

นิพนธ์ต้นฉบับ

Original Article

การศึกษาย้อนหลังของการติดเชื้อไวรัสโบคาในผู้ป่วยโรงพยาบาลรามธิบดี

ระหว่างปี พ.ศ. 2555-2565

A Retrospective Study of Human Bocavirus Infection in Patients at Ramathibodi Hospital between 2012 to 2022

ตรีวัฒน์ วัฒนะโชคชัย¹กิงกาญจน์ รักษ์มณี¹มนัสนันท์ บุญญานวัตร²สิริพิชญา พลายแก้ว²ประพันธ์ สุขสุเดช³วอทันยู นครศรี⁴วุฒิพงษ์ ใจหาญ⁵พิเชฐ ยุทธนาการวิกรม¹ละออ ชัยลือกิจ¹Treewat Watthanachockchai¹Kingkan Rakmanee¹Manutsanun Boonyanuwat²Sirapichaya Phlykaew²Praphan Suksudej³Vorthunju Nakhonsri⁴Wutipong Jaihan⁵Pichet Yutthanakarnwikom¹La-or Chailurkit¹¹คณะแพทยศาสตร์โรงพยาบาลรามธิบดี

มหาวิทยาลัยมหิดล

¹Faculty of Medicine, Ramathibodi Hospital,

Mahidol University

²คณะวิทยาศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย²Faculty of Science, Chulalongkorn University³ห้องปฏิบัติการคลินิกเทคนิคการแพทย์

บริษัท แล็บเฮ้าส์ชลบุรี จำกัด

³Clinical Laboratory of Medical Technology,

Lab House Chonburi Co., Ltd.

⁴ธนาคารทรัพยากรชีวภาพแห่งชาติ

สำนักงานพัฒนาวิทยาศาสตร์และ

เทคโนโลยีแห่งชาติ

⁴National Biobank of Thailand, National Science

and Technology Development Agency

⁵คณะวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี

มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีราชมงคลธัญบุรี

⁵Faculty of Science and Technology,

Rajamangala University

of Technology Thanyaburi

DOI: 10.14456/dcj.2026.33

Received: August 15, 2025 | Revised: April 2, 2026 | Accepted: May 1, 2026

บทคัดย่อ

ไวรัสโบคา (bocavirus: BoV) เป็นสาเหตุสำคัญของโรคติดเชื้อระบบทางเดินหายใจ โดยเฉพาะในเด็กเล็ก การศึกษานี้มีวัตถุประสงค์เพื่อหาความชุกและศึกษาปัจจัยที่มีความสัมพันธ์กับการติดเชื้อไวรัสโบคา ได้แก่ เพศ กลุ่มอายุ ชนิดของสิ่งส่งตรวจ และช่วงระยะเวลาการแพร่ระบาดของโรค COVID-19 ในผู้ป่วยที่ส่งตัวอย่างมาตรวจวิเคราะห์ ณ ห้องปฏิบัติการไวรัสวิทยา คณะแพทยศาสตร์โรงพยาบาลรามธิบดี ระหว่างปี พ.ศ. 2555-2565

โดยวิเคราะห์ข้อมูลย้อนหลัง จากตัวอย่างทางคลินิก 41,807 ตัวอย่าง ผลการศึกษา พบผู้ติดเชื้อไวรัสโบคาจำนวน 1,774 ราย ร้อยละ 4.24 มีร้อยละของผู้ติดเชื้อสูงในช่วงเดือน มิถุนายน-สิงหาคม และพบผู้ติดเชื้อไวรัสโบคาสูงสุดในเดือนสิงหาคมของทุกปี จากการวิเคราะห์ด้วย multivariable logistic regression พบว่าผู้ป่วยเด็กอายุน้อยกว่า 12 ปี มีความสัมพันธ์กับการติดเชื้อไวรัสโบคาอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติเมื่อเทียบกับกลุ่มผู้สูงอายุ โดยกลุ่มที่มีความเสี่ยงสูงสุดคือ toddler (Adjusted OR=21.28, 95% CI=14.12–32.07), รองลงมาคือได้แก่ newborn and infant (Adjusted OR=16.01, 95% CI=10.53–24.32), preschooler (Adjusted OR=7.23, 95% CI=4.60–11.37) และ school-aged child (Adjusted OR=2.51, 95% CI=1.37–4.62) ตามลำดับ นอกจากนี้ยังพบว่า ช่วงเวลาหลังการแพร่ระบาดของโรค COVID-19 มีความสัมพันธ์กับการตรวจพบเชื้อเพิ่มขึ้น 1.61 เท่า (Adjusted OR=1.61, 95% CI=1.25–2.08) อย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ ในขณะที่ปัจจัยด้านเพศ และชนิดของสิ่งส่งตรวจจากระบบทางเดินหายใจไม่พบความสัมพันธ์กับการตรวจพบเชื้อไวรัสโบคาอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ จากการศึกษาข้อมูลย้อนหลัง 10 ปีนี้ สามารถนำมาใช้เป็นข้อมูลพื้นฐานที่สำคัญในการระบุกลุ่มเสี่ยง พยากรณ์โรคเชิงฤดูกาล และมีความเข้าใจเกี่ยวกับเชื้อไวรัสโบคาเพิ่มมากขึ้น ช่วยให้เราสามารถนำข้อมูลเหล่านี้ไปใช้เตรียมความพร้อมเพื่อหาแนวทางป้องกัน และส่งเสริมความรู้ในการเฝ้าระวังเพื่อควบคุมโรคติดเชื้อไวรัสโบคาได้อย่างมีประสิทธิภาพมากยิ่งขึ้น

ติดต่อผู้พิมพ์: ละออ ชัยลือกิจ

อีเมล: laor.cha@mahidol.ac.th

Abstract

Bocavirus (BoV) has been identified as a significant causative agent of respiratory infections, particularly in young children. The objective of this study was to ascertain the prevalence of BoV infection and to investigate the factors associated with it, including gender, age group, type of sample, and the period of the COVID-19 outbreak. The study focused on patients whose samples were analysed at the Virology Laboratory, Faculty of Medicine, Ramathibodi Hospital, between 2012 and 2022. The present study demonstrates that 1,774 individuals were infected with the BoV, representing 4.24% of all cases. The period of greatest incidence of outbreaks occurs from June to August, with the highest number of cases of BoV infections occurring in August of each year. Multivariable logistic regression analysis revealed a statistically significant association between children under 12 years of age and BoV infection compared to the elderly group. The group with the highest risk was toddlers (Adjusted OR=21.28, 95% CI=14.12–32.07), followed by newborns and infants (Adjusted OR=16.01, 95% CI=10.53–24.32), preschoolers (Adjusted OR=7.23, 95% CI=4.60–11.37), and school-aged children (Adjusted OR=2.51, 95% CI=1.37–4.62), in that order. Moreover, the period following the emergence of the novel strain of the virus was found to be significantly associated with a 1.61-fold increase in detected cases (Adjusted OR=1.61, 95% CI=1.25–2.08). The present study found no statistically significant association between gender and the type of respiratory sample, and the presence of the BoV. This retrospective study, encompassing a 10-year period, is poised to furnish pivotal baseline data, facilitating the identification of high-risk groups, the prediction of seasonal disease patterns, and the enhancement of comprehension regarding the BoV. This facilitates the utilisation of the aforementioned information for the purpose of preparing for and implementing

preventive measures, in addition to the promotion of knowledge in surveillance for the more effective control of BoV infection.

Correspondence: La-or Chailurkit

E-mail: laor.cha@mahidol.ac.th

คำสำคัญ

ไวรัสโบคา; การศึกษาข้อมูลย้อนหลัง;
โรงพยาบาลรามธิบดี

Keywords

bocavirus; retrospective study;
Ramathibodi hospital

บทนำ

เชื้อไวรัสโบคา bocavirus (BoV) พบได้ทั่วโลก ถูกค้นพบครั้งแรกในปี พ.ศ. 2548 เชื้อไวรัสโบคาก่อให้เกิดอาการที่ระบบทางเดินหายใจแบบเฉียบพลัน (acute respiratory tract symptoms)⁽¹⁾ ที่ตรวจพบได้บ่อยมากในเด็กอายุต่ำกว่า 5 ปีที่เข้ารับการรักษาในโรงพยาบาล⁽²⁾ การติดเชื้อไวรัสโบคาเบื้องต้นจะก่อให้เกิดหลอดลมอักเสบแบบเฉียบพลันต่อมาอาจพัฒนาไปสู่อาการของโรคที่รุนแรงมากขึ้น โดยมีลักษณะเฉพาะ คือ pneumothorax, pneumomediastinum และ acute respiratory failure ที่มีลักษณะอาการเด่นชัดจากการรั่วของอากาศ⁽³⁾ การติดเชื้อไวรัสโบคาสามารถตรวจพบเชื้อได้จากตัวอย่างระบบทางเดินหายใจทั้งส่วนบนและส่วนล่าง (upper and lower respiratory infections)⁽²⁾ มีรายงานพบว่า deoxyribonucleic Acid (DNA) ของเชื้อไวรัสโบคาสามารถอยู่ในระบบทางเดินหายใจได้เป็นเวลานานถึง 1 ปี⁽⁴⁾ นอกจากนี้ยังสามารถตรวจพบได้ในตัวอย่างเลือด และอุจจาระ⁽¹⁾ มีรายงานการศึกษาทางระบาดวิทยาแสดงให้เห็นว่าเด็กส่วนใหญ่ที่ติดเชื้อไวรัสโบคาเมื่อตอนอายุ 6 ขวบ จะมีแอนติบอดี IgG อยู่ในร่างกายตลอดชีวิต⁽²⁾ การติดเชื้อไวรัสโบคาอาจส่งผลกระทบต่อการทำงานของอวัยวะต่างๆ เช่น ตับ ไต และหัวใจ และความเสี่ยงของการเกิด-เบสในเลือด⁽⁵⁾

อนุกรมวิธานของเชื้อไวรัสโบคา จัดอยู่ใน Realm: Monodnaviria, Kingdom: Shotokuvirae, Phylum: Cossaviricota, Class: Quintoviricetes, Order: Piccovirales, Family: Parvoviridae, Subfamily: Parvovirinae, Genus: Bocaparvovirus ซึ่งใน Genus

Bocaparvovirus ได้แบ่งออกเป็น 4 สายพันธุ์ได้แก่ ไวรัสโบคา 1, ไวรัสโบคา 2, ไวรัสโบคา 3 และ ไวรัสโบคา 4 แบ่งออกเป็น 2 สปีชีส์ (specie) ได้แก่ Primate bocaparvovirus 1 (ประกอบด้วยไวรัสโบคา 1 และไวรัสโบคา 3) และ Primate bocaparvovirus 2 (ประกอบด้วยไวรัสโบคา 2 และไวรัสโบคา 4)⁽⁶⁻⁷⁾ ความชุกของไวรัสโบคาในภาพรวมมีความผันแปรตั้งแต่ร้อยละ 2.0 ถึง 45.69 โดยมีค่าประมาณรวมกันอยู่ที่ร้อยละ 9.57 (95% CI=7.66-11.91) ทั้งนี้ สามารถจำแนกรูปแบบของการติดเชื้อไวรัสโบคาออกเป็น 2 ลักษณะ คือการติดเชื้อไวรัสโบคาเพียงชนิดเดียวพบร้อยละ 3.99 (95% CI=2.99-5.31) และการติดเชื้อร่วมกับไวรัสระบบทางเดินหายใจชนิดอื่นร้อยละ 5.06 (95% CI=3.88-6.58) โดยเฉพาะในกลุ่มเด็กเล็กที่มีอายุน้อยกว่า 5 ปี ถือเป็นกลุ่มเสี่ยงสำคัญที่มีโอกาสในการติดเชื้อมากที่สุด⁽⁸⁾ นอกจากนี้มีรายงานการศึกษาในประเทศซาอุดีอาระเบียที่พบความชุกของเชื้อไวรัสโบคาสูงมากในช่วงฤดูหนาว⁽⁹⁾ ขณะเดียวกัน ข้อมูลทางระบาดวิทยาในกลุ่มผู้ป่วยวิกฤตที่มีภาวะแทรกซ้อนรุนแรง พบว่ามีอัตราการเสียชีวิตโดยรวมอยู่ที่ร้อยละ 54.5 โดยอัตราการเสียชีวิตจะยิ่งเพิ่มสูงขึ้นเป็นร้อยละ 83.3 หากมีการติดเชื้อไวรัสโบคาพร้อมกับเชื้อก่อโรคชนิดอื่น และในกลุ่มผู้ป่วยที่มีภาวะภูมิคุ้มกันบกพร่องรุนแรงจะมีอัตราการเสียชีวิตอยู่ที่ประมาณร้อยละ 80.0⁽¹⁰⁾ แม้ไวรัสโบคาจะไม่ก่อให้เกิดอาการรุนแรงในคนทั่วไป แต่อาจส่งผลกระทบต่ออัตราการรอดชีวิตในประชากรกลุ่มผู้ป่วยวิกฤตและกลุ่มเปราะบาง

จากการศึกษาก่อนหน้านี้ข้อมูลเกี่ยวกับปัจจัยเสี่ยงในบริบทของผู้ป่วยสัญชาติไทย และความชุกของไวรัสโบคาในโรงพยาบาลระดับตติยภูมิ โดยเฉพาะโรงพยาบาลรามาริบัติ ยังมีข้อมูลอยู่อย่างจำกัด และขาดการติดตามในระยะเวลายาวนานถึง 10 ปี จากช่องว่างของการศึกษานี้ จึงนำมาสู่วัตถุประสงค์ของการศึกษา เพื่อหาความชุกและวิเคราะห์หาปัจจัยที่มีความสัมพันธ์กับการติดเชื้อไวรัสโบคา เช่น เพศ อายุ และช่วงระยะเวลา เพื่อศึกษาการกระจายตัวของการตรวจพบเชื้อในกลุ่มผู้ป่วยที่เข้ารับการตรวจวิเคราะห์ทางห้องปฏิบัติการ รวมทั้งเปรียบเทียบสิ่งส่งตรวจชนิดต่าง ๆ ว่าสิ่งส่งตรวจชนิดใดมีโอกาสตรวจพบเชื้อมากที่สุด ซึ่งข้อมูลเหล่านี้จะช่วยให้โรงพยาบาลสามารถเตรียมความพร้อมในการเฝ้าระวัง ป้องกัน และควบคุมการแพร่ระบาดของเชื้อไวรัสโบคา และบริหารจัดการผู้ป่วยทั้งทางด้านการแพทย์และสาธารณสุขได้ดียิ่งขึ้น

วัตถุประสงค์และวิธีการศึกษา

รูปแบบและขอบเขตของการศึกษา

การศึกษานี้เป็นการศึกษาข้อมูลเชิงสังเกตแบบย้อนหลัง โดยใช้ข้อมูลจากผู้ป่วยที่ได้รับการตรวจหาเชื้อไวรัสโบคาเพื่อวิเคราะห์ข้อมูลเชิงระบาดวิทยา แนวโน้มของการติดเชื้อและปัจจัยที่เกี่ยวข้อง

ประชากรและข้อมูลที่ศึกษา

ประชากรที่ใช้ในการศึกษาค้างนี้ คือ ข้อมูลผลการตรวจวิเคราะห์ทางห้องปฏิบัติการของผู้ป่วยที่ส่งตรวจหาสารพันธุกรรมของเชื้อไวรัสโบคา จากสิ่งส่งตรวจระบบทางเดินหายใจ ณ ห้องปฏิบัติการไวรัสวิทยา คณะแพทยศาสตร์โรงพยาบาลรามาริบัติ มหาวิทยาลัยมหิดล ระหว่างวันที่ 1 มกราคม พ.ศ. 2555 ถึง 31 ธันวาคม พ.ศ. 2565 โดยรวบรวมข้อมูลที่ผ่านเกณฑ์การคัดเข้า โดยไม่มีการสุ่มตัวอย่าง และตรวจสอบความถูกต้องของข้อมูลก่อนนำไปวิเคราะห์

เกณฑ์การคัดเข้า (Inclusion Criteria)

– มีข้อมูลระบุปัจจัยด้านประชากร ได้แก่ เพศ อายุ ชนิดสิ่งส่งตรวจ ข้อมูลจำแนกเป็นรายเดือน และรายปี

– เป็นข้อมูลผลการตรวจวิเคราะห์หาสารพันธุกรรมของเชื้อไวรัสโบคาด้วยวิธี nucleic acid amplification test (NAAT)

เกณฑ์การคัดออก (Exclusion Criteria)

– สิ่งส่งตรวจไม่ใช่ตัวอย่างจากระบบทางเดินหายใจ

– การตรวจวิเคราะห์เชื้อก่อโรคชนิดอื่นที่ไม่ใช่ไวรัสโบคา

– ข้อมูลที่ไม่เกี่ยวข้องกับการตรวจหาเชื้อไวรัสโบคา

– ข้อมูลที่มีการส่งตรวจซ้ำซ้อนของผู้ป่วยรายเดียวกันภายในระยะเวลา 1 เดือน

ขั้นตอนการเก็บรวบรวมข้อมูล

ข้อมูลที่ใช้ในการศึกษานี้ได้ถูกรวบรวมจากฐานข้อมูลระบบสารสนเทศของห้องปฏิบัติการ (laboratory information system; LIS) โดยเป็นข้อมูลผลการตรวจวิเคราะห์เชื้อไวรัสโบคาด้วยวิธี PCR liquid-chip assay (xTAG Respiratory Viral Panel, Luminex Corporation, Austin, TX, USA) ข้อมูลได้รับการตรวจสอบความครบถ้วน ความถูกต้องและกำจัดข้อมูลซ้ำซ้อนก่อนนำมาวิเคราะห์

ตัวแปรที่ใช้ในการศึกษา

1. ตัวแปรอิสระ (Independent variables) ได้แก่

1) เพศ

2) อายุ แบ่งออกเป็น 7 กลุ่ม ได้แก่ อายุุน้อยกว่า 1 ปี (newborn & infant), >1–3 ปี (toddler), >3–6 ปี (preschooler), >6–12 ปี (school-aged child), >12–18 ปี (adolescent), >18–60 ปี (adult) และมากกว่า 60 ปี (elderly)

3) ชนิดสิ่งส่งตรวจ (Specimen type) ได้แก่ nasopharyngeal aspirate (npa), nasopharyngeal swab (nps), nasopharyngeal wash (npw), nasal wash (nw), throat swab (ts), nasal swab (ns)

4) ช่วงเวลา ได้แก่ เดือนที่ตรวจ (month), ปีที่ตรวจ (year), ช่วงเวลา ก่อน/หลัง การแพร่ระบาดของโรค covid-19 (ก่อนปี พ.ศ. 2563 และ ตั้งแต่ปี

พ.ศ. 2563 เป็นต้นไป)

2. ตัวแปรตาม (Dependent variable) คือ ผลการตรวจวิเคราะห์ด้วยวิธี nucleic acid amplification test (NAAT) จำแนกเป็น

- ผลบวก (positive) ตรวจพบสารพันธุกรรมของเชื้อไวรัสโบทา

- ผลลบ (negative) ตรวจไม่พบสารพันธุกรรมของเชื้อไวรัสโบทา

การวิเคราะห์ข้อมูลและสถิติที่ใช้

การเตรียมข้อมูลใช้ Microsoft Excel 2021 และการวิเคราะห์ข้อมูลทางสถิติใช้โปรแกรม STATA (version 18) R (version 4.3.2) ผ่าน RStudio (version 2024.09.0-375) โดยแบ่งการวิเคราะห์ออกเป็น 3 ส่วนดังนี้

1. ใช้สถิติเชิงพรรณนา (descriptive statistical analysis) ใช้เพื่ออธิบายลักษณะทั่วไปของประชากรที่ศึกษา โดยรายงานเป็นจำนวนความถี่ (frequency) และร้อยละ (percentage) ส่วนข้อมูลค่าต่ำสุด (minimum) และค่าสูงสุด (maximum) เพื่อแสดงความชุกของการติดเชื้อ

2. การวิเคราะห์ปัจจัยเดียว (univariable analysis) เพื่อทดสอบความสัมพันธ์ระหว่างตัวแปรอิสระ (ได้แก่ เพศ กลุ่มอายุ ชนิดสิ่งส่งตรวจ และช่วงระยะเวลาเวลาก่อน/หลัง การแพร่ระบาดของโรค covid-19) กับตัวแปรตาม (การตรวจพบเชื้อไวรัสโบทา) โดยใช้สถิติ Chi-squared test กำหนดระดับนัยสำคัญ 0.05 (หรือ Fisher's exact test ในกรณีที่ข้อมูลในช่องน้อยกว่า 5) และวิเคราะห์ด้วย univariable logistic regression เพื่อคำนวณหาความเสี่ยงขั้นต้นในรูปของ crude odds ratio (crude OR) พร้อมรายงานช่วงความเชื่อมั่นที่ระดับร้อยละ 95 (95% confidence interval)

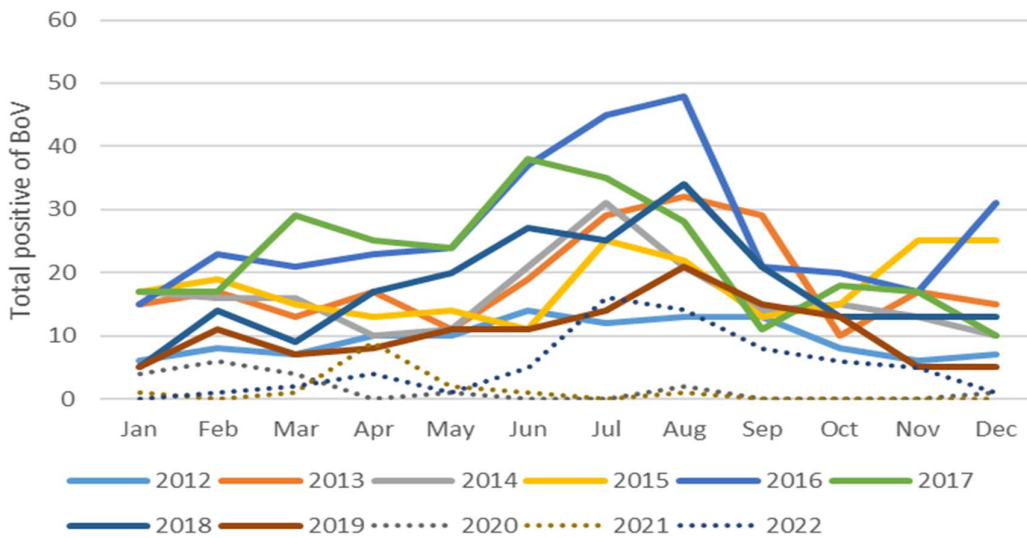
3. วิเคราะห์พหุตัวแปร (multivariable analysis) นำตัวแปรอิสระจากการวิเคราะห์ปัจจัยเดียวมาวิเคราะห์ต่อด้วย multivariable logistic regression เพื่อควบคุมตัวแปรรบกวน (confounding factor) โดยรายงาน adjusted odds ratio (adjusted OR) และ รายงานช่วงความเชื่อมั่นที่ระดับร้อยละ 95

ข้อพิจารณาด้านจริยธรรมการวิจัย

การศึกษานี้ได้รับการอนุมัติการรับรองด้านจริยธรรมและการวิจัยในคน จากคณะกรรมการจริยธรรมการวิจัยในคน คณะแพทยศาสตร์โรงพยาบาลรามาธิบดี มหาวิทยาลัยมหิดล เลขที่ COA. MURA 2023/110 วันที่ 27 มกราคม พ.ศ. 2566

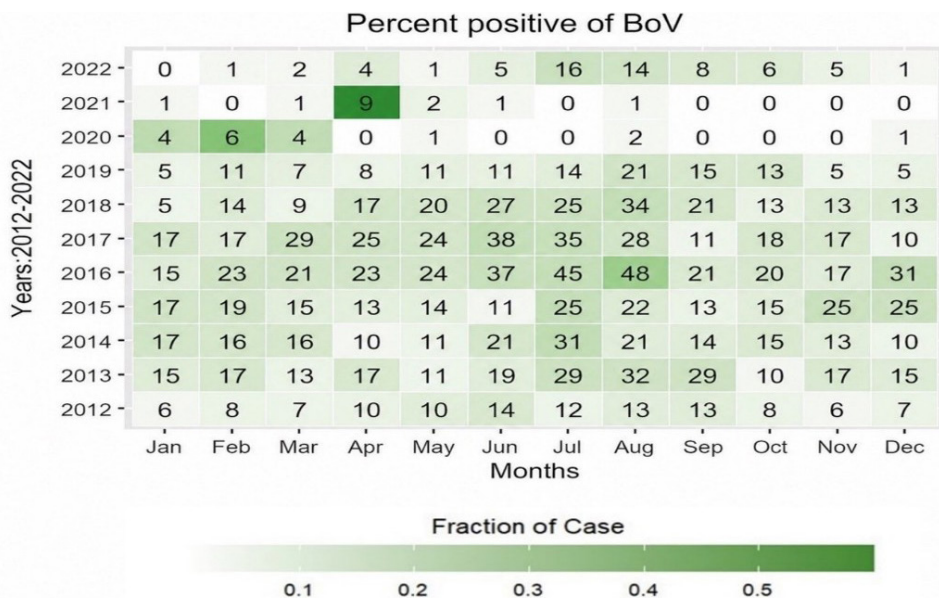
ผลการศึกษา

จากข้อมูลผู้ป่วยที่ส่งตัวอย่างมาตรวจวิเคราะห์เพื่อหาเชื้อก่อโรคระบบทางเดินหายใจ ณ ห้องปฏิบัติการไวรัสวิทยา ตั้งแต่ปี พ.ศ. 2555-2565 ทั้งสิ้น 71,983 รายการทดสอบ พบผู้ป่วยที่ตรวจหาสารพันธุกรรมของเชื้อไวรัสโบทาตรงกับเกณฑ์คัดเข้ามีจำนวน 41,807 ราย พบผู้ติดเชื้อไวรัสโบทาจำนวน 1,774 ราย (ร้อยละ 4.24) และไม่ติดเชื้อไวรัสโบทา จำนวน 40,033 ราย (ร้อยละ 95.76) เมื่อพิจารณารายปี ร้อยละของผู้ติดเชื้อไวรัสโบทามากที่สุด จำนวน 325 ราย (ร้อยละ 18.32) ในปี พ.ศ. 2559 และน้อยที่สุดจำนวน 15 ราย (ร้อยละ 0.85) ในปี พ.ศ. 2564 เมื่อพิจารณารายเดือน ร้อยละของผู้ติดเชื้อไวรัสโบทาพบมากที่สุดในเดือนสิงหาคม จำนวน 236 ราย (ร้อยละ 13.30) และน้อยที่สุดในเดือน มกราคม จำนวน 102 ราย (ร้อยละ 5.75) โดยจำนวนและร้อยละของผู้ป่วยที่ติดเชื้อไวรัสโบทา ตามภาพที่ 1 และภาพที่ 2



ภาพที่ 1 จำนวนผู้ติดเชื้อไวรัสโบคา ระหว่างปี พ.ศ. 2555 ถึง 2565

Figure 1 Total number of BoV positive cases between 2012–2022



ภาพที่ 2 ร้อยละของผู้ติดเชื้อไวรัสโบคาเมื่อเทียบกับจำนวนสิ่งส่งตรวจทั้งหมดระหว่างปี พ.ศ. 2555 ถึง 2565

Figure 2 Percentage of BoV positive cases between 2012–2022

เมื่อวิเคราะห์ปัจจัยด้านเพศ พบว่าเพศชายมีอัตราการติดเชื้อไวรัสโบการ้อยละ 4.68 (979/20912) สูงกว่าเพศหญิงที่มีอัตราการติดเชื้อไวรัสโบการ้อยละ 3.74 (722/19320) อย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ สำหรับปัจจัยด้านอายุ พบว่าอัตราการติดเชื้อในกลุ่มอายุต่าง ๆ

มีความแตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ โดยกลุ่มเด็กวัยหัดเดิน (toddler) และเด็กทารก (newborn & infant) มีอัตราการติดเชื้อสูงสุดที่ร้อยละ 10.67 และร้อยละ 8.32 ตามลำดับ โดยเฉพาะในกลุ่มเด็กวัยหัดเดิน เมื่อเทียบกับกลุ่มที่มีอัตราการติดเชื้อต่ำที่สุดคือกลุ่มผู้สูงอายุ

พบร้อยละ 0.43 และในกลุ่มผู้ใหญ่ร้อยละ 0.60 ส่วนในกลุ่มเด็กวัยเรียน และวัยรุ่น พบมีอัตราการติดเชื้อค่อนข้างต่ำเช่นกัน ซึ่งสอดคล้องกับผลการวิเคราะห์ความเสี่ยงที่พบว่ากลุ่มเด็กวัยหัดเดินมีความเสี่ยงในการติดเชื้อสูงกว่ากลุ่มผู้สูงอายุอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติถึง 21.28 เท่า ในตัวอย่าง NPA และ NPW พบว่ามีอัตราการตรวจพบ

เชื้อไวรัสโบคาสูงสุดที่ร้อยละ 5.44 และ 5.35 ตามลำดับ การตรวจหาไวรัสโบคาจาก NPS และ NW พบเชื้อไวรัสโบคาสูงเช่นกันที่ร้อยละ 4.79 และ 4.90 ตามลำดับ ส่วนสิ่งส่งตรวจอื่น ๆ เช่น TS และ NS มีอัตราการติดเชื้อใกล้เคียงกันที่ประมาณร้อยละ 4.57 และ 3.22 ตามลำดับ ตามตารางที่ 1

ตารางที่ 1 ข้อมูลทั่วไปของการติดเชื้อไวรัสโบคา แยกตามเพศ อายุ และชนิดของสิ่งส่งตรวจ

Table 1 General information of BoV infections stratified by gender, age, and specimens

Factors	Number	%	BoV				p-value	Crude OR; 95% CI
			P	(%)	N	(%)		
Total number	41,807		1,774	4.24	40,033	95.76		
Sex	40,232						<0.001	
Male	20,912	51.98	979	4.68	19,933	95.32		1.27; 1.15-1.40
Female	19,320	48.02	722	3.74	18,598	96.26		1
Age	26,404						<0.001	
Newborn & infant	3,704	14.03	308	8.32	3,396	91.68		20.89; 14.25-30.64
Toddler	4,817	18.24	514	10.67	4,303	89.33		27.52; 18.89-40.08
Preschooler	2,930	11.10	110	3.75	2,820	96.25		8.99; 5.95-13.56
School-aged child	1,803	6.83	22	1.22	1,781	98.78		2.85; 1.63-4.97
Adolescent	759	2.87	10	1.32	749	98.68		3.08; 1.49-6.34
Adult	5,681	21.52	34	0.60	5,647	99.40		1.39; 0.84-2.28
Elderly	6,710	25.41	29	0.43	6,681	99.57		1
Specimen	34,135						<0.001	
Nasopharyngeal aspirate	938	2.75	51	5.44	887	94.56		1.73; 1.29-2.32
Nasopharyngeal swab	10,696	31.33	512	4.79	10,184	95.21		1.51; 1.34-1.70
Nasopharyngeal wash	898	2.63	48	5.35	850	94.65		1.69; 1.25-2.29
Nasal swab	18,297	53.60	590	3.22	17,707	96.78		1
Nasal wash	551	1.61	27	4.90	524	95.10		1.55; 1.04-2.30
Throat swab	2,755	8.07	126	4.57	2,629	95.43		1.44; 1.18-1.75
COVID-19 pandemic	41,807						0.099	
Before	39,154	93.65	1678	4.29	37,476	95.71		1
After	2,653	6.35	96	3.62	2,557	96.38		0.84; 0.68-1.03

Remarks: BoV-Bocavirus; P=positive; N=negative. * =p-value were calculated using the Chi-squared test to evaluate the association between each categorical factor and BoV positivity. The observed variations in the total number across factors (Sex, Age, and Specimen) are indicative of missing or incomplete clinical records in the database. The percentages presented for the diverse factors examined may not precisely correspond to 100% due to the use of rounded values to two decimal places.

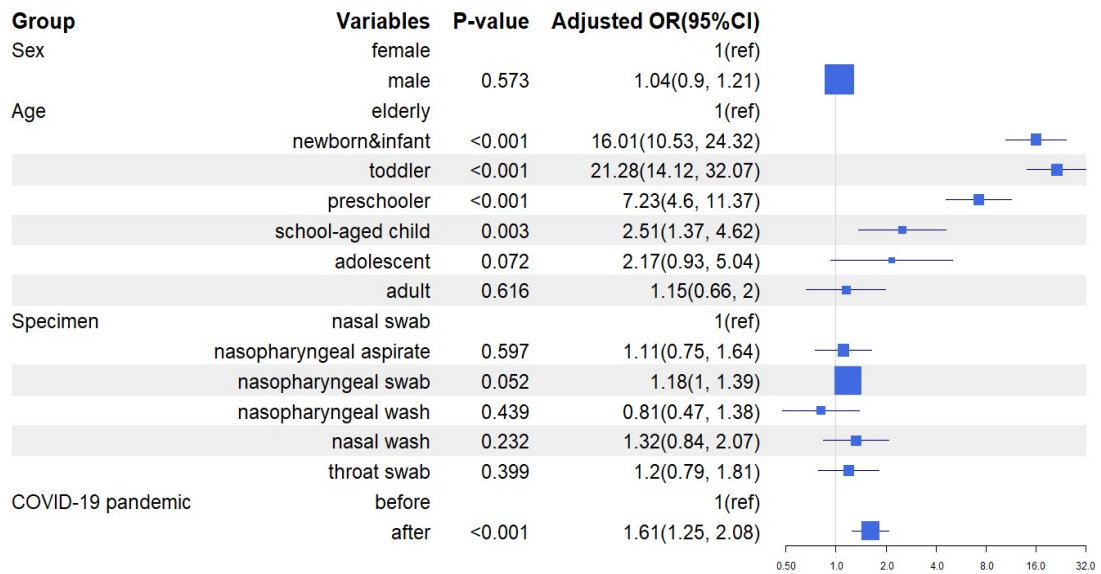
จากการวิเคราะห์ปัจจัยต่างๆ ที่มีความสัมพันธ์กับการติดเชื้อไวรัสโบคาแบบ univariable analysis ด้วย univariable logistic regression พบว่าปัจจัยด้านเพศ กลุ่มอายุ และชนิดของสิ่งส่งตรวจ มีความสัมพันธ์กับการตรวจพบเชื้อไวรัสโบคาอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ ($p < 0.05$) ยกเว้นกลุ่ม adult และช่วงเวลาการแพร่ระบาดของโรค COVID-19 ที่ยังไม่พบความสัมพันธ์ในชั้นนี้

เมื่อนำตัวแปรทั้งหมดมาทำการวิเคราะห์ด้วยแบบ multivariable analysis โดยวิเคราะห์ด้วยสถิติ multivariable logistic regression ด้วยการนำตัวแปรอิสระเข้าไคำนวณพร้อมกันโดยไม่ตัดแปรใดออก เพื่อควบคุมตัวแปรรบกวน โดยกำหนดกลุ่มอ้างอิง ได้แก่ เพศหญิง (ข้อมูลประชากรที่ศึกษามีสัดส่วนใกล้เคียงกัน และกิจกรรมเพศหญิงไม่มีความเสี่ยงสูงเหมือนเพศชาย จึงถูกนำมาใช้เป็นเกณฑ์ในการเปรียบเทียบ) กลุ่มผู้สูงอายุ (เป็นกลุ่มที่มีภูมิคุ้มกันสะสมมากกว่ากลุ่มอายุอื่นๆ) สิ่งส่งตรวจชนิด NS (มีจำนวนตัวอย่างมากที่สุด ช่วยลดความคลาดเคลื่อน และ standard error เมื่อเทียบกับกลุ่มที่มีจำนวนตัวอย่างน้อย) และช่วงเวลาก่อนการแพร่ระบาดของโรค COVID-19 (ช่วงสถานการณ์ปกติ) พบผลการวิเคราะห์ดังนี้

เมื่อพิจารณาความเสี่ยงรายปัจจัยด้วย Crude OR พบว่าเพศชายมีความเสี่ยงต่อการติดเชื้อมากกว่าเพศหญิง (Crude OR=1.27, 95% CI=1.15–1.40)

ในส่วนของกลุ่มอายุ เนื่องจากทารกแรกเกิดมีจำนวนน้อย จึงยุบรวมกับกลุ่มทารก (newborn & infant) พบความเสี่ยงสูงที่สุดในกลุ่มเด็กวัยหัดเดิน (Crude OR = 27.52, 95% CI=18.89–40.08) เมื่อเทียบกับผู้สูงอายุ สำหรับสิ่งส่งตรวจจากระบบทางเดินหายใจทุกชนิดมีโอกาสตรวจพบเชื้อสูงกว่า NS โดยเฉพาะ NPA มีค่าสูงที่สุด (Crude OR=1.73, 95% CI=1.29–2.32) และไม่พบความแตกต่างอย่างมีนัยสำคัญในช่วงก่อนและหลังการแพร่ระบาดของ COVID-19 (Crude OR=0.84, 95% CI=0.68–1.03)

เมื่อควบคุมปัจจัยรบกวนด้วย multivariable logistic regression พบว่ากลุ่มเด็กวัยหัดเดินยังคงมีความเสี่ยงสูงอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ โดยมีโอกาสติดเชื้อสูงถึง 21.28 เท่าเมื่อเทียบกับผู้สูงอายุ (Adjusted OR=21.28, 95% CI=14.12–32.07) ขณะที่กลุ่มวัยผู้ใหญ่ไม่มีความแตกต่างจากผู้สูงอายุ (Adjusted OR=1.15, 95% CI=0.66–2.00) นอกจากนี้ช่วงเวลาหลังการแพร่ระบาดของโรค COVID-19 กลับพบความเสี่ยงต่อการติดเชื้อไวรัสโบคาเพิ่มขึ้นอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติถึง 1.61 เท่า เมื่อเทียบกับช่วงก่อนการระบาด (Adjusted OR=1.61, 95% CI=1.25–2.08) ในทางกลับกัน ปัจจัยทางเพศและชนิดของสิ่งส่งตรวจ ไม่พบความสัมพันธ์กับการติดเชื้ออย่างมีนัยสำคัญทางสถิติหลังปรับควบคุมปัจจัยรบกวนแล้วตามภาพที่ 3



ภาพที่ 3 ความสัมพันธ์ระหว่างตัวแปรที่มีผลต่อการติดเชื้อไวรัสโบทา (multivariable logistic regression)

Figure 3 The demographic factors associated with BoV (multivariable logistic regression)

วิจารณ์

ผลการวิเคราะห์ข้อมูลทั่วไปของห้องปฏิบัติการไวรัสวิทยา ภาควิชาพยาธิวิทยา คณะแพทยศาสตร์โรงพยาบาลรามาธิบดี ตั้งแต่ปี พ.ศ. 2555-2565 ด้วยวิธีการ NAAT พบความชุกผู้ติดเชื้อไวรัสโบทาโดยรวมอยู่ที่ ร้อยละ 4.24 ซึ่งสอดคล้องกับรายงานการศึกษาทบทวนวรรณกรรมอย่างเป็นระบบและการวิเคราะห์เชิงอภิมานของ Polo D และคณะที่ได้รวบรวมข้อมูลการระบาดทั่วโลกระหว่างปี พ.ศ. 2549-2563 พบความชุกของการติดเชื้อไวรัสโบทาเพียงชนิดเดียวร้อยละ 3.99 (95% CI=2.99-5.31%)⁽⁸⁾ ซึ่งข้อพึงระวังจากการเปรียบเทียบความชุกกับการศึกษานี้ คือ ความแตกต่างกันทางภูมิศาสตร์ โครงสร้างประชากร รวมถึงระดับความไวของชุดตรวจที่ใช้ในแต่ละห้องปฏิบัติการที่ถูกนำมารวบรวมศึกษานอกจากนี้ ยังพบว่าเชื้อไวรัสโบทามักตรวจพบร่วมกับเชื้อไวรัสทางเดินหายใจชนิดอื่นถึงร้อยละ 86.4⁽¹¹⁾ เช่น Rhinovirus, Respiratory syncytial virus, Influenza virus, Metapneumovirus และ Adenovirus⁽¹²⁾ โดยเฉพาะอย่างยิ่งในเด็กเล็กที่ติดเชื้อโรคปอดบวมในชุมชน

(community-acquired pneumonia)⁽¹¹⁾ แม้ว่าการศึกษานี้จะมีข้อจำกัดที่ไม่ได้ระบุวัตถุประสงค์ในการวิเคราะห์การติดเชื้อร่วม (co-infection) ส่งผลให้ไม่สามารถระบุได้ว่าไวรัสโบทาเป็นสาเหตุหลักเพียงอย่างเดียวของการเจ็บป่วยทั้งหมด ซึ่งผลความชุกร้อยละ 4.24 ที่พบในการศึกษานี้แสดงให้เห็นถึงข้อมูลระบาดวิทยาที่สะท้อนถึงความจำเป็นในการพัฒนาชุดตรวจคัดกรองและจำแนกสายพันธุ์ไวรัสโบทาในอนาคต เพื่อช่วยให้แพทย์สามารถวินิจฉัยแยกโรค ควบคุมการแพร่ระบาด และบริหารจัดการผู้ป่วยได้ดียิ่งขึ้น

ร้อยละผู้ติดเชื้อไวรัสโบทาพบมากที่สุดในปี พ.ศ. 2559 และ น้อยที่สุดในปี พ.ศ. 2564 ภายหลังจากเดือนตุลาคม ปี พ.ศ. 2565 ได้มีมาตรการผ่อนคลายทางด้านสาธารณสุขที่ใช้สำหรับการแพร่ระบาดของโรค COVID-19 ทำให้การตรวจพบเชื้อไวรัสโบทาเพิ่มขึ้น การติดเชื้อไวรัสโบทาสามารถพบได้ตลอดทั้งปี มีร้อยละของการติดเชื้อสูงในช่วงเดือนมิถุนายน กรกฎาคม และ สิงหาคม โดยเฉพาะในเดือนสิงหาคม พบการติดเชื้อโบทาส่งถึงร้อยละ 13.30 ต่างจากการศึกษาวิจัยของ Bagasi AA และคณะในปี พ.ศ. 2563 ที่พบ

การติดเชื้อไวรัสโบคาสูงที่สุดในเดือนกุมภาพันธ์ ร้อยละ 2.03 (185/9098) โดยเฉพาะในเด็กอายุ 1–2 ปี พบการติดเชื้อมากที่สุด⁽¹³⁾

จากข้อมูลการศึกษาในจำนวนรวมตามปัจจัยต่างๆ ได้แก่ เพศ (มีข้อมูล 40,232 ราย ข้อมูลขาดหายไป 1,575 ราย) อายุ (มีข้อมูล 26,404 ราย ข้อมูลขาดหายไป 15,403 ราย) และตัวอย่างสิ่งส่งตรวจทางคลินิก (มีข้อมูล 34,135 ราย ข้อมูลขาดหายไป 7,672 ราย) มีข้อมูลขาดหายไปในฐานะข้อมูล เนื่องจากบันทึกทางการแพทย์ในบางกรณีไม่ส่งตรวจไม่ได้รับอายุ และเพศของผู้ป่วย จึงใช้เกณฑ์การคัดออกเฉพาะกรณีที่ข้อมูลไม่สมบูรณ์ในการวิเคราะห์ปัจจัยนั้นๆ

การศึกษาความสัมพันธ์ในเพศชายและเพศหญิงต่อการติดเชื้อไวรัสโบคาพบว่าไม่มีความแตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ แม้ในการวิเคราะห์ปัจจัยเดี่ยวขั้นต้นจะพบว่าเพศชายมีอัตราการติดเชื้อสูงกว่าเพศหญิง ($p < 0.001$) แต่เมื่อควบคุมปัจจัยรบกวนด้วย multivariable analysis แล้ว พบว่าเพศไม่มีความสัมพันธ์กับการติดเชื้อไวรัสโบคา ซึ่งผลการศึกษานี้มีความแตกต่างจากการศึกษาวิจัยของ Zhang X และคณะ⁽¹⁴⁾ ในปี พ.ศ.2564 ที่รายงานการตรวจพบไวรัสโบคาในเพศชายมากกว่าเพศหญิงในอัตราส่วนชาย : หญิง 1.6:1 ความแตกต่างดังกล่าวอาจมาเกิดจากความหลากหลายของกลุ่มประชากร โดยงานวิจัยของ Zhang X และคณะ จะเน้นกลุ่มผู้ป่วยเด็ก ซึ่งตามธรรมชาติเด็กชายมักจะมีพฤติกรรมกิจกรรม และการสัมผัสใกล้ชิดในกลุ่มเพื่อนที่เสี่ยงต่อการรับเชื้อมากกว่าเพศหญิง ในขณะที่ข้อมูลของโรงพยาบาลรามธิบดีในการศึกษานี้เป็นการรวบรวมข้อมูลจากผู้ป่วยทุกกลุ่มอายุตลอด 10 ปี ซึ่งรวมถึงกลุ่มผู้ใหญ่และผู้สูงอายุที่มีพฤติกรรมและความไวต่อการรับเชื้อที่ไม่แตกต่างกันระหว่างเพศ นอกจากนี้หลังจากการวิเคราะห์ multivariable analysis ไม่พบความแตกต่างระหว่างเพศ แสดงให้เห็นถึงสัดส่วนในเพศชายที่สูงกว่าใน univariable analysis ซึ่งเกิดจากปัจจัยรบกวนด้านโครงสร้างอายุ เช่น ในเด็กเล็กที่เป็นเพศชายมีสัดส่วนส่งตรวจมากกว่า ไม่ได้เกิดจากความแตกต่าง

ทางสรีรวิทยาที่จำเพาะต่อเพศในการติดเชื้อไวรัสโบคา

ในเด็กวัยหัดเดิน (toddler) ช่วงอายุ 1–3 ปี มีความชุกของผู้ติดเชื้อไวรัสโบคาสูงที่สุด สอดคล้องกับการศึกษาของ Ji K และคณะ⁽¹¹⁾ ในปี พ.ศ. 2564 พบการติดเชื้อไวรัสโบคาร้อยละ 10.0 โดยมีอุบัติการณ์การติดเชื้อสูงสุดในเด็กอายุต่ำกว่า 2 ปี รองลงมาเป็นเด็กทารก (newborn & infant) ที่มีช่วงอายุ 1–12 เดือน และพบน้อยที่สุดในผู้สูงอายุ (elderly) ที่มีอายุมากกว่า 60 ปี ขึ้นไป จากการศึกษาความสัมพันธ์ในช่วงอายุต่างๆ ในงานวิจัยครั้งนี้พบว่าผู้ป่วยที่มีอายุระหว่าง 1 ปี ถึง 12 ปี มีความเสี่ยงต่อการติดเชื้อไวรัสโบคาอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ ต่างจากงานวิจัยของ Bagasi AA และคณะ⁽¹³⁾ ในปี พ.ศ.2563 พบไวรัสโบคาน้อยที่สุดในช่วงอายุ 19–59 ปี นอกจากนี้ในการศึกษา ในสิ่งส่งตรวจทางพยาธิวิทยาจากระบบทางเดินหายใจชนิดต่างๆ เทียบกับ NW พบว่าไม่มีความสัมพันธ์ต่อการตรวจพบเชื้อไวรัสโบคา ภายหลังจากมีการแพร่ระบาดของโรค COVID-19 พบว่ามีการแพร่ระบาดของเชื้อไวรัสโบคาอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ

แม้ว่าเชื้อไวรัสโบคา มีการรายงานการตรวจพบเพิ่มขึ้นในประเทศไทยในช่วงหลายปีที่ผ่านมา แต่อย่างไรก็ตาม งานวิจัยส่วนใหญ่เป็นการศึกษาในช่วงระยะเวลานั้นๆ และจำกัดขอบเขตของข้อมูล การศึกษาข้อมูลย้อนหลัง 10 ปี จึงมีความสำคัญ เนื่องจากให้ข้อมูลทางระบาดวิทยาในช่วงเวลาที่กว้างขึ้น สามารถสะท้อนให้เห็นถึงแนวโน้มของการกระจายเชื้อในแต่ละช่วงอายุ รูปแบบความผันแปรตามฤดูกาล รวมถึงลักษณะการตรวจพบเชื้อในเด็กเล็กที่มีการติดเชื้อทางเดินหายใจแบบเฉียบพลัน

นอกจากนี้ ยังพบว่าการติดเชื้อไวรัสโบคา มักเกิดร่วมกับไวรัสทางเดินหายใจชนิดอื่น ทั้งในประเทศและหลายประเทศทั่วโลก⁽¹²⁾ การพบการติดเชื้อร่วมในสัดส่วนค่อนข้างสูง สะท้อนให้เห็นถึงความซับซ้อนและบทบาทสำคัญของเชื้อไวรัสโบคาในระบบทางเดินหายใจ และความจำเป็นในการเฝ้าระวังทางระบาดวิทยา

สรุป

การศึกษาข้อมูลย้อนหลังจากสิ่งส่งตรวจทาง การแพทย์ 41,807 ราย พบเชื้อไวรัสโคโรนาจำนวน 1,774 ราย (ร้อยละ 4.24) เพศไม่เป็นปัจจัยเสี่ยงต่อการติดเชื้อ ในขณะที่ผู้ที่มียุระหว่าง 1-12 ปีมีความสัมพันธ์กับการติดเชื้ออย่างมีนัยสำคัญ โดยเฉพาะในกลุ่มเด็ก อายุ 1-3 ปี นอกจากนี้ชนิดของสิ่งส่งตรวจจากระบบทางเดินหายใจ ไม่พบความสัมพันธ์กับการตรวจพบเชื้ออย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ หลังจากการระบาดของ COVID-19 พบว่าเชื้อไวรัสโคโรนามีความชุกสูงขึ้น ข้อมูลเหล่านี้สามารถนำไปใช้ในการวางแผนและจัดสรรทรัพยากรทางการแพทย์ รวมถึงการจัดหาชุดทดสอบและวัคซีน เพื่อป้องกันและควบคุมการแพร่ระบาดของเชื้อไวรัสโคโรนาให้มีประสิทธิภาพดีขึ้น นอกจากนี้ยังสามารถใช้ข้อมูลนี้เป็นแนวทางในการพัฒนานโยบายด้านการแพทย์ การให้ความรู้แก่บุคลากรและประชาชน เพื่อเฝ้าระวังการติดเชื้อในอนาคต

ข้อจำกัดและข้อเสนอแนะ

ในการศึกษาครั้งนี้ทำการศึกษาเฉพาะตัวแปรพื้นฐาน ได้แก่ เพศ อายุ ชนิดสิ่งส่งตรวจ เดือน และ ปีที่เก็บสิ่งส่งตรวจ และผลการตรวจหาสารพันธุกรรมของเชื้อไวรัสโคโรนา ซึ่งมีเฉพาะข้อมูลของห้องปฏิบัติการไวรัสวิทยา ภาควิชาพยาธิวิทยา คณะแพทยศาสตร์โรงพยาบาลรามาธิบดี เท่านั้น โดยไม่ได้รวบรวมข้อมูลทางคลินิกจากเวชระเบียนจึงไม่สามารถนำไปอธิบายความสัมพันธ์ทางคลินิก (clinical correlation) และไม่สามารถระบุได้ว่าผู้ป่วยติดเชื้อไวรัสโคโรนาจากชุมชน (community-acquired infection) หรือเกิดจากการติดเชื้อในโรงพยาบาล (hospital-acquired infection) ดังนั้นจึงควรทำการศึกษาเพิ่มเติม โดยขยายข้อมูลการศึกษาให้กว้างขึ้นและเพิ่มตัวแปร อาทิ ข้อมูลทางคลินิก (เช่น ภาวะภูมิคุ้มกันบกพร่อง โรคปอดเรื้อรัง และความรุนแรงของอาการ ซึ่งเป็นปัจจัยส่วนบุคคลที่ส่งผลต่อการเพิ่มจำนวนของไวรัสโคโรนา และความรุนแรงของอาการที่จำเพาะ ช่วยให้แพทย์สามารถคัดกรองผู้ป่วย

ในกลุ่มที่มีความเสี่ยงสูงเพื่อเข้ารับการรักษาได้อย่างทันท่วงที สามารถคาดการณ์หรือพยากรณ์โรคได้ดีมากยิ่งขึ้น) ปัจจัยสิ่งแวดล้อม (เช่น อุณหภูมิ ความชื้นสัมพัทธ์ และปริมาณฝุ่น PM2.5 ที่ส่งผลต่อการแพร่กระจายของไวรัส) ปัจจัยทางสังคม (เช่น สุขอนามัยของสถานรับเลี้ยงเด็ก และความหนาแน่นของที่พักอาศัยซึ่งสัมพันธ์กับโอกาสในการรับเชื้อของเด็กเล็ก) จะช่วยให้สามารถพิจารณาปัจจัยเสี่ยงที่อาจมีผลต่อการติดเชื้อไวรัสโคโรนาได้อย่างถูกต้องและครอบคลุมมากยิ่งขึ้น

นอกจากนี้สำหรับข้อเสนอแนะสำหรับการศึกษาในอนาคต ได้แก่การศึกษาทางคลินิก เช่น ทำการศึกษาความสัมพันธ์ระหว่างการตรวจหาเชื้อไวรัสเชิงปริมาณกับความรุนแรงของโรค การศึกษาทางพันธุกรรม เช่น การจำแนกสายพันธุ์ไวรัสโคโรนาในประเทศไทย การศึกษาผลกระทบหลังสถานการณ์การแพร่ระบาดของโรค COVID-19 เช่น การศึกษาการเปลี่ยนแปลงรูปแบบตามฤดูกาล เป็นต้น

กิตติกรรมประกาศ

การศึกษานี้ดำเนินการสำเร็จลุล่วงไปด้วยดี และได้รับการสนับสนุนอย่างดียิ่งจากห้องปฏิบัติการไวรัสวิทยาและภาควิชาพยาธิวิทยา คณะแพทยศาสตร์โรงพยาบาลรามาธิบดี มหาวิทยาลัยมหิดล ขอขอบพระคุณ รองศาสตราจารย์ นพ.มงคล คุณากร รองศาสตราจารย์ ดร.บุษบา ฤกษ์อำนาจโชค ดร.เอกวัฒน์ ผสมทรัพย์ และบุคลากรห้องธุรการ ภาควิชาพยาธิวิทยา และทุกท่านเป็นอย่างสูง ที่มีส่วนร่วมในการสนับสนุนและส่งเสริมการศึกษานี้ ภายใต้โครงการสนับสนุนความก้าวหน้าในสายงานสนับสนุนวิชาการ อีกทั้งขอขอบพระคุณ รองศาสตราจารย์ ดร. ศศิวิมล รัตนสิริ นางสาวศศิภรณ์ ลิทธิศร นายพงศ์สันต์ ฉัตรแสงเจริญ และนางสาวณรรตารัตนาไพบูลย์ ที่ได้ให้คำปรึกษาและแนะนำโปรแกรมวิเคราะห์ทางสถิติ ในด้านการวิเคราะห์ข้อมูลทางสถิติของงานวิจัยนี้

เอกสารอ้างอิง

- Allander T. Human bocavirus. *J Clin Virol*. 2008;41(1):29–33. doi: 10.1016/j.jcv.2007.10.026.
- Uršič T, Petrovec M. Human bocavirus. In; Ergönül Ö, Can F, Madoff L, Akova M, Editors. *Emerging Infectious Diseases*. Academic Press; 2014. p. 191–201.
- Uršič T, Steyer A, Kopriva S, Kalan G, Krivec U, Petrovec M. Human bocavirus as the cause of a life-threatening infection. *Journal of clinical microbiology*. 2011;49(3):1179–81. doi: 10.1128/jcm.02362–10.
- Martin ET, Kuypers J, McRoberts JP, Englund JA, Zerr DM. Human Bocavirus 1 Primary Infection and Shedding in Infants. *J Infect Dis*. 2015;212(4):516–24. doi: 10.1093/infdis/jiv044.
- Wang W, Guan R, Liu Z, Zhang F, Sun R, Liu S, et al. Epidemiologic and clinical characteristics of human bocavirus infection in children hospitalized for acute respiratory tract infection in Qingdao, China. *Front Microbiol*. 2022; 13:935688. doi: 10.3389/fmicb.2022.935688.
- International Committee on Taxonomy of Viruses (ICTV). Virus taxonomy [Internet]. [cited 2022 Nov 5]. Available from: https://ictv.global/taxonomy/taxondetails?taxnode_id=20121208.
- Salvo M, Mir D, Tort LFL, Lizasoain A, Colina R, Victoria M. Description of a human Bocavirus recombinant strain in the Americas. *Mem Inst Oswaldo Cruz*. 2019;114:e190219. doi: 10.1590/0074-02760190219.
- Polo D, Lema A, Gándara E, Romalde JL. Prevalence of human bocavirus infections in Europe. A systematic review and meta-analysis. *Transbound Emerg Dis*. 2022;69(5):2451–61. doi: 10.1111/tbed.14233.
- Alkhalf H, Almutairi AR, Almutairi A, Almutairi RK, AlGhnam S, Aljohani S, et al. Prevalence and Clinical Characterization of Bocavirus Infection in a Specialized Children’s Hospital in Saudi Arabia. *Cureus*. 2022;14(2):e22127. doi: 10.7759/cureus.22127.
- Choi SH, Huh JW, Hong SB, Jung J, Kim MJ, Chong YP, et al. Severe Human Bocavirus-Associated Pneumonia in Adults at a Referral Hospital, Seoul, South Korea. *Emerging Infectious Diseases*. 2021;27(1):226–8. doi: 10.3201/eid2701.202061.
- Ji K, Sun J, Yan Y, Han L, Guo J, Ma A, et al. Epidemiologic and clinical characteristics of human bocavirus infection in infants and young children suffering with community acquired pneumonia in Ningxia, China. *Virology Journal*. 2021;18(1):212. doi: 10.1186/s12985-021-01682-1.
- Rakmanee K, Watthanachokchai T, Yutthanakarnwikom P, Pasomsub E. A Ten-Year Retrospective Study on Patterns of Pathogens in Acute Respiratory Tract Infection at Ramathibodi Hospital, Thailand. *Bulletin of The Department of Medical Sciences [Internet]*. 2025 [cited 2022 Nov 5];67(4):611–24. Available from: <https://he02.tci-thaijo.org/index.php/dmsc/article/view/274750/189028> (in Thai)
- Bagasi AA, Howson-Wells HC, Clark G, Tarr AW, Soo S, Irving WL, McClure CP. Human Bocavirus infection and respiratory tract disease identified in a UK patient cohort. *J Clin Virol*. 2020;129:104453. doi: 10.1016/j.jcv.2020.104453.

14. Zhang X, Zheng J, Zhu L, Xu H. Human bocavirus-1 screening in infants with acute lower respiratory tract infection. J Int Med Res. 2021;49(8):3000605211027739. doi: 10.1177/030006052110277.