาวสั่น กินยาลดไข้ไม่ดีขึ้น วันที่ 6 ธันวาคม เข้ารักษาที่ รพ.เสบาย้อย และวินิจฉัยเป็นไข้มาลาเรียชนิด *P. vivax* ด้วยวิธีตรวจฟิล์มเลือด⁽²³⁻²⁴⁾

ผู้ป่วยรายที่ 4 เพศชาย อายุ 11 ปี อาชีพนักเรียน ไม่มีประวัติเดินทางออกนอกพื้นที่ 1 เดือนก่อนป่วย เรียนที่โรงเรียนคอรุ่มดอไปกลับทุกวัน และเล่นฟุตบอลช่วงเย็นใกล้สวนยางหลังบ้านผู้ป่วยรายที่ 1 วันที่ 21 ธันวาคม 2567 เริ่มมีไข้ ปวดศีรษะ ตาพร่า วันที่ 26 ธันวาคม เข้ารักษาที่ รพ.เสบาย้อย และวินิจฉัยเป็นไข้มาลาเรียชนิด *P. vivax* ด้วยวิธีตรวจฟิล์มเลือด⁽²³⁻²⁴⁾

การเกิดโรคในพื้นที่ พบว่าพื้นที่แหล่งรับเชื้อเป็นสวนยางพาราในพื้นที่ ซึ่งผู้ป่วยทุกรายมีประวัติพักอาศัย ไปทำงาน และทำกิจกรรมบริเวณดังกล่าว เมื่อพิจารณาปัจจัยเสี่ยงต่อการติดเชื้อ ได้แก่ ไม่มีการนอนในมุ้ง ไม่ทายากันยุง ผู้ป่วยไม่สวมเสื้อผ้าแขนยาวขณะปฏิบัติงานในสวน ผลการตรวจยืนยันชนิดเชื้อมาลาเรียโดยเทคนิค Nested PCR ในเลือดผู้ป่วยทั้ง 4 คน พบว่าผู้ป่วยทั้ง 4 คน ให้ผลยืนยันเชื้อชนิด *P. vivax* โดยมีขนาดผลิตภัณฑ์พีซีอาร์ขนาด 120 คู่เบส (ภาพที่ 3)⁽²¹⁻²²⁾



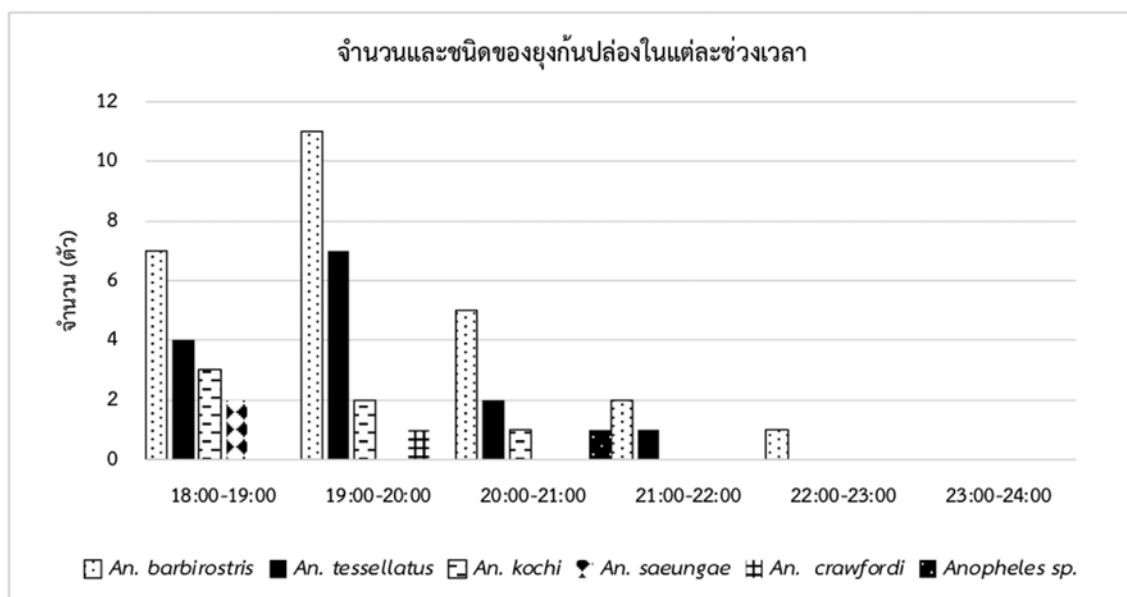
รูปที่ 2 ฟิล์มเลือดผู้ป่วยไข้มาลาเรียชนิดชนิด *P. vivax* รายที่ 1: A=schizont, B=ring stage, C และ D=trophozoite



รูปที่ 3 แสดงผลการตรวจยืนยันชนิดเชื้อมาลาเรียโดยเทคนิค Nested PCR ในเลือดผู้ป่วยทั้ง 4 คน โดยเลนที่ 1 คือ ดีเอ็นเอมาตรฐาน เลนที่ 2 คือ ตัวควบคุมมาตรฐานหรือตัวเปรียบเทียบที่เป็นบวก (positive control) เลนที่ 3 คือ ตัวควบคุมมาตรฐานที่เป็นลบ (negative control) เลนที่ 4-7 คือ ตัวอย่างเลือดผู้ป่วยรายที่ 1-4 ตามลำดับ

การสำรวจยุงพาหะและนิเวศวิทยาในพื้นที่

พบยุงก้นปล่องพาหะสงสัย ได้แก่ *An. barbirostris* จำนวน 26 ตัว และยุงก้นปล่องอื่น ๆ อีก 4 ชนิด ได้แก่ *An. tessellatus* จำนวน 14 ตัว *An. kochi* จำนวน 6 ตัว *An. saeungae* จำนวน 2 ตัว *An. crawfordi* จำนวน 1 ตัว และไม่สามารถระบุชนิดได้ จำนวน 1 ตัว (ภาพที่ 4) และตรวจหาเชื้อมาลาเรียในยุงก้นปล่องด้วยวิธี Nested PCR โดยผลตรวจไม่พบเชื้อ *Plasmodium*



รูปที่ 4 แสดงชนิดและจำนวนยุงก้นปล่องที่จับได้ในแต่ละช่วงเวลา

การติดตามผลการรักษา

ผู้ป่วยโรคไข้มาลาเรียทุกรายได้รับการติดตามผลการรักษาครบ 4 ครั้ง (วันที่ 14, 28, 60 และ 90 หลังจากได้รับยา) เป็นไปตามมาตรฐานตามแนวทางเวชปฏิบัติในการรักษาผู้ป่วยโรคไข้มาลาเรีย พ.ศ. 2562 (ตารางที่ 1)

ตารางที่ 1 สรุปการสอบสวนโรค การรักษา และการดำเนินการควบคุมโรคไข้มาลาเรียชนิด *P. vivax* ทั้ง 4 ราย

รายที่	รายละเอียดผู้ป่วย	การตัดสินใจการติดเชื้อ	การรักษา	การติดตามผล การรักษา
1	เพศหญิง อายุ 50 ปี อาชีพ ค้าขาย	B case จากพื้นที่ A1 (import case: Bo)	Chloroquine 250 mg. 5 เม็ด Primaquine 15 mg. 14 เม็ด	ครบ 90 วัน ผลฟิล์มเลือดเป็นลบ
2	เพศหญิง อายุ 17 ปี อาชีพ นักเรียน	A case ในพื้นที่ B1 (indigenous case)	Chloroquine 250 mg. 6.5 เม็ด Primaquine 15 mg. 14 เม็ด	ครบ 90 วัน ผลฟิล์มเลือดเป็นลบ
3	เพศชาย อายุ 34 ปี อาชีพ เลี้ยงสัตว์	A case ในพื้นที่ B1 (indigenous case)	Chloroquine 250 mg. 10 เม็ด Primaquine 15 mg. 14 เม็ด	ครบ 90 วัน ผลฟิล์มเลือดเป็นลบ
4	เพศชาย อายุ 11 ปี อาชีพ นักเรียน	B case ในพื้นที่ B1 (import case: Bx)	Chloroquine 250 mg. 3 เม็ด Primaquine 15 mg. 14 เม็ด	ครบ 90 วัน ผลฟิล์มเลือดเป็นลบ

วิจารณ์

การระบาดของเชื้อมาลาเรียชนิด *P. vivax* ในพื้นที่ B1

ผู้ป่วยรายที่ 1 ในการป่วยครั้งที่ 2 ยืนยันไม่มีประวัติไปในพื้นที่เสี่ยงในช่วงระยะฟักตัวของเชื้อ *P. vivax* (12-17 วัน)⁽⁴⁾ และในพื้นที่ผู้ป่วยรายที่ 1 อาศัยอยู่จัดเป็นพื้นที่ B1⁽⁵⁾ สันนิษฐานผู้ป่วยรายที่ 1 อาจป่วยโรคไข้มาลาเรียได้ 2 ประเภท 1) ไข้มาลาเรียแบบการติดเชื้อในระยะต้น โดยผู้ป่วยรายที่ 1 ที่มีการป่วยครั้งที่ 2 ห่างจากการป่วยครั้งแรก 5 เดือน โดยไม่มีประวัติไปในพื้นที่เสี่ยงในช่วงระยะฟักตัวของเชื้อมาลาเรียชนิด *P. vivax* ซึ่งสอดคล้องกับการศึกษาของ V. Andrianaranjaka และคณะ ในปี 2013 และ H. Xi และคณะ ในปี 2019 ซึ่งรายงานการกลับมาป่วยโรคไข้มาลาเรียชนิด *P. vivax* ได้มากกว่า 16 เดือน หลังจากการติดเชื้อครั้งแรก⁽¹¹⁻¹²⁾ และ 2) ไข้มาลาเรียแบบระยะในเม็ดเลือดแดงแบบไม่มีอาการจากการศึกษาของ G. Almeida ในปี 2021 พบว่าในประชากรสามารถติดเชื้อมาลาเรียชนิด *P. vivax* โดยไม่แสดงอาการ และสามารถหายได้เอง⁽¹³⁾ ผู้ป่วยรายที่ 1 อาจติดเชื้อมาลาเรียชนิด *P. vivax* ระยะในเม็ดเลือดแดงแบบไม่มีอาการ ตลอดระยะเวลา 5 เดือนโดยไม่มีอาการ และเป็นสาเหตุของการระบาดของเชื้อมาลาเรียชนิด *P. vivax* ในพื้นที่ B1 และนำไปสู่การติดเชื้อมาลาเรียชนิด *P. vivax* ของผู้ป่วยรายที่ 2-4 ซึ่งผู้ป่วยทั้ง 3 ราย มีกิจกรรมในพื้นที่ร่วมกันเป็นสวนยางพาราหลังบ้านของผู้ป่วยรายแรก จากการสอบสวนยืนยันว่าบริเวณดังกล่าวเป็นแหล่งแพร่เชื้อมาลาเรีย มีปัจจัยเอื้ออำนวยสิ่งแวดล้อมในการเป็นพื้นที่แพร่เชื้อมาลาเรีย โดยกลุ่มบ้านคอกลมุดเคยถูกจัดเป็นพื้นที่ A1 ก่อนปี 2561 และในปี 2564 ปรับระยะพื้นที่เป็น B1⁽⁵⁾ ดังนั้นการระบาดครั้งนี้มีความสำคัญที่ทำให้เห็นว่ายังควรมีการเฝ้าระวังโรคไข้มาลาเรีย แม้พื้นที่ดังกล่าวเป็นพื้นที่ B1 แต่ยังมีความเสี่ยงด้วยความพร้อมทั้งสิ่งแวดล้อมและยุทธศาสตร์ในการเริ่มต้นโรคไข้มาลาเรียครั้งใหม่

สิ่งแวดล้อมและยุงก้นปล่องต้องสงสัยในพื้นที่กลุ่มบ้านคอกลมุด

กลุ่มบ้านคอกลมุดมีปัจจัยเอื้ออำนวยสิ่งแวดล้อม ที่ตั้งของหมู่บ้านมีลักษณะป่าล้อมรอบ มีแหล่งน้ำที่สามารถเป็นที่อาศัยและเป็นแหล่งเพาะพันธุ์ของยุงก้นปล่องได้ อย่างไรก็ตามจากการรายงานและงานวิจัยที่เกี่ยวข้องของ อุษาวดี และคณะ ปี พ.ศ. 2544 มีการรายงานพาหะต้องสงสัย 4 ชนิดคือ *An. philippinensis*, *An. barbirostris*, *An. campestris* และ *An. culicifacies*⁽²⁹⁾ จากการศึกษาและทบทวนวรรณกรรมของ ชุตติพงศ์ สุขชนะนทร์ และคณะในปี พ.ศ. 2565 พบว่ายุงก้นปล่องที่มีการตรวจพบเชื้อมาลาเรียชนิด *P. vivax* นอกจากพาหะหลักและพาหะรองแล้ว ยังมีการตรวจพบสารพันธุกรรมของเชื้อมาลาเรียชนิด *P. vivax* ในยุงก้นปล่องอีกหลายชนิดโดยเฉพาะในพาหะต้องสงสัย ได้แก่ *An. barbirostris*, *An. philippinensis*, *An. campestris* และ *An. kochi*⁽³⁰⁾ และจากการศึกษาของ P. Sriwichai และคณะในปี ค.ศ. 2016 โดยใช้วิธีไอโซลาและเนสเตดพีซีอาร์ที่จำเพาะต่อเชื้อ *P. vivax* พบว่า *An. barbirostris* มีการตรวจพบโปรตีน PV210 ของเชื้อ *P. vivax*⁽³¹⁾ ซึ่งสัมพันธ์กับการศึกษาของ M. Sinka และ คณะในปี พ.ศ. 2012 ในด้านสายพันธุ์เด่นของยุงก้นปล่องในแต่ละพื้นที่โดย *An. barbirostris* มีความเด่นในพื้นที่เอเชีย⁽³²⁾ การศึกษาของเพชรบูรณ์ พูลผล และคณะในปี พ.ศ. 2560 ด้านการศึกษาทางนิเวศวิทยา การเปลี่ยนแปลงฤดูกาล สภาพแวดล้อม พบว่า *An. philippinensis*

มีแนวโน้มที่จะมีศักยภาพในการนำเชื้อมาลาเรียได้มากขึ้นจากเดิมที่เป็นเพียงพาหะต้องสงสัย⁽³³⁾ ซึ่งสอดคล้องกับการศึกษาของ A. Tsegaye และคณะ ในปี ค.ศ. 2022 ยืนยันว่ายุงก้นปล่องที่เคยตัดสินเป็นพาหะต้องสงสัยได้แก่ *An. coustani* complex และ *An. pharoensis* ในประเทศเอธิโอเปียสามารถพัฒนาศักยภาพและนำเชื้อ *P. vivax* และ *P. falciparum* ได้เมื่อเวลาผ่านไป ซึ่งบ่งชี้ว่าพาหะต้องสงสัยเหล่านี้อาจมีบทบาทสำคัญต่อการแพร่กระจายของเชื้อมาลาเรียในบางพื้นที่⁽³⁴⁾ และจากการศึกษาทางอนุชีววิทยาภูมิคุ้มกันของ กิรติและคณะ ในปี พ.ศ. 2563 และ พ.ศ. 2568 พบยุงก้นปล่องแต่ละชนิดมีศักยภาพในการนำเชื้อมาลาเรียขึ้นอยู่กับยีนต้องสงสัยในยุงก้นปล่องที่ช่วยให้เชื้อมาลาเรียเจริญเติบโตได้ ซึ่งยีนเหล่านี้มีการเปลี่ยนแปลงระดับการแสดงออกได้ในประชากรของยุงก้นปล่องแต่ละที่ การศึกษาดังกล่าวสามารถชี้ให้เห็นว่าเมื่อเวลาผ่านไปความแปรผันทางพันธุกรรมของยุงก้นปล่องสามารถพัฒนาศักยภาพในการเป็นพาหะต้องสงสัยสู่การเป็นพาหะหลักในพื้นที่ระบาดได้⁽³⁵⁻³⁶⁾ อย่างไรก็ตามจากการสำรวจยุงพาหะนำโรคในกลุ่มบ้านคอลอมุดอซึ่งพบผู้ป่วยไข้มาลาเรียชนิด *P. vivax* จำนวน 4 ราย พบยุงก้นปล่อง 5 ชนิด ได้แก่ *An. barbirostris*, *An. tessellatus*, *An. kochi*, *An. saeungae*, และ *An. crawfordi* และไม่พบพาหะหลักหรือพาหะรอง จากการศึกษาที่กล่าวมาข้างต้น *An. barbirostris* และ *An. kochi* มีแนวโน้มที่จะเป็นพาหะสำคัญในพื้นที่และสามารถแพร่กระจายเชื้อมาลาเรีย *P. vivax* ได้ จากผลการสำรวจในพื้นที่พบว่า *An. barbirostris* เป็นชนิดที่พบมากที่สุด อาจมีปัจจัยทางสิ่งแวดล้อมที่ทำให้บางชนิดพบมากกว่าชนิดอื่น ๆ เช่น แหล่งน้ำ คุณภาพอากาศ หรือการใช้สารเคมีกำจัดยุงควรศึกษาปัจจัยที่มีผลต่อการกระจายตัวของยุงเพิ่มเติม เช่น ฤดูกาล หรือแหล่งที่อยู่อาศัย⁽³⁰⁻³¹⁾ ดังนั้นควรเน้นศึกษาไปที่ *An. barbirostris* เป็นหลัก ซึ่งอาจมีบทบาทสำคัญในการแพร่เชื้อมาลาเรียในชุมชน การพบผู้ป่วยไข้มาลาเรียชนิด *P. vivax* สัมพันธ์กับการพบยุงก้นปล่องในพื้นที่ ซึ่งอาจเป็นตัวบ่งชี้ถึงความเสี่ยงของการแพร่ระบาดของโรค หากไม่มีมาตรการควบคุมที่มีประสิทธิภาพ

สรุป

จากการสอบสวนกรณีผู้ป่วยมาลาเรียชนิด *P. vivax* จำนวน 4 รายในพื้นที่บ้านคอลอมุดอ พบว่าผู้ป่วยรายที่ 1 มีความเป็นไปได้ว่าเป็นการกลับเป็นซ้ำของเชื้อจากระยะดับ หรืออาจเป็นการติดเชื้อแบบไม่แสดงอาการในระยะเม็ดเลือดแดงยาวนานก่อนแสดงอาการ โดยไม่มีประวัติการเดินทางไปพื้นที่เสี่ยง ขณะที่ผู้ป่วยรายที่ 2-4 มีประวัติทำกิจกรรมร่วมกันในสวนยางซึ่งตั้งอยู่ใกล้เคียงกับบ้านของผู้ป่วยรายแรก และพื้นที่ดังกล่าวมีลักษณะทางสิ่งแวดล้อมที่เอื้อต่อการเพาะพันธุ์ยุงก้นปล่อง ได้แก่ การมีป่าล้อมรอบและแหล่งน้ำธรรมชาติ จากการสำรวจพบยุงก้นปล่อง 5 ชนิด ได้แก่ *An. barbirostris*, *An. tessellatus*, *An. kochi*, *An. saeungae* และ *An. crawfordi* แม้ไม่พบพาหะหลักหรือพาหะรอง แต่มีหลักฐานวิชาการสนับสนุนว่า *An. barbirostris* และ *An. kochi* มีแนวโน้มที่จะมีศักยภาพในการนำเชื้อมาลาเรีย *P. vivax* และอาจมีบทบาทสำคัญในพื้นที่ที่เกิดการเปลี่ยนแปลงทางสิ่งแวดล้อม

ข้อเสนอแนะ

การเฝ้าระวังและติดตามการเปลี่ยนแปลงของประชากรยุงพาหะอย่างต่อเนื่อง โดยเฉพาะ *An. barbirostris* ซึ่งเป็นชนิดที่พบมากที่สุดในพื้นที่ ถือเป็นมาตรการสำคัญในการควบคุมโรคไข้มาลาเรีย นอกจากนี้ยังควรดำเนินการมาตรการควบคุมยุงพาหะอย่างรัดกุม เช่น การใช้มุ้งชุบสารเคมี การกำจัดแหล่งเพาะพันธุ์ยุง และการฉีดพ่นสารเคมีกำจัดยุงในพื้นที่เสี่ยง ควบคู่ไปกับการศึกษาความสามารถในการเป็นพาหะของยุงก้นปล่องแต่ละชนิด โดยการตรวจหาเชื้อมาลาเรียในยุงก้นปล่องที่จับได้ เพื่อยืนยันว่าชนิดใดเป็นตัวแพร่เชื้อในพื้นที่ ซึ่งข้อมูลนี้จะช่วยในการวางแผนควบคุมได้อย่างมีประสิทธิภาพมากขึ้น อีกทั้งการสร้างความรู้ความตระหนักรู้แก่ชุมชนเกี่ยวกับการป้องกันโรคไข้มาลาเรียและการลดแหล่งเพาะพันธุ์ยุงก้นปล่อง ก็มีบทบาทสำคัญในการลดความเสี่ยงของการติดเชื้อในอนาคต นอกจากนี้ยังควรส่งเสริมการขับเคลื่อนทางสังคมผ่านการสร้างเครือข่ายและความร่วมมือในระดับชุมชน เช่น การค้นหาผู้ป่วยเชิงรุกในกลุ่มเสี่ยง การพัฒนานักกิจกรรมการสื่อสารเพื่อเปลี่ยนแปลงพฤติกรรมในการป้องกันยุงก้นปล่อง และการณรงค์ให้ประชาชนใช้มุ้งชุบสารเคมีอย่างถูกต้องและต่อเนื่อง

กิตติกรรมประกาศ (Acknowledgement)

การศึกษานี้สำเร็จได้ด้วยดี จากความร่วมมือหลายท่าน คณะผู้ศึกษาขอขอบคุณมา ณ โอกาสนี้ ขอขอบคุณเจ้าหน้าที่ศูนย์ควบคุมโรคติดต่ออำเภอแม่ลาน้อย 12.2 สงขลา สำนักงานสาธารณสุขจังหวัดสงขลา สำนักงานสาธารณสุขอำเภอสะบ้าย้อย โรงพยาบาลสะบ้าย้อย และโรงพยาบาลส่งเสริมสุขภาพตำบลวังโ๊ะ ที่ให้ความอนุเคราะห์ข้อมูล และคำปรึกษาในงานครั้งนี้

เอกสารอ้างอิง

1. Tainchum K, Kongmee M, Manguin S, Bangs MJ, Chareonviriyaphap T. *Anopheles* species diversity and distribution of the malaria vectors of Thailand. Trends Parasitol. 2015;31(3):109-19.
2. Zhang C, Yang R, Wu L, Luo C, Yang Y, Deng Y, et al. Survey of malaria vectors on the Cambodia, Thailand and China-Laos Borders. Malar J. 2022;21(399):1-12.
3. นันทวดี เนียมนุ้ย. โรคมาลาเรีย (Malaria). วารสารเทคนิคการแพทย์. 2555;40:4289-99.
4. Division of Vector-Borne Diseases, Department of Disease Control, Ministry of Public Health. Clinical practice guidelines for the treatment of malaria patients, 2021. Nonthaburi: Ministry of Public Health; 2021.
5. Thailand malaria elimination program. Malaria online [internet]. 2025 [cited 2025 April 10]. Available from: <https://malaria.ddc.moph.go.th/malariar10/home.php>.
6. World Health Organization. Malaria fact sheet [internet]. 2023 [cited 2025 April 10]. Available from: <https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/malaria>.
7. Wells TNC, Burrows JN, Baird JK. Targeting the hypnozoite reservoir of *Plasmodium vivax*: the hidden obstacle to malaria elimination. Trends Parasitol. 2010;26(3):145-51.
8. Flannery EL, Kangwanransan N, Chuenchob V, Roobsoong W, Fishbaugher M, Zhou K, et al. *Plasmodium vivax* latent liver infection is characterized by persistent hypnozoites, hypnozoite-derived schizonts, and time-dependent efficacy of primaquine. Mol Ther Methods Clin Dev. 2022;26:427-40.
9. Noviyanti R, Carey-Ewend K, Trianty L, Parobek C, Puspitasari AM, Balasubramanian S, et al. Hypnozoite depletion in successive *Plasmodium vivax* relapses. PLoS Negl Trop Dis. 2022;0010648.
10. Hulden L, Hulden L. Activation of the hypnozoite: a part of *Plasmodium vivax* life cycle and survival. Malar J. 2011;10:90.
11. Andrianaranjaka V, Lin JT, Golden C, Juliano JJ, Randrianariveolosia M. Activation of minority-variant *Plasmodium vivax* hypnozoites following artesunate + amodiaquine treatment in a 23-year old man with relapsing malaria in Antananarivo, Madagascar. Malar J. 2013;12:177.
12. He X, Pan M, Zeng W, Zou C, Pi L, Qin Y, et al. Multiple relapses of *Plasmodium vivax* malaria acquired from West Africa and association with poor metabolizer CYP2D6 variant: a case report. BMC Infect Dis. 2019;19:704.
13. Chu CS, White NJ. Management of relapsing *Plasmodium vivax* malaria. Expert Rev Anti Infect Ther. 2016;14(10):885-900.
14. Almeida GG, Costa PAC, Araujo MS, Gomes GR, Carvalho AF, Figueiredo MM, et al. Asymptomatic *Plasmodium vivax* malaria in the Brazilian Amazon: Submicroscopic parasitemic blood infects *Nyssorhynchus darlingi*. PLoS Negl Trop Dis. 2021;15(10): e0009077.
15. World Health Organization. Microscopy examination of thick and thin blood films for identification of malaria parasites [Internet]. 2016 [cited 2025 April 10]. Available from: <https://iris.who.int/bitstream/handle/10665/340464/WHO-HTM-GMP-MM-SOP-2016.08-eng.pdf>.
16. World Health Organization. Malaria rapid diagnostic test performance: results of WHO product testing of malaria RDTs: round 3 (2010-2011) [Internet]. [cited 2025 April 10]. Available from: <https://iris.who.int/handle/10665/325860>.
17. Mathison BA, Pritt BS. Update on malaria diagnostics and test utilization. J Clin Microbiol. 2017;55(7):2009-17.
18. World Health Organization. Entomological field techniques for malaria control. 1992.

19. Suwankerd W, Wongkhatikun S, Boonte T. Pictorial key of female *Anopheles* in Thailand. Bangkok: The Future Print; 1997.
20. Rattanarithikul R, Harrison BA, Harbach RE, Panthusiri P, Coleman RE. Illustrated keys to the mosquitoes of Thailand. IV. *Anopheles*. Southeast Asian J Trop Med Public Health. 2006;37(2):1–128.
21. Johnston SP, Pieniazek NJ, Xayavong MV, Slemenda SB, Wilkins PP, da Silva AJ. PCR as a confirmatory technique for laboratory diagnosis of malaria. J Clin Microbiol. 2006;44(3):1087–9.
22. Genc A, Eroglu F, Koltas IS. Detection of *Plasmodium vivax* by nested PCR and real-time PCR. Korean J Parasitol. 2010;48(2):99–103.
23. Malaria case investigation report, Saba Yoi District, Songkhla Province. 2024.
24. Medical Records Unit, Saba Yoi Hospital, Songkhla Province. 2024.
25. Thavara U, Chansaeng C, Suwankerd W, Chomphusi C, Thawatsin A. Biology, ecology and control of mosquitoes in Thailand. National Institute of Health, Department of Medical Sciences, Ministry of Public Health.
26. Sukkanon C, Masangkay FR, Mala W, Kotepui KU, Wilairatana P, Chareonviriyaphap T, et al. Prevalence of *Plasmodium* spp. in *Anopheles* mosquitoes in Thailand: a systematic review and meta-analysis. Parasit Vectors. 2022;15:285.
27. Sriwichai P, Samung Y, Sumruayphol S, Kiattibutr K, Kumpitak C, Payakkapol A, et al. Natural human *Plasmodium* infections in major *Anopheles* mosquitoes in western Thailand. Parasit Vectors. 2016;9:17.
28. Sinka ME, Bangs MJ, Manguin S, Rubio-Palis Y, Chareonviriyaphap T, Coetzee M, Mbogo CM, Hemingway J, Patil AP, Temperley WH, Gething PW, Kabaria CW, Burkot TR, Harbach RE, Hay SI. A global map of dominant malaria vectors. Parasit Vectors. 2012;5:69.
29. Poolphol P, Harbach RE, Sriwichai P, Aupalee K, Sattabongkot J, Kumpitak C, et al. Natural *Plasmodium vivax* infections in *Anopheles* mosquitoes in a malaria endemic area of northeastern Thailand. Parasitol Res. 2017;116(12):3349–59.
30. Tsegaye A, Demissew A, Hawaria D, Getachew H, Habtamu K, Asale A, et al. Susceptibility of primary, secondary and suspected vectors to *Plasmodium vivax* and *Plasmodium falciparum* infection in Ethiopia. Parasit Vectors. 2022;15(1):384.
31. Kittiwattanawong K, Ponlawat A, Boonrotpong S, Na Nakorn N, Kongchouy N, Moonmake S, et al. The effect of *Plasmodium vivax* infection on SOCS gene expression in *Anopheles dirus* (Diptera: Culicidae). Trop Biomed. 2020;37(2):397–408.
32. Kittiwattanawong K, Phengsakul T, Moonmek S. A systematic review: the relationship between immune system genes in *Anopheles* mosquitoes and malaria infection. jodpc12sk. 2024;2(2):1-8.