ฉบับแปลไทย (Thai Translations) Sotrovimab drives SARS-CoV-2 omicron variant evolution in immunocompromised patients

https://www.thelancet.com/journals/lanmic/article/PIIS2666-5247(22)00120-3/fulltext

ยาโซโทรวิแมบผลักดันให้เกิดวิวัฒนาการของเชื้อไวรัสซาร์ส-โควี-2 สาย พันธุ์โอมิครอนในผู้ป่วยที่มีภูมิคุ้มกันอ่อนแอ

ยาโซโทรวิแมบ (Sotrovimab) เป็นแอนติบอดีชนิดโมโนโคลนอล (monoclonal antibody) ที่ใช้เป็นยารักษาชนิด เดียว (monotherapy) ในผู้ป่วยนอกที่มีความเสี่ยงในการพัฒนาอาการของโรคโควิด-19 ชนิดรุนแรง ข้อบ่งชื้ (indications) ในการใช้ยารวมถึงผู้ป่วยที่มีโรคร่วมของระบบทางเดินหายใจ หัวใจ การเผาผลาญอาหาร และผู้ป่วยที่ได้รับ ยากดภูมิคุ้มกัน Rockett และคณะผู้วิจัยได้แสดงให้เห็นว่าในบรรดาผู้ป่วยจำนวน 100 รายที่ติดเชื้อสายพันธุ์เดลต้า (B.1.617.2) และรักษาโดยใช้ยาโซโทรวิแมบอย่างเดียว (sotrovimab monotherapy) มีอยู่ 4 รายที่มีภาวะ ภูมิคุ้มกันอ่อนแอ (immunocompromised) และมีการพัฒนาการกลายพันธุ์ต่อต้านยา (resistant mutations) อย่างรวดเร็วในโปรตีนส่วนหนาม (spike protein) ที่ตำแหน่ง 337 หรือ 340 หรือทั้ง 2 ตำแหน่ง การ กลายพันธุ์เหล่านี้สัมพันธ์กับการขับถ่ายที่ยืดเยื้อยาวนาน (prolonged excretion) และการต้านทานที่พบในหลอด ทดลอง (in-vitro resistance) จากการที่ยาโซโทรวิแมบเป็นแอนติบอดีชนิดโมโนโคลนอลชนิดหนึ่ง ในจำนวนแอนติบอดี ชนิดโมโนโคลนอลเพียงไม่กี่ชนิดที่เก็บรักษาประสิทธิภาพต่อต้านสายพันธุ์ย่อย (sublineage) BA.1 ของสายพันธุ์โอมิค รอนที่กำลังแพร่ระบาดเป็นวงกว้างอยู่ในขณะนี้ การเฝ้าสังเกตติดตามความชุกของการกลายพันธุ์เหล่านี้จึงมีความสำคัญเป็นอย่าง ยิ่ง ในฐานะที่เป็นส่วนหนึ่งของการเฝ้าระวังทางจีโนม (genomic surveillance) เป็นปกติประจำที่ศูนย์อ้างอิงแห่งชาติ ของประเทศฝรั่งเศส (French National Reference Center) สำหรับเชื้อไวรัสระบบทางเดินหายใจแห่ง Hospices Civils de Lyon (เมืองลียง ประเทศฝรั่งเศส) ในช่วงระหว่างเคือนธันวาคม พ.ศ. 2564 จนถึงมีนาคม พ.ศ. 2565 เราได้ตรวจพบการกลายพันธุ์ในโปรตีนส่วนหนาม (spike protein) ที่ตำแหน่ง 340 และ 337 ใน 24 ลำดับ (0.13%) ของ 18 882 สายพันธุ์ย่อย (lineage) BA.1 ของสายพันธุ์โอมิครอน และใน 1 ลำดับ (0.02%) ของ 4025 สายพันธุ์ย่อย BA.2 ของสายพันธุ์โอมิครอน ตัวอย่างเหล่านี้ทั้ง 25 ตัวอย่างสอดคล้องตรงกันกับผู้ป่วย 18 รายที่ติดเชื้อ ไวรัสซาร์ส-โควี-2 สายพันธ์ที่นำพา (carry) การกลายพันธ์ที่บริเวณตำแหน่งกรดอะมิโนที่ P337 หรือไม่ก็ E340 (ภาคผนวก หน้าที่ 5) ข้อมูลทางคลินิกมีอยู่สำหรับผู้ป่วย 8 ราย ซึ่งทุกรายมีภาวะภูมิคุ้มกันอ่อนแอ (immunocompromised) และ ได้รับการบำบัดรักษาด้วยยาโซโทรวิแมบใน 0-10 วันหลังจากเริ่มแสดงอาการ (ภาคผนวกหน้าที่ 6-7) สำหรับผู้ป่วยจำนวน 6-7รายที่มีการติดตามสังเกตอาการ พบว่าไม่มีการกลายพันธุ์ที่ตำแหน่ง 337 และ 340 ก่อนหน้าได้รับการฉีดยาโซโทรวิแมบ และ การกลายพันธุ์ถูกตรวจพบที่ความถี่ค่อนข้างต่ำหรือที่ความถี่ค่อนข้างสูงโดยเปรียบเทียบ (6 - 100%) ใน 5 - 18 วัน ภายหลัง จากได้รับการฉีดยาโซโทรวิแมบ สายพันธุ์ใวรัสที่ต้านทานและเอาตัวรอด (resistant viral escape variants) ที่ ผ่านการคัดสรรมาแล้วนี้สัมพันธ์กันกับการขับถ่ายเชื้อไวรัสซาร์ส-โควี-2 ที่คงอยู่ต่อเนื่อง (persistent SARS-CoV-2 excretion) เป็นเวลานานถึง 43 วัน ยกเว้นผู้ป่วยหนึ่งรายที่กำจัดการติดเชื้อภายหลังจากได้รับการฉีดพลาสมาระยะพักฟื้นใน วันที่ 24 (ภาคผนวกหน้าที่ 4) ผลที่ได้เหล่านี้บ่งบอกว่าขาโซโทรวิแมบสามารถคัดสรรการกลายพันธุ์ที่ตำแหน่งที่ 337 และ 340 ได้ อย่างรวดเร็วในสายพันธุ์ย่อย (sublineage) BA.1 และ BA.2 (ถึงแม้ว่าสิ่งที่พบในหลอดทดลองจะบ่งบอกว่าการลบล้าง ฤทธิ์ (neutralization) จะไม่มีประสิทธิภาพต่อสายพันธุ์ย่อย BA.2 ก็ตาม) การกลายพันธุ์เหล่านี้เกิดขึ้นไม่บ่อยในสายพันธุ์ โอมิกรอน (2756 ลำดับ [0·03%] ในจำนวนทั้งสิ้น 10 042 757 ลำดับของสายพันธุ์ โอมิกรอนที่มีการรายงานใน ฐานข้อมูล GISAID; ภาคผนวกหน้าที่ 8) ที่น่าสังเกตก็คือว่าการกลายพันธุ์เหล่านี้ได้มีการรายงานก็เฉพาะหลังจากที่บำบัครักษา ด้วยยาโซโทรวิแมบในผู้ป่วยที่มีภาวะภูมิคุ้มกันอ่อนแอ (โดย Rockett และคณะผู้วิจัยและในการติดต่อสื่อสารกันนี้ (this Correspondence) อย่างที่เคยได้รายงานไปแล้วก่อนหน้านี้สำหรับผู้ป่วยที่รักษาด้วยยาแบมลานิวิแมบ (bamlanivimab) เราเร่งเร้าผลักดันให้มีการพิจารณาแอนติบอดีชนิดโมโนโคลนอลเป็นยาชนิดเดียว (monotherapy) ในผู้ป่วยที่มีภาวะภูมิคุ้มกันอ่อนแอ เนื่องจากว่ามีความเสี่ยงสำหรับการคัดสรรการกลายพันธ์ที่หลบหนีเอาตัวรอด ที่อาจจะขัดขวาง การกำจัดเชื้อไวรัสได้ ผู้ป่วยที่มีภาวะภูมิคุ้มกันอ่อนแอที่ได้รับการสริมแรงสนับสนุน (reinforced virological follow-up) ซึ่งรวมถึงการ ตรวจหาลำดับนิวคลีโอไทด์ของไวรัส (viral sequencing) และการประเมินปริมาณไวรัส (viral load assessment)