

ในการสำรวจระยะยาวเกี่ยวกับการกระจายของเชื้อมาลาเรียชนิดต่าง ๆ ในประเทศไทยโดยการตรวจวินิจฉัยมาลาเรียโดยวิธีตรวจหาเชื้อจากฟิล์มโลหิตที่ย้อมสีมอซายภายใต้กล้องจุลทรรศน์และการตรวจโดยวิธีปฏิกิริยาลูกโซ่โพลีเมอร์เรสเพื่อเพิ่มปริมาณของยีนโรโบโซมหน่วยย่อยขนาดเล็กของเชื้อมาลาเรียทั้ง 4 ชนิดของคน รวมทั้งเชื้อมาลาเรียชนิดพลาสโมเดียมโนวลิไซต์ ซึ่งเมื่อไม่นานมานี้มีการตรวจพบผู้ป่วยที่ติดเชื้อพลาสโมเดียมโนวลิไซต์ในประเทศไทย แผลมมลาญู เกาะบอร์เนียวในส่วนของประเทศมาเลเซียและประเทศฟิลิปปินส์ ในการศึกษานี้ได้รวบรวมตัวอย่างเชื้อมาลาเรียในปี ค.ศ. 2006 ถึง 2008 จำนวนทั้งสิ้น 1,859 ตัวอย่างจากเขตปรากฏโรคมาลาเรียตามชายแดนของประเทศไทย ผลการสำรวจตัวอย่างทั้งหมดที่รวบรวมมานั้นพบเชื้อมาลาเรียจากการตรวจภายใต้กล้องจุลทรรศน์จำนวน 908 ตัวอย่าง โดยพบว่าร้อยละ 32.0 เป็นเชื้อพลาสโมเดียมฟัลซิพารัม ร้อยละ 67.0 เป็นเชื้อพลาสโมเดียมไวแวกซ์ ร้อยละ 0.2 เป็นเชื้อพลาสโมเดียมมาลาเรียอี และร้อยละ 0.8 เป็นการติดเชื้อร่วมกันระหว่างพลาสโมเดียมฟัลซิพารัมและพลาสโมเดียมไวแวกซ์ สำหรับผลการตรวจหาเชื้อมาลาเรียจากวิธีปฏิกิริยาลูกโซ่โพลีเมอร์เรสพบตัวอย่างที่มีเชื้อมาลาเรียเพิ่มขึ้นมากกว่าวิธีการตรวจหาเชื้อภายใต้กล้องจุลทรรศน์จำนวน 115 ตัวอย่างและวิธีปฏิกิริยา ลูกโซ่โพลีเมอร์เรสตรวจพบการติดเชื้อมาลาเรียมากกว่า 1 ชนิดคิดเป็นร้อยละ 12.0 ทั้งนี้การติดเชื้อมาลาเรียมากกว่า 1 ชนิดมีอุบัติการณ์สูงในประชากรเชื้อมาลาเรียจากเขตปรากฏโรคทางเหนือและตะวันตกของประเทศ เป็นที่น่าสังเกตว่าตัวอย่างเชื้อมาลาเรียจากผู้ป่วย 1 รายจากภาคใต้ให้ผลการตรวจเป็นบวกโดยวิธีปฏิกิริยาลูกโซ่โพลีเมอร์เรสเมื่อใช้ไพรเมอร์ที่จำเพาะต่อพลาสโมเดียมโนวลิไซต์ในขณะที่เชื้อมาลาเรียดังกล่าวมีสัณฐานคล้ายเชื้อพลาสโมเดียมมาลาเรียอี สำหรับการวิเคราะห์สายพันธุ์ของพลาสโมเดียมฟัลซิพารัมจากการตรวจสอบยีนที่สร้างโปรตีนสปอร์โรซอยต์หรืออินเนสพาราจินิกซ์ และส่วนที่ 2 ของโปรตีนบนผิวเมอร์โรซอยต์ชนิดที่ 1 พบว่าประชากรเชื้อดังกล่าวมีความหลากหลายทางพันธุกรรม นอกจากนี้ยังพบว่าตัวอย่างเชื้อพลาสโมเดียมฟัลซิพารัมมีอัตราการปะปนกันของเชื้อต่างสายพันธุ์เกิดขึ้นบ่อยในประชากรเชื้อจากตอนเหนือและตะวันตกมากกว่าทางตะวันออกและทางใต้ของประเทศ ในทำนองเดียวกันเมื่อทำการวิเคราะห์เชื้อพลาสโมเดียมไวแวกซ์ในส่วนที่ 6 ของยีนสำหรับโปรตีนบนผิวเมอร์โรซอยต์ชนิดที่ 1 พบว่ามีความหลากหลายทางพันธุกรรมระหว่างสายพันธุ์เช่นกัน อย่างไรก็ตามอัตราการปะปนกันของเชื้อต่างสายพันธุ์เกิดขึ้นใกล้เคียงกันในประชากรพลาสโมเดียมไวแวกซ์จากภูมิภาคที่แตกต่างกันของประเทศโดยพบตั้งแต่ร้อยละ 19.1 ถึง 23.2 แสดงถึงความแตกต่างกันในลักษณะการติดเชื้อปะปนกันระหว่างเชื้อพลาสโมเดียมฟัลซิพารัมและพลาสโมเดียมไวแวกซ์ สำหรับการวิเคราะห์ลำดับเบสของยีนสำหรับไซโตโครมบีในไมโตคอนเดรียของพลาสโมเดียมโนวลิไซต์จากผู้ป่วยในการสำรวจนี้พบว่าจัดอยู่ในสายใยพันธุกรรมเดียวกับเชื้อที่พบในลิงมาแคคและต่างกลุ่มจากเชื้อชนิดเดียวกันที่พบในผู้ป่วยจากเกาะซาราวัก ดังนั้นเชื้อมาลาเรียที่พบในผู้ป่วยในประเทศไทยมีความแตกต่างกันตามภูมิภาคในเชิงอุบัติการณ์ การกระจายชนิดของเชื้อและอัตราการติดเชื้อต่างสายพันธุ์ร่วมกันในตัวอย่างเดียวกันซึ่งมีผลกระทบต่อการวางมาตรการระดับชาติในการควบคุมโรคมาลาเรีย

A longitudinal survey of malaria species distribution in Thailand was performed by microscopy-based method using Giemsa's stained blood smears and polymerase chain reaction (PCR)-based detection using species specific primers targeting the small subunit ribosomal RNA genes of the four human malaria species and *Plasmodium knowlesi*. Human infections with *P. knowlesi* have recently been found in humans in Thailand, Malay Peninsula, Malaysian Borneo and The Philippines. During 2006-2008, a total of 1,859 blood samples from febrile patients in malaria endemic areas along international borders of Thailand were recruited in this study. Of these, 908 isolates contained malaria parasites as detected by microscopy, comprising 32.0% *P. falciparum*, 67.0% *P. vivax*, 0.2% *P. malariae* and 0.8% coinfection of *P. falciparum* and *P. vivax*. On the other hand, the results from the PCR-based method clearly outperformed those from microscopy because additional 115 positive cases and more multi-species infections (12.0%) were found by the former method. Mixed species infections were remarkably prevalent in malaria populations in northern and western endemic areas of the country. It is noteworthy that an isolate from a patient in southern Thailand gave positive test for *P. knowlesi*-specific primers while the morphology of the parasites in blood smear resembled that of *P. malariae*. Analysis of *P. falciparum* strains inferred from the genes encoding sporozoite-threonine-asparagine-rich protein and block 2 of the merozoite surface protein-1 has revealed genetic polymorphism at these loci. Importantly, multiple clone infections were more commonly identified among *P. falciparum* populations from northern and western areas than those from eastern and southern regions. Likewise, genetic polymorphism occurred in the genes encoding block 6 of *P. vivax*. However, multiple clone infections of *P. vivax* were almost equally distributed throughout all endemic regions, ranging from 19.1 to 23.2%, suggesting differential patterns of clonal mixture in *P. falciparum* and *P. vivax* populations in Thailand. Meanwhile, the mitochondrial cytochrome b sequence of *P. knowlesi* isolated from a patient in this survey was phylogenetically clustered with those derived from macaque monkeys while those from Sarawak patients were placed in a disparate clade. Therefore, malaria parasites that circulate among patients in Thailand display spatial difference in prevalence, species distribution and multiple clone infections that could have impact on a nation-wide malaria control policy.