

## บทนำ

เชื้อไวรัสไข้หวัดใหญ่ชนิดเอมีสารพันธุกรรมที่มีลักษณะเป็นท่อน (segmented genome) จึงทำให้เกิดการกลายพันธุ์ของเชื้อชนิดที่เรียกว่า antigenic shift ซึ่งเกิดจากการแลกเปลี่ยนท่อนพันธุกรรม (genetic reassortment) ระหว่างยีนอมของเชื้อไวรัสไข้หวัดใหญ่ชนิดเอสองชนิดที่แตกต่างกันแต่มีการติดเชื้อพร้อมๆ กันในหนึ่งเซลล์ โดยเหตุการณ์นี้มักจะเกิดขึ้นในสัตว์ที่ทำหน้าที่เป็นตัวกลาง (intermediate host) ในการผลิตไวรัสลูกผสม (mixing vessel for human-avian influenza reassortant virus) ซึ่งข้อมูลงานวิจัยในอดีตที่ผ่านมาพบว่าสุกรเป็นสัตว์ชนิดหนึ่งที่น่าจะทำหน้าที่ดังกล่าว (Castrucci et al., 1993; Kida et al., 1994) โดยพบว่าสุกรมีความไวต่อการติดเชื้อทั้งไวรัสไข้หวัดใหญ่คน ไวรัสไข้หวัดสุกร รวมถึงไวรัสไข้หวัดนก (Choi et al., 2005; Olsen et al., 2000) เนื่องจากในหลอดลมของสุกรนั้นมีตัวรับ (receptor) ทั้งสองชนิดคือตัวรับที่ sialic acid เชื่อมด้วย  $\alpha$ -2,3 linkage ซึ่งจำเพาะต่อเชื้อไวรัสไข้หวัดนกและไวรัสไข้หวัดม้าและตัวรับที่ sialic acid เชื่อมด้วย  $\alpha$ -2,6 linkage ซึ่งจำเพาะต่อไวรัสไข้หวัดใหญ่สุกรและไวรัสไข้หวัดใหญ่คน (Ito et al., 1998) เมื่อไม่นานมานี้พบว่า นกกระทาก็เป็นสัตว์อีกชนิดหนึ่งที่มีตัวรับทั้งสองชนิดเช่นเดียวกันกับสุกร (Wan and Perez, 2006) นอกจากนี้หลักฐานทางระบาดวิทยาที่ผ่านมาพบว่า สามารถเพาะแยกเชื้อไข้หวัดใหญ่ชนิดเอได้หลายสายพันธุ์จากนกกระทาในทวีปอเมริกาเหนือ ยุโรปและเอเชีย ตัวอย่างเช่น สายพันธุ์ H5N2 H7N3 H9N2 และ H10N8 (Guo et al., 2000; Suarez et al., 1999) ที่น่าสนใจคือ นกกระทาสามารถติดเชื้อไข้หวัดนกสายพันธุ์ H5N1 และ H9N2 ได้โดยไม่แสดงอาการป่วย ในขณะที่สามารถปลดปล่อยเชื้อออกมาทางระบบทางเดินหายใจได้ในปริมาณสูง (Guan et al., 1999) และข้อมูลที่ผ่านมายังพบว่านกกระทาแสดงการติดเชื้อตามด้วยการกลายพันธุ์ของเชื้อ H9N2 ที่แยกได้จากเป็ด ซึ่งการกลายพันธุ์ดังกล่าวมีผลที่ทำให้เชื้อไวรัสมีความสามารถในการติดและเพิ่มจำนวนได้ดียิ่งขึ้น (Perez et al., 2003a) รายงานต่างๆ ดังกล่าวข้างต้นต่างก็สนับสนุนความเชื่อที่ว่า นกกระทามีความสามารถเป็นโฮสต์ตัวกลางในการผลิตไวรัสลูกผสมของเชื้อไวรัสไข้หวัดใหญ่ชนิดเอได้ ซึ่งเมื่อประกอบกับข้อมูลการติดเชื้อไข้หวัดนกสายพันธุ์ H5N1 แบบไม่แสดงอาการในนกกระทาแล้วนั้น ส่งผลให้เกิดความหวาดวิตกเป็นอย่างมากในด้านการสาธารณสุขและการเฝ้าระวังโรคระบาดของเชื้อไข้หวัดนก นอกเหนือจากการติดเชื้อไข้หวัดนกสายพันธุ์ H5N1 ในนกกระทาดังกล่าวแล้ว โอกาสที่นกกระทาจะเป็นแหล่งแพร่กระจายของเชื้อไข้หวัดใหญ่ชนิดเอในธรรมชาติก็มีความเป็นไปได้สูง (Webster et al., 2002) เนื่องจากนกกระทามีตัวรับทั้งสองชนิดที่จำเพาะต่อการติดเชื้อไวรัสไข้หวัดนกและไวรัสไข้หวัดใหญ่สุกร (รวมถึงไข้หวัดใหญ่ในคน) ความเป็นไปได้ที่ว่าเชื้อไวรัสไข้หวัดนกและ/หรือไข้หวัดใหญ่สุกรและ/หรือไข้หวัดใหญ่ในคนจะเกิดการติดเชื้อพร้อมกันในนกกระทาและสามารถเกิดการแลกเปลี่ยนสารพันธุกรรมเกิดเป็นไวรัสลูกผสมชนิดใหม่ขึ้นได้ ซึ่งไวรัสลูกผสมใหม่นี้ก็มีโอกาสที่จะมีการปรับตัวและสามารถแพร่กระจายไปสู่สัตว์ปีกชนิดอื่นหรือสัตว์เลี้ยงลูกด้วยนมอื่นๆ ที่รวมถึงคนได้มากขึ้นด้วยเช่นกัน

อย่างไรก็ตามในปัจจุบันงานวิจัยที่ศึกษาการติดเชื้อไวรัสไข้หวัดใหญ่สุกรรวมทั้งการติดต่อของเชื้อในนกกระทามีจำนวนน้อย ส่วนการศึกษาการเกิดไวรัสลูกผสมของไวรัสสองสายพันธุ์ในนกกระทา (*In vivo* study) ยังไม่มี ดังนั้น งานวิจัยนี้จึงมุ่งเน้นที่จะศึกษาบทบาทของนกกระทาในการติดเชื้อไข้หวัดใหญ่ชนิดเอที่ก่อโรคในสัตว์เลี้ยงลูกด้วยนม โดยจะใช้ เชื้อไข้หวัดใหญ่สุกรเป็นต้นแบบในการศึกษาการติดเชื้อในนกกระทา และศึกษาการแพร่กระจายของเชื้อไข้หวัดใหญ่สุกรไปยังนกกระทาตัวอื่น ซึ่งผลที่ได้จากการศึกษาจะเป็นข้อมูลเบื้องต้นที่จะนำมาสู่การศึกษาบทบาทการเป็นโฮสต์ตัวกลางของนกกระทา (establish *in vivo* quail influenza A virus infection and co-infection model) ซึ่งผลการทดลองที่ได้จะมี

ประโยชน์อย่างยิ่งต่อวงการสัตวแพทย์และการแพทย์ เนื่องจากสามารถประยุกต์ใช้เพื่อการศึกษาวิจัยใช้หัตถ์ใหญ่ชนิดเอต่านอื่นๆ เช่น reassorted-virus pathogenesis adaptation and transmission หรือ reassorted-virus-host interaction ต่อไป