



วิทยานิพนธ์

ปรสิตโปรโตซัวในเลือดและเชื้อไวรัสที่ใช้สมองอักเสบของ
นกบางชนิดในบึงบอระเพ็ด

**BLOOD PARASITIC PROTOZOA AND ENCEPHALITIS
VIRUSES OF SOME BIRDS AT BUNG BORAPHET**

นายภิรมย์ พรหมพิราม

บัณฑิตวิทยาลัย มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์

พ.ศ. 2558

.....ปริญญาคณะวิทยาศาสตร์ (สัตววิทยา).....

ปริญญา

.....สัตววิทยา.....

สาขา

.....สัตววิทยา.....

ภาควิชา

เรื่อง ปรสิตโปรโตซัวในเลือดและเชื้อไวรัสไข้มองอักเสบของนกบางชนิดในบึงบอระเพ็ด

Blood Parasitic Protozoa and Encephalitis Viruses of Some Birds at Bung Boraphet

นามผู้วิจัย นายภิรมย์ พรหมพิราม

ได้พิจารณาเห็นชอบโดย

อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์หลัก

(..... ผู้ช่วยศาสตราจารย์สมาน แก้วไวยุทธ, วท.ด.)

อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์ร่วม

(..... ผู้ช่วยศาสตราจารย์กันทิมาณี ประเดิมวงศ์, วท.ด.)

อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์ร่วม

(..... รองศาสตราจารย์ แพทย์หญิงเยาวลักษณ์ สุขชนะ, M.D.)

อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์ร่วม

(..... รองศาสตราจารย์ นายสัตวแพทย์ปานเทพ รัตนกร, วท.ม.)

หัวหน้าภาควิชา

(..... รองศาสตราจารย์มณจันทร์ เมฆธน, Ph.D.)

บัณฑิตวิทยาลัย มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์รับรองแล้ว

(..... รองศาสตราจารย์กัญญา วีระกุล, D.Agr.)

คณบดีบัณฑิตวิทยาลัย

วันที่ เดือน พ.ศ.

วิทยานิพนธ์

เรื่อง

ปรสิตโปรโตซัวในเลือดและเชื้อไวรัสไข้สมองอักเสบของ
นกบางชนิดในบึงบอระเพ็ด

Blood Parasitic Protozoa and Encephalitis Viruses of
Some Birds at Bung Boraphet

โดย

นายภิรมย์ พรหมพิราม

เสนอ

บัณฑิตวิทยาลัย มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์
เพื่อความสมบูรณ์แห่งปริญญาปรัชญาดุษฎีบัณฑิต (สัตววิทยา)
พ.ศ. 2558

ภิรมย์ พรหมพิราม 2558: ปรสิตโปรโตซัวในเลือดและเชื้อไวรัสไข้สมองอักเสบของนกบางชนิดในบึงบอระเพ็ด วิทยานิพนธ์ปริญญาโท (สัตววิทยา) สาขาสัตววิทยา ภาควิชาสัตววิทยา อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์หลัก: ผู้ช่วยศาสตราจารย์สมาน แก้วไวยุทธ, วท.ด. 228 หน้า

ระดับการติดเชื้อของเชื้อปรสิตโปรโตซัวในเลือดขึ้นกับชนิดของปรสิต ตัวให้อาศัย และรูปแบบของการติดเชื้อ ปรสิตเหล่านี้มีวัฏจักรชีวิตแบบสลับ มีการสืบพันธุ์แบบอาศัยเพศในแมลงพาหะ และการสืบพันธุ์แบบไม่อาศัยเพศในตัวมีกระดูกสันหลัง การศึกษาการติดเชื้อปรสิตโปรโตซัวในบึงบอระเพ็ดนี้ เนื่องจากมีความหลากหลายทางชนิดของนกตัวให้อาศัยสูงและเป็นแหล่งชุ่มน้ำจึงเหมาะสมต่อการแพร่พันธุ์ของแมลงพาหะและการแพร่เชื้อปรสิต โดยทำการเก็บตัวอย่างนกระหว่างปี พ.ศ. 2552 ถึงปี พ.ศ. 2553 โดยใช้ดาข่ายดักนกแบบสุ่ม พบนกจำนวน 6 อันดับ 15 วงศ์ 35 ชนิด เก็บตัวอย่างแผ่นฟิล์มเลือด และจุดเลือดแห้งบนกระดาษกรองของนกแต่ละตัวส่งตรวจในห้องปฏิบัติการ ตรวจการติดเชื้อ และจำแนกชนิดปรสิตโปรโตซัวในเลือดจากตัวอย่างแผ่นฟิล์มเลือด พบปรสิตโปรโตซัว 3 สกุล และไมโครฟิลาเรียที่ไม่ทราบชนิด ได้แก่ ปรสิตสกุล *Haemoproteus* จำนวน 8 ชนิด จากนกตัวให้อาศัย 9 ชนิด ได้แก่ *H. herodiadis* พบในนกยางไฟหัวดำ *H. fallisi* พบในนกอีแอ่นแถบอกดำ *H. dicruri* พบในนกแสกแขวงหางปลา *H. otocompsae* พบในนกปรอดสวน *H. sanguinis* พบในนกปรอดหน้าขาว *H. payevski* พบในนกหงส์ใหญ่พันธุ์ญี่ปุ่น และนกหงส์ปากกล้วย *H. passeris* พบในนกกระจาบบรรณดา และ *H. orizivora* พบในนกกระต่ายหูแหลม ปรสิตสกุล *Plasmodium* จำนวน 4 ชนิด ได้แก่ *P. elongatum* พบในนกยางไฟหัวดำ *P. lophurae* พบในนกเอี้ยงดำ *P. vauhani* พบในนกหงส์ปากหงส์ และ *P. circumflexum* พบในนกกระต่ายหูแหลม และปรสิตสกุล *Trypanosoma* พบเพียงชนิดเดียว คือ *T. avium* ติดเชื้อในนกตัวให้อาศัย 3 ชนิด ได้แก่ นกเอี้ยงดำ นกกระจาบบรรณดา และนกกระต่ายหูแหลม และปรสิตไมโครฟิลาเรียที่ไม่สามารถระบุชนิด พบในนกหงส์ปากกล้วยและนกหงส์ใหญ่พันธุ์ญี่ปุ่น ค่าความชุกของการติดเชื้อปรสิตทุกชนิดคิดเป็นร้อยละ 15.64 ค่าความชุกของการติดเชื้อในสกุล *Haemoproteus* มีค่ามากที่สุดคิดเป็นร้อยละ 12.01 และ *H. orizivora* พบในนกกระต่ายหูแหลมเป็นปรสิตโปรโตซัวในเลือดที่มีค่าความชุกของการติดเชื้อสูงสุด (66.13%) และความหนาแน่นเฉลี่ยของการติดเชื้อสูงสุดคิดเป็น 61.33 ใน 10,000 เซลล์เม็ดเลือดแดง หรือมีแนวโน้มการติดเชื้อในระดับต่ำ ด้านความหลากหลายชนิดของปรสิตสกุล *Haemoproteus* มีแนวโน้มสูงกว่าปรสิตสกุลอื่น ขณะที่การติดเชื้อปรสิตสกุล *Trypanosoma* มีความเท่าเทียมในการติดเชื้อในตัวให้อาศัยมากกว่าปรสิตสกุลอื่น และปรสิตทุกสกุลมีความจำเพาะต่อการติดเชื้อ นำตัวอย่างเลือดแห้งบนกระดาษกรองมาตรวจการติดเชื้อไวรัสไข้สมองอักเสบโดย reverse transcriptase polymerase chain reaction (RT-PCR) แต่ไม่พบเชื้อไวรัสทั้งชนิดแจแปนนิคและเวสต์ไนล์ จึงทำการตรวจหาภูมิคุ้มกันต่อเชื้อไวรัสไข้สมองอักเสบชนิดแจแปนนิคพบนกที่ให้ผลบวกเพียง 1 ตัว (0.2%) จากนกเอี้ยงดำเท่านั้น

Phirom Prompiram 2015: Blood Parasitic Protozoa and Encephalitis Viruses of Some Birds at Bung Boraphet. Doctor of Philosophy (Zoology), Major Field: Zoology, Department of Zoology. Thesis Advisor: Assistant Professor Smarn Kaewviyudth, Ph.D. 228 pages.

The infection rate of blood parasitic protozoa depends on parasitic species, host and pattern of infection. An alternative life cycle of these parasites, asexual reproduction performs in insect vector while sexual reproduction occurs in vertebrate host. Bung Boraphet, there are high species diversity of avian host and wet land, suitable for parasitic propagation and infection. During 2009-2010 633 birds of 6 orders 15 families and 35 species were collected by using mist net. Each bird blood smear and dried spot were collected and sent to laboratory diagnosis. Blood parasitic protozoa were identified and found 3 genera and another unidentified species of microfilaria. There are 8 species of *Haemoproteus* form 9 avian host species including *H. herodiadis*, *H. fallisi*, *H. dicruri*, *H. otocompsae*, *H. sanguinis*, *H. passeris* and *H. orizivora* were infected in *Ixobrychus sinensis*, *Rhipidura javanica*, *Dicrurus macrocercus*, *Pycnonotus blanfordi*, *Pycnonotus goiavier*, *Ploceus philippinus*, and *Lonchura punctulata* respectively, and *H. payevski* was infected in *Acrocephalus orientalis* and *Acrocephalus bistrigiceps*. There are 4 species of *Plasmodium* including *P. elongatum*, *P. lophurae*, *P. vaughani* and *P. circumflexum* were infected in *I. sinensis*, *Sturnus contra*, *A. aedon* and *L. punctulata* respectively and another is *Trypanosoma*, *T. avium*, from *S. contra*, *P. manyar* and *L. malacca*. Whereas unidentified parasitic microfilaria species were found in *A. bistrigiceps* and *A. orientalis*. The prevalence of infection is 15.64%, highest incidence found in *Haemoproteus* (12.01%) and *H. orizivora*, the blood parasitic protozoa of *Lonchura punctulata* is the highest incidence of infection (66.13%), the average intensity in 10,000 RBCs of infection is 23.96 to convince be low level of infection. *H. otocompsae* is a new finding in *P. blanfordi* of Thailand. Species diversity of *Haemoproteus* tends to be higher than others whereas species evenness is *Trypanosoma* but all blood parasites tend to be specific infection. Dried blood spot were diagnostic Japanese encephalitis virus and West Nile encephalitis virus infection by using reverse transcriptase polymerase chain reaction (RT-PCR) the data showed no any strains of viruses were detected then the technique of hemagglutination inhibition (HI) test was done for testing Japanese encephalitis virus. Only 1 bird of *S. contra* (0.2%) was positive with antibody detection.

Student's signature

Thesis Advisor's signature

กิตติกรรมประกาศ

ผู้วิจัยขอกราบขอบพระคุณ ผศ.ดร.สมาน แก้วไวยุทธ ประธานกรรมการที่ปรึกษา
วิทยานิพนธ์ ผศ.ดร.กันธิมาณี ประเดิมวงศ์ ที่ให้คำปรึกษาในการวางแผนการวิจัย และการวิจารณ์
ข้อมูล รศ.พญ.สพ.ญ.เยาวลักษณ์ สุขชนะ และ รศ.น.สพ.ปานเทพ รัตนากร กรรมการที่ปรึกษา
วิทยานิพนธ์ ที่ให้คำแนะนำ การค้นคว้าวิจัย ตลอดจนให้ความกรุณาตรวจแก้ไขวิทยานิพนธ์จนเสร็จ
สมบูรณ์

ขอกราบขอบพระคุณอาจารย์ภาควิชาสัตววิทยาทุกท่าน ที่ได้อบรมสั่งสอนมอบความรู้
อันมีประโยชน์อย่างยิ่ง ในการนำไปใช้ประโยชน์ ขอขอบพระคุณคุณไกรรัตน์ เอี่ยมอำไพ และคุณ
กุลธิดา อธิธิพล เจ้าหน้าที่ประจำสถานีวิจัยสัตว์ป่าบึงบอระเพ็ด คุณบุญฤทธิ์ ศุภผล หัวหน้าเขต
ห้ามล่าสัตว์ป่าบึงบอระเพ็ด กรมอุทยานแห่งชาติ สัตว์ป่า และพันธุ์พืช ที่กรุณาช่วยเก็บตัวอย่างใน
การศึกษารั้งนี้ และขอขอบพระคุณศูนย์เฝ้าระวังและติดตามโรคจากสัตว์ป่า สัตว์ต่างถิ่น และสัตว์
อพยพ ที่กรุณา ช่วยเหลือในด้านอุปกรณ์ และการตรวจวินิจฉัยการติดเชื้อ งานวิจัยนี้ได้รับ
ทุนอุดหนุนการวิจัยจากสำนักงานคณะกรรมการวิจัยแห่งชาติ (วช.)

ด้วยความดี หรือประโยชน์อันใดเนื่องจากวิทยานิพนธ์เล่มนี้ ขอมอบแต่ครอบครัวของ
ข้าพเจ้าที่ส่งเสริมด้านการศึกษา และเป็นกำลังใจให้ข้าพเจ้าตลอดมา

ภิรมย์ พรหมพิราม

พฤษภาคม 2558

สารบัญ

	หน้า
สารบัญ	(1)
สารบัญตาราง	(2)
สารบัญภาพ	(6)
คำอธิบายสัญลักษณ์และคำย่อ	(9)
คำนำ	1
วัตถุประสงค์	3
การตรวจเอกสาร	4
อุปกรณ์และวิธีการ	14
ผลและวิจารณ์	26
ผล	26
วิจารณ์	131
สรุปและข้อเสนอแนะ	190
เอกสารและสิ่งอ้างอิง	192
ภาคผนวก	218
ภาคผนวก ก ภาพการเก็บตัวอย่าง	219
ภาคผนวก ข ภาพนกตัวอย่าง	224
ประวัติการศึกษาและการทำงาน	228

สารบัญตาราง

ตารางที่		หน้า
1	เปรียบเทียบ morphometric parameter ของเซลล์เม็ดเลือดแดงปกติและเม็ดเลือดแดงที่มีการติดเชื้อและ morphometric parameter ของ <i>Haemoproteus herodiadis</i> ในนกยางไฟหัวดำ (<i>Ixobrychus sinensis</i>)	30
2	เปรียบเทียบ morphometric parameter ของเซลล์เม็ดเลือดแดงปกติและเม็ดเลือดแดงที่มีการติดเชื้อและ morphometric parameter ของ <i>Haemoproteus fallisi</i> ในนกอีแพรดแถบอกดำ (<i>Rhipidura javanica</i>)	35
3	เปรียบเทียบ morphometric parameter ของเซลล์เม็ดเลือดแดงปกติและเม็ดเลือดแดงที่มีการติดเชื้อและ morphometric parameter ของ <i>Haemoproteus dicruri</i> ในนกแซงแซวหางปลา (<i>Dicrurus macrocercus</i>)	41
4	เปรียบเทียบ morphometric parameter ของเซลล์เม็ดเลือดแดงปกติและเม็ดเลือดแดงที่มีการติดเชื้อและ morphometric parameter ของ <i>Haemoproteus otocompsae</i> ในนกปรอดสวน (<i>Pycnonotus blanfordi</i>)	46
5	เปรียบเทียบ morphometric parameter ของเซลล์เม็ดเลือดแดงปกติและเม็ดเลือดแดงที่มีการติดเชื้อและ morphometric parameter ของ <i>Haemoproteus sanguinis</i> ในนกปรอดหน้าवल (<i>Pycnonotus goiavier</i>)	52
6	เปรียบเทียบ morphometric parameter และค่าร้อยละของปรสิต <i>Haemoproteus sanguinis</i> และ <i>H. otocompsae</i> ของนกสกุล <i>Pycnonotus</i>	55
7	เปรียบเทียบ morphometric parameter ของเซลล์เม็ดเลือดแดงปกติและเม็ดเลือดแดงที่มีการติดเชื้อและ morphometric parameter ของ <i>Haemoproteus payevskyi</i> ในนกพงใหญ่พันธุ์ญี่ปุ่น (<i>Acrocephalus orientalis</i>) และ นกพงคิ้วดำ (<i>A. bitorques</i>)	58
8	เปรียบเทียบ morphometric parameter ของเซลล์เม็ดเลือดแดงปกติและเม็ดเลือดแดงที่มีการติดเชื้อและ morphometric parameter ของ <i>Haemoproteus passeris</i> ในนกกระจาบบรรณดา (<i>Ploceus philippinus</i>)	64
9	เปรียบเทียบ morphometric parameter ของเซลล์เม็ดเลือดแดงปกติและเม็ดเลือดแดงที่มีการติดเชื้อและ morphometric parameter ของ <i>Haemoproteus orizivora</i> ในนกกระดัดจี๋หมู (<i>Lonchura punctulata</i>)	70

สารบัญตาราง (ต่อ)

ตารางที่		หน้า
10	เปรียบเทียบ morphometric parameter ของเซลล์เม็ดเลือดแดงปกติและเม็ดเลือดแดงที่มีการติดเชื้อและ morphometric parameter ของ <i>Plasmodium elongatum</i> ในนกยางไฟหัวดำ (<i>Ixobrychus sinensis</i>)	75
11	เปรียบเทียบ morphometric parameter ของเซลล์เม็ดเลือดแดงปกติและเม็ดเลือดแดงที่มีการติดเชื้อและ morphometric parameter ของ <i>Plasmodium circumflexum</i> ในนกกระตักขี้หมู (<i>Lonchura punctulata</i>)	82
12	เปรียบเทียบ morphometric parameter ของเซลล์เม็ดเลือดแดงปกติและเม็ดเลือดแดงที่มีการติดเชื้อและ morphometric parameter ของ <i>Plasmodium lophurae</i> ในนกเอี้ยงค่าง (<i>Sturnus contra</i>)	88
13	เปรียบเทียบ morphometric parameter ของเซลล์เม็ดเลือดแดงปกติและเม็ดเลือดแดงที่มีการติดเชื้อและ morphometric parameter ของ <i>Plasmodium vauhani</i> ในนกฟงปากหนา (<i>Acrocephalus aedon</i>)	94
14	เปรียบเทียบ morphometric parameter ของ <i>Trypanosoma avium</i> ในระยะ Trypomastigote form ที่พบในนกทั้ง 3 ชนิด	99
15	เปรียบเทียบ morphometric parameter ระหว่าง <i>Trypanosoma avium</i> และ <i>T. evansi</i>	102
16	ผลการศึกษาปรสิต โปรโตซัวในเลือดในสกุล <i>Haemoproteus Plasmodium Trypanosoma avium</i> และปรสิตหนอนพยาธิตัวกลม <i>Microfilaria</i> ในตัวให้อาศัยแต่ละชนิด	105
17	ค่าความชุก (Prevalence) ของการติดเชื้อปรสิต โปรโตซัวในเลือด และปรสิตหนอนพยาธิตัวกลม <i>Microfilaria</i> แต่ละชนิด	108
18	ความหนาแน่นของการติดเชื้อปรสิต (intensity of infection) ของเชื้อปรสิตในเลือดนกตัวให้อาศัยแต่ละชนิด	111
19	สถานภาพการติดเชื้อปรสิตของนกตัวให้อาศัยทั้งสกุล <i>Haemoproteus Plasmodium Trypanosoma avium</i> และปรสิตหนอนพยาธิตัวกลม <i>Microfilaria</i> และระดับการติดเชื้อของ Ashford (Ashford's scale) ของปรสิตแต่ละสกุล	112

สารบัญตาราง (ต่อ)

ตารางที่		หน้า
20	ค่าความหลากหลายของชนิดปรสิต ค่าความสม่ำเสมอของชนิดปรสิต และ ค่าความกว้างของแหล่งอาศัยของปรสิตในเลือดทั้งสกุล <i>Haemoproteus</i> <i>Plasmodium Trypanosoma</i> และปรสิตหนอนพยาธิตัวกลม <i>Microfilaria</i>	114
21	ค่าความหลากหลายทางชนิด (species diversity; H') ของตัวให้อาศัยต่อการ ติดเชื้อปรสิตทั้งสกุล <i>Haemoproteus Plasmodium Trypanosoma</i> และ ปรสิตหนอนพยาธิตัวกลม <i>Microfilaria</i>	117
22	ชนิดตัวให้อาศัยที่พบการติดเชื้อปรสิต (species richness; s) ค่าความ สม่ำเสมอทางชนิดของตัวให้อาศัย (species evenness; J') ต่อการติดเชื้อ ปรสิตทั้งสกุล <i>Haemoproteus Plasmodium Trypanosoma</i> และปรสิต หนอนพยาธิตัวกลม <i>Microfilaria</i>	118
23	ค่าความกว้างของการติดเชื้อในตัวให้อาศัยต่อการติดเชื้อปรสิตทั้งสกุล <i>Haemoproteus Plasmodium Trypanosoma</i> และปรสิตหนอนพยาธิตัวกลม <i>Microfilaria</i>	119
24	ความชุกของการติดเชื้อไวรัสไข้สมองอักเสบแฉะแปนิช	120
25	ค่าความสัมพันธ์ระหว่างการติดเชื้อปรสิตโปรโตซัวในสกุล <i>Haemoproteus</i> <i>Plasmodium Trypanosoma</i> และปรสิตหนอนพยาธิตัวกลม <i>Microfilaria</i> แต่ ละชนิด ต่อการติดเชื้อไข้สมองอักเสบแฉะแปนิช (Japanese Encephalitis) ของนกตัวให้อาศัย	122
26	ค่าความสัมพันธ์ระหว่างการติดเชื้อปรสิตโปรโตซัวในสกุล <i>Haemoproteus</i> <i>Plasmodium Trypanosoma</i> และปรสิตหนอนพยาธิตัวกลม <i>Microfilaria</i> แต่ ละชนิดต่อการติดเชื้อปรสิตภายนอก (Ectoparasite) ในนกตัวให้อาศัยใน แต่ละชนิด	125
27	การศึกษาความชุกของการติดเชื้อ (Prevalence study) และอัตราอุบัติการณ์ (Incidence rate) ของการติดเชื้อปรสิต ระหว่างการติดเชื้อและไม่ติดเชื้อ ปรสิตภายนอก (Ectoparasite)	128
28	ค่าความสัมพันธ์ระหว่างการติดเชื้อปรสิตโปรโตซัวในสกุล <i>Haemoproteus</i> <i>Plasmodium Trypanosoma</i> และปรสิตหนอนพยาธิตัวกลม <i>Microfilaria</i> แต่ ละชนิดต่อสถานะภาพการอพยพของนกตัวให้อาศัย	129

สารบัญตาราง (ต่อ)

ตารางที่		หน้า
29	การศึกษาความชุก (Prevalence study) และอัตราอุบัติการณ์ (Incidence rate) ของการติดเชื้อปรสิต ระหว่างนกอพยพตัวให้อาศัย และนกประจำถิ่น	130

สารบัญภาพ

ภาพที่		หน้า
1	<i>Haemoproteus herodiadis</i> ระยะ macrogametocytes ในนกยางไฟหัวดำ (<i>Ixobrychus sinensis</i>)	31
2	<i>Haemoproteus herodiadis</i> ระยะ microgametocytes ในนกยางไฟหัวดำ (<i>Ixobrychus sinensis</i>)	32
3	<i>Haemoproteus fallisi</i> ระยะ immature และ macrogametocytes ในนกอีแพรดแถบออกดำ (<i>Rhipidura javanica</i>)	36
4	<i>Haemoproteus fallisi</i> ระยะ macrogametocytes ในนกอีแพรดแถบออกดำ (<i>Rhipidura javanica</i>)	37
5	<i>Haemoproteus dicruri</i> ระยะ immature และ macrogametocytes ในนกแซงแซวหางปลา (<i>Dicrurus macrocercus</i>)	42
6	<i>Haemoproteus dicruri</i> ระยะ macrogametocytes และ microgametocytes ในนกแซงแซวหางปลา (<i>Dicrurus macrocercus</i>)	43
7	<i>Haemoproteus otocompsae</i> ระยะ immature และ macrogametocytes ในนกปรอดสวน (<i>Pycnonotus blanfordi</i>)	47
8	<i>Haemoproteus otocompsae</i> ระยะ macrogametocytes และ microgametocytes ในนกปรอดสวน (<i>Pycnonotus blanfordi</i>)	48
9	<i>Haemoproteus sanguinis</i> ระยะ immature และ macrogametocytes ในนกปรอดหน้าขาว (<i>Pycnonotus goiavier</i>)	53
10	<i>Haemoproteus sanguinis</i> ระยะ macrogametocytes และ microgametocytes ในนกปรอดหน้าขาว (<i>Pycnonotus goiavier</i>)	54
11	<i>Haemoproteus payevskyi</i> ระยะ immature และ macrogametocytes ในนกพงใหญ่พันธุ์ญี่ปุ่น (<i>Acrocephalus orientalis</i>) และนกพงกึ่งดำ (<i>A. britriceps</i>)	59
12	<i>Haemoproteus payevskyi</i> ระยะ microgametocytes ในนกพงใหญ่พันธุ์ ญี่ปุ่น (<i>Acrocephalus orientalis</i>) และนกพงกึ่งดำ (<i>A. britriceps</i>)	60

สารบัญภาพ (ต่อ)

ภาพที่		หน้า
13	<i>Haemoproteus passeris</i> ระยะ macrogametocytes ในนกกระจาบบรรณดา (<i>Ploceus philippinus</i>)	65
14	<i>Haemoproteus passeris</i> ระยะ microgametocytes ในนกกระจาบบรรณดา (<i>Ploceus philippinus</i>)	66
15	<i>Haemoproteus orizivora</i> ระยะ immature และ macrogametocytes ในนกกระตีดี้หนู (<i>Lonchura punctulata</i>)	71
16	<i>Haemoproteus orizivora</i> ระยะ microgametocytes ในนกกระตีดี้หนู (<i>Lonchura punctulata</i>)	72
17	<i>Plasmodium elongatum</i> ในระยะ trophozoites ในนกยางไฟหัวดำ (<i>Ixobrychus sinensis</i>)	76
18	<i>Plasmodium elongatum</i> ในระยะ schizonts และ merozoites ในนกยางไฟหัวดำ (<i>Ixobrychus sinensis</i>)	77
19	<i>Plasmodium elongatum</i> ในระยะ merozoites และ gametocyte ในนกยางไฟหัวดำ (<i>Ixobrychus sinensis</i>)	78
20	<i>Plasmodium circumflexum</i> ในระยะ trophozoites และระยะ schizonts ในนกกระตีดี้หนู (<i>Lonchura punctulata</i>)	83
21	<i>Plasmodium circumflexum</i> ในระยะ schizonts และ merozoites ในนกกระตีดี้หนู (<i>Lonchura punctulata</i>)	84
22	<i>Plasmodium circumflexum</i> ในระยะ merozoites และ gametocyte ในนกกระตีดี้หนู (<i>Lonchura punctulata</i>)	85
23	<i>Plasmodium lophurae</i> ในระยะ trophozoites และ schizonts ในนกเอี้ยงดำ (<i>Sturnus contra</i>)	89
24	<i>Plasmodium lophurae</i> ในระยะ schizonts และ gametocyte ในนกเอี้ยงดำ (<i>Sturnus contra</i>)	90
25	<i>Plasmodium vaughani</i> ในระยะ trophozoites schizonts และ merozoites ในนกพงปากหนา (<i>Acrocephalus aedon</i>)	95
26	<i>Plasmodium vaughani</i> ในระยะ merozoites และ gametocyte ในนกพงปากหนา (<i>Acrocephalus aedon</i>)	96

สารบัญภาพ (ต่อ)

ภาพที่		หน้า
27	<i>Trypanosoma avium</i> ระยะ trypomastigote ในกระดี่สีอิฐ (<i>Lonchura malacca</i>) นกเอี้ยงดำ (<i>Sturnus contra</i>) และนกกระจาบอกลาย (<i>Ploceus manyar</i>)	100
28	แผนที่เขตห้ามล่าสัตว์ป่าบึงบอระเพ็ด และสถานีเก็บตัวอย่าง	104
ภาพผนวกที่		
ก1	สภาพแวดล้อมของบึงบอระเพ็ด และสถานที่ดักจับนกตัวอย่าง	220
ก2	การใช้ตาข่ายดักนก (mist net)	221
ก3	อุปกรณ์และการปฏิบัติการเก็บข้อมูลทางกายภาพนกตัวอย่างที่ติดตาข่ายดักนก	222
ก4	การติดป้ายนกตัวอย่างและการเก็บตัวอย่างเลือดนก	223
ข1	นกตัวอย่างที่ได้จากการดักจับด้วยตาข่ายดักนก (mist net)	225
ข2	นกตัวอย่างที่ได้จากการดักจับด้วยตาข่ายดักนก (mist net)	226
ข3	นกตัวอย่างที่ได้จากการดักจับด้วยตาข่ายดักนก (mist net)	227

คำอธิบายสัญลักษณ์และคำย่อ

RBC	=	Red blood cell
HPC	=	Host parasite complex
NDR	=	Nucleus displacement ratio
RT-PCR	=	Reverse transcriptase polymerase chain reaction
RNA	=	Ribonucleic acid
DNA	=	Deoxyribonucleic acid
JEV	=	Japanese encephalitis virus
WNV	=	West Nile virus
GRBC	=	Goose red blood cell
HAU	=	Hemagglutination unit
HI	=	Hemagglutination inhibition
GLM	=	General linear mean

ปรสิตโปรโตซัวในเลือดและเชื้อไวรัสใช้สมองอักเสบของ นกบางชนิดในบึงบอระเพ็ด

Blood Parasitic Protozoa and Encephalitis Viruses of Some Birds at Bung Boraphet

คำนำ

ความหลากหลายทางชีวภาพ (biodiversity) ของสิ่งมีชีวิตที่อยู่ภายใต้ระบบนิเวศ (ecosystem) เดียวกันมีบทบาทและหน้าที่ต่อระบบนิเวศนั้นๆ แตกต่างกันไป แต่การดำรงชีวิตของสิ่งมีชีวิตเหล่านั้นจำเป็นต้องมีการปรับตัวให้สามารถอยู่ร่วมกับสิ่งมีชีวิตที่ต่างชนิดกัน เพื่อความอยู่รอดและสามารถดำรงเผ่าพันธุ์ในรุ่นต่อไปได้ การปรับตัวในบางโอกาสก่อให้เกิดรูปแบบการอยู่ร่วมกัน (symbiosis) ของสิ่งมีชีวิต แต่สิ่งมีชีวิตต่างชนิดกันเมื่ออาศัยอยู่ร่วมกัน อาจเกิดในลักษณะที่ทั้งสองชนิดต่างฝ่ายต่างได้ประโยชน์ร่วมกัน หรือฝ่ายหนึ่งได้ประโยชน์ส่วนอีกฝ่ายไม่ได้ รับประโยชน์แต่มีได้ส่งผลกระทบหรือเสียผลประโยชน์แต่อย่างใด แต่การอยู่ร่วมกันของสิ่งมีชีวิตบางชนิดทำให้อีกฝ่ายได้รับผลกระทบหรือก่อให้เกิดผลเสียต่อสิ่งมีชีวิตอีกฝ่ายหนึ่ง ซึ่งอาจไม่ถึงขั้นทำให้ฝ่ายที่ได้รับผลกระทบถึงแก่ความตาย แต่อาจส่งผลกระทบต่อระบบใดระบบหนึ่งและก่อให้เกิดการเปลี่ยนแปลงทางร่างกายจนถึงภาวะที่มีความเหมาะสมต่อการงู้อิม หรือการเข้ามาหาผลประโยชน์ของสิ่งมีชีวิตอีกชนิดหนึ่งที่สามารถส่งผลกระทบต่อสิ่งมีชีวิตที่เสียผลประโยชน์นั้นจนถึงแก่ความตายหรือใช้ประโยชน์ในการเพิ่มปริมาณ และ/หรือการนำพาไปสู่สิ่งมีชีวิตตัวอื่นทั้งในชนิดเดียวกันและต่างชนิดกัน จนส่งผลกระทบต่อการดำรงชีวิตและประชากรของสิ่งมีชีวิตเหล่านั้น

การศึกษารูปแบบของการอยู่ร่วมกันในรูปแบบภาวะปรสิต (parasitism) ที่มีฝ่ายเสียประโยชน์หรือตัวให้อาศัย (host) กับฝ่ายที่ได้ประโยชน์หรือปรสิต (parasite) และมีการเปิดโอกาสต่อการติดเชื้อปรสิตชนิดอื่นๆ (secondary infection) ที่อาจจะส่งผลกระทบต่อประชากรของตัวให้อาศัยหรือสิ่งมีชีวิตอีกชนิดหนึ่งที่มีอันตรกิริยา (interaction) ต่อตัวให้อาศัยทั้งทางตรงและทางอ้อม เป็นประเด็นที่น่าสนใจในการศึกษาวิจัยโดยเฉพาะอย่างยิ่ง บึงบอระเพ็ดเป็นระบบนิเวศแหล่งหนึ่งที่

ประกอบด้วยความหลากหลายทางชีวภาพ (biodiversity) ที่มีความเหมาะสมในการศึกษาการติดเชื้อปรสิตโปรโตซัวในเลือดนกที่อาศัยอยู่ในบึงบอระเพ็ดที่มีความหลากหลายทางชนิดสูงทั้งนกประจำถิ่นและนกอพยพ ซึ่งอาจช่วยเปิดโอกาสต่ออัตราการติดเชื้อไวรัสไข้สมองอักเสบทั้งชนิดเจแปนนิซ (Japanese encephalitis virus) และเวสต์ไนล์ (West Nile virus) ที่อาจส่งผลกระทบต่อสุขภาพของประชากรนก และอาจก่อโรคระบาดแพร่เชื้อจากสัตว์สู่คน (zoonosis) ซึ่งส่งผลกระทบต่อสุขภาพมนุษย์เราโดยตรง

การศึกษาทั้งปรสิตโปรโตซัวในเลือดนกตัวอย่างและเชื้อไวรัสไข้สมองอักเสบทั้ง 2 ชนิดดังกล่าว จึงเป็นข้อมูลที่มีประโยชน์ต่อการบริหารจัดการเส้นทางการติดเชื้อไวรัสไข้สมองอักเสบที่มียุงเป็นแหล่งรังโรค และมนุษย์เป็นตัวให้อาศัยสุดท้าย (dead-end host) ซึ่งเมื่อมีการติดเชื้อแล้วอาจก่อให้เกิดโรคและเจ็บป่วยจนถึงแก่ชีวิตในมนุษย์ได้ นอกจากนี้ผลจากการศึกษาวิจัยยังใช้ประโยชน์ในการบริหารจัดการด้านระบาดวิทยา ป้องกันและกำจัดเชื้อปรสิตโปรโตซัวในเลือดนกที่ส่งผลกระทบต่อคนโดยตรง และยังสามารถส่งผลดังกล่าวต่อมนุษย์เรา

วัตถุประสงค์

1. ศึกษาชนิดของปรสิตโปรโตซัวในเลือดของนกบางชนิดที่อาศัยอยู่ในบริเวณบึงบอระเพ็ด จังหวัดนครสวรรค์
2. ศึกษาอัตราการติดเชื้อไวรัสไข้สมองอักเสบชนิดแจแปนนิช และเวสต์ไนล์ในนกชนิดที่ศึกษา
3. ศึกษาความสัมพันธ์ระหว่างการติดเชื้อปรสิตโปรโตซัวในเลือดนกต่อการติดเชื้อไวรัสไข้สมองอักเสบชนิดแจแปนนิช และเวสต์ไนล์ในนกตัวอย่างชนิดที่ศึกษา

การตรวจเอกสาร

บึงบอระเพ็ดจัดเป็นพื้นที่ชุ่มน้ำขนาดใหญ่และสำคัญที่สุดของพื้นที่ราบลุ่มภาคกลาง (ส่วนอนุรักษ์สัตว์ป่า, 2542) จัดเป็นทะเลสาบน้ำจืดขนาดใหญ่มีพื้นที่ประมาณ 212.4 ตารางกิโลเมตร ที่คงไว้ซึ่งความหลากหลายทางชีวภาพ อุดมสมบูรณ์ทั้งในด้านทรัพยากรพืชและสัตว์ ทำให้บึงบอระเพ็ดเป็นพื้นที่ชุ่มน้ำที่มีความสำคัญระดับนานาชาติ เป็นแหล่งที่อยู่อาศัยของนกมากมายหลายประเภททั้งนกประจำถิ่น (resident bird) และนกอพยพ (migratory bird) ทำให้ความหลากหลายของชนิดนกมีสูง โดยเฉพาะในระหว่างที่มีการอพยพย้ายถิ่นชั่วคราวของนกจากภูมิภาคที่มีอากาศหนาวเย็น รวมทั้งสิ้นประมาณ 187 ชนิด (Species) 11 อันดับ (Order) 43 วงศ์ (Family) และ 114 สกุล (Genus) วงศ์ของนกที่มีความสำคัญได้แก่ วงศ์นกยาง (Ardeidae) วงศ์นกนางแอ่น (Hirundinidae) วงศ์นกจาบคาเล็ก (Meropidae) วงศ์นกเป็ดน้ำ (Anatidae) วงศ์นกเอี้ยง (Sturnidae) และนกในวงศ์อื่นๆ (โอภาส, 2541)

นกประจำถิ่น (resident birds) หมายถึงนกที่อาศัย หากิน สร้างรัง วางไข่ เลี้ยงลูกอ่อน และดำรงชีวิตอยู่ในบึงบอระเพ็ดตลอดทั้งปี เช่น นกกก นกฟริก นกอีแจว นกอีโก้ง นกกระปูดเล็ก และนกเป็ดแดง เป็นต้น นกอพยพ (migratory birds) คือนกที่อพยพเข้ามาอาศัยอยู่ในบึงบอระเพ็ดเพียงช่วงระยะเวลาหนึ่งแล้วอพยพกลับสู่ถิ่นเดิม ส่วนใหญ่จะอพยพในช่วงฤดูกาลผสมพันธุ์ หรือฤดูหนาว ซึ่งไม่พบการทำรังและวางไข่แต่อย่างใด และยักรวมถึงนกที่มาอาศัยอยู่ในบึงเพียงชั่วขณะก่อนที่จะอพยพไปยังที่อื่น หรือเรียกว่า นกอพยพผ่าน (birds of passage migrant) นอกจากนี้ยังรวมถึงนกที่อพยพมาทำรังและวางไข่ในบึงบอระเพ็ด (โอภาส, 2541; ส่วนอนุรักษ์สัตว์ป่า, 2542)

ปรสิตโปรโตซัวในเลือด

ปรสิตโปรโตซัวในเลือดนกในกลุ่ม Haemosporidia (Phylum Apicomplexa Levine 1988) จัดเป็นปรสิตที่ประสบความสำเร็จทางด้านนิเวศ พบได้ในนกตัวให้อาศัยที่แพร่กระจายเกือบทั่วโลก คาดว่าประมาณร้อยละ 68 ของชนิดนกมีความไว (susceptible) ต่อการแพร่เชื้อปรสิตโปรโตซัวในกลุ่มนี้ โดยพบว่านกที่มีการติดเชื้อปรสิตในกลุ่มนี้มีกว่า 200 ชนิด จากปรสิต 3 สกุล (Genus) คือ *Haemoproteus* *Leucocytozoon* และ *Plasmodium* ซึ่งทั้งสามสกุลจะใช้ลักษณะ (characters) ใน

การจำแนก และในแต่ละสกุลยังแบ่งออกเป็นหลายชนิด ซึ่งการจำแนกชนิดแตกต่างกันไปโดยอาศัย รูปพรรณสัณฐาน (morphology) ที่สังเกตภายใต้กล้องจุลทรรศน์แบบใช้แสง โครงสร้างระดับจุลกายวิภาค (ultrastructure) รูปแบบและรายละเอียดของวัฏจักรชีวิต และ ขอบเขตตัวให้อาศัย (host range) โดยที่บางชนิดอาจจะใช้ความแตกต่างกันของชนิดของตัวให้อาศัย หรือลักษณะรูปพรรณสัณฐานเพียงเล็กน้อยเท่านั้น ลักษณะทางกายภาพที่จำเพาะในการจำแนกทั้ง 3 สกุลมีดังนี้ *Haemoproteus* ลักษณะที่ใช้ในการตรวจวินิจฉัยประกอบด้วย รูปร่างลักษณะและขนาดของ gametocyte ขนาดของ นิวเคลียสและตำแหน่งภายในเซลล์ ขนาดและจำนวนของเม็ดสี (pigment granules) ขนาดและรูปร่างลักษณะของเซลล์ และตำแหน่งของ gametocyte ที่มีความสัมพันธ์ต่อนิวเคลียสของตัวให้อาศัย ส่วนปรสิตในสกุล *Leucocytozoon* ลักษณะสำคัญที่ใช้ประกอบด้วย ขนาดและรูปร่างของปรสิตที่สัมพันธ์ต่อเซลล์ของตัวให้อาศัย โครงสร้างที่อยู่ภายในเซลล์ (intracellular structures) และ ร้อยละของการครอบครองพื้นที่ของ gametocyte ต่อนิวเคลียสของเซลล์ตัวให้อาศัย ส่วนการตรวจวินิจฉัยเชื้อ *Plasmodium* จะใช้ลักษณะในการเจริญพัฒนาที่อยู่ภายนอกเม็ดเลือดแดง (extraerythrocytic developmental traits) และระยะที่อยู่ภายในเม็ดเลือดแดง (intraerythrocytic stage) ส่วนปรสิตในสกุล *Plasmodium* และ *Haemoproteus* จะพบ granules ที่มีสีน้ำตาลเหลือง ในขณะที่ *Leucocytozoon* จะไม่พบ granules เหล่านี้ ปรสิตโปรโตซัวในเลือดนกนี้มีวัฏจักรชีวิตแบบสลับ โดยการสืบพันธุ์แบบไม่อาศัยเพศ (asexual reproduction) พบในนก และเมื่อมีการสร้าง gametocyte ภายในระบบหมุนเวียน การสืบพันธุ์แบบอาศัยเพศก็เกิดขึ้นภายในตัวแมลงตัวให้อาศัย (arthropod host) ปรสิตในสกุล *Plasmodium* จะใช้ยุงในการถ่ายเชื้อ (transmission) จากนั้นการสืบพันธุ์แบบไม่อาศัยเพศจะเกิดภายในเม็ดเลือดแดงของสัตว์จำพวกนก ในขณะที่ปรสิตในสกุล *Haemoproteus* จะอาศัยไร (midges; *Culicoides* spp.) เป็นพาหะนำเชื้อและการสืบพันธุ์แบบไม่อาศัยเพศจะพบได้ใน endothelial cell และเซลล์ที่ไม่ใช่เม็ดเลือดแดง แต่ในปรสิตในสกุล *Leucocytozoon* จะมีริ้นฝอยทราย (black flies; *Simulium* spp.) เป็นตัวถ่ายเชื้อ ระยะที่มีการสืบพันธุ์แบบไม่อาศัยเพศสามารถพบได้ในหลากหลายอวัยวะที่ไม่ใช่เม็ดเลือดแดง (Ballweber, 2004; Poulin and Morand, 2004; Sehgal *et al.*, 2005; Martinsen *et al.*, 2006)

ความสัมพันธ์ระหว่างปรสิตกับนก

สำหรับในสัตว์ปีก (Aves) โรคที่เกิดจากการติดเชื้อ (infectious diseases) ส่วนมากจะมีความสัมพันธ์อย่างมีนัยสำคัญกับปรสิตเป็นส่วนใหญ่ แม้ว่าบางครั้งปรสิตจะไม่ใช่สาเหตุของการตาย (mortality) โดยตรงแต่มักจะรบกวนหน้าที่การทำงานที่มีความสำคัญต่อชีวิต และเปิดโอกาสให้เชื้อที่ก่อให้เกิดโรคเข้ามารุกรานตัวให้อาศัยได้ง่ายมากขึ้นจนนำไปสู่การตายของตัวให้อาศัย การติดเชื้อปรสิตโปรโตซัวในเลือดยังมีความสัมพันธ์กับช่วงวัยการสืบพันธุ์ตัวให้อาศัยด้วย จากการศึกษาผลกระทบที่เกิดจากการสืบพันธุ์พบว่าปรสิตโปรโตซัวในเลือดมีความชุกเพิ่มมากขึ้นในช่วงที่ตัวให้อาศัยมีการสืบพันธุ์ นอกจากนี้การติดเชื้อปรสิตโปรโตซัวในเลือดยังเพิ่มขึ้นตามฤดูกาลซึ่งเป็นผลมาจากการเปลี่ยนแปลงความหนาแน่นของพาหะที่เกิดขึ้นเป็นครั้งคราว ความรุนแรงของการติดเชื้อปรสิตที่มีต่อตัวให้อาศัยจะมีหลากหลายระดับด้วยกันได้แก่ชนิดของปรสิต เช่น *Leucocytozoon* spp. ซึ่งเป็นปรสิตของนกที่รู้จักกันดีและมีนกบางชนิดที่มีการติดเชื้ออย่างรุนแรง (virulent infectivity) โดยเฉพาะการติดเชื้อในไก่และในนกน้ำ การติดเชื้อของปรสิตสกุลนี้ก่อให้เกิดอัตราการตายสูง และยังส่งผลกระทบต่อการสูญเสียทางเศรษฐกิจอย่างรุนแรงในผลิตภัณฑ์ที่มาจากสัตว์ปีก จากการศึกษาการเกิดพยาธิสภาพของผลิตภัณฑ์ไข่ที่ลดลง และเปลือกไข่ไม่แข็งตัวในไก่ที่กำลังฟักไข่พบว่ามีความเกี่ยวข้องกับการติดเชื้อ *Leucocytozoon caulleryi* ซึ่ง schizont ที่มีขนาดใหญ่จำนวนมากสามารถพบได้ที่บริเวณรังไข่และท่อหน้าไข่ ซึ่งทำให้เกิดการรวมกลุ่มของ granule และเม็ดเลือดขาวที่เกี่ยวข้องกับกระบวนการอักเสบ ทำให้เกิดการบวมน้ำ (edema) และเซลล์มีขนาดเล็กกว่าปกติ (pressure atrophy) ที่บริเวณมดลูก (uterine) ซึ่งเป็นบริเวณที่มีการสร้างเปลือกไข่จะเกิดความเสียหายรุนแรงที่สุด จากการที่เกิตรอยโรคที่อวัยวะของระบบสืบพันธุ์นี้ทำให้ผลิตภัณฑ์ไข่ไก่ลดลง และเปลือกไข่ไม่แข็งตัว จนนำไปสู่การหยุดกระบวนการสร้างไข่ในแม่ไก่ที่มีการติดเชื้อปรสิตโปรโตซัวในเลือดดังกล่าว นอกจากนี้รูปแบบของการติดเชื้อเป็นอีกปัจจัยที่มีความเกี่ยวข้องกับความรุนแรงของการติดเชื้อ เมื่อปรสิตมีการแพร่เชื้อไปสู่ตัวให้อาศัยชนิดใหม่ ซึ่งอาจเป็นกลุ่มสิ่งมีชีวิตที่มีความใกล้ชิดกันหรืออาจเป็นสิ่งมีชีวิตต่างกลุ่มกัน ปรสิตสามารถทำให้เกิดผลกระทบที่รุนแรงในระดับประชากร เช่นการแพร่กระจายของ *Plasmodium* ในเหล่าสัตว์ปีกที่เกาะฮาวาย เป็นสาเหตุให้นกประจำถิ่น (native bird) หลายชนิดเกิดการสูญพันธุ์ (extinction) (Julian and Galt, 1980; Neva and Brown, 1994; Valkiunas and Iezhova, 2004; Garvin and Schoech, 2006; Hellgren *et al.*, 2007; Donovan *et al.*, 2008; Merino *et al.*, 2012)

พยาธิสภาพที่เกิดจากการติดเชื้อปรสิตชนิด *Haemoproteus danilewaskyi* ในเลือดนก Blue jays (*Cyanocitta cristata*) พบการเปลี่ยนแปลงทางกายภาพ เช่น จำนวนเม็ดเลือดขาว eosinophils, basophils และ heterophils เพิ่มขึ้น ซึ่งอาจเกิดจากการตอบสนองต่อกระบวนการอักเสบ (inflammatory response) ต่อรอยโรคที่เกิดขึ้นบริเวณตับ ปอด และที่ม้าม โดยที่การเพิ่มขึ้นของ eosinophils เป็นการตอบสนองต่อการติดเชื้อปรสิต (parasitic infection) และการลดลงของปริมาตรเม็ดเลือดอัดแน่น (packed cell volume; PCV) เป็นผลเนื่องจากอัตราการทำลายเซลล์ของเม็ดเลือดแดงที่ติดเชื้อปรสิตในระบบหมุนเวียน (circulation) มากกว่าการสร้าง และปลดปล่อยเม็ดเลือดแดงจากไขกระดูก (bone marrow) เข้าสู่ระบบหมุนเวียน และยังพบว่าความเข้มข้นของโปรตีนในน้ำเลือด (plasma protein concentrations) เพิ่มขึ้น ซึ่งเป็นผลมาจากอัตราการสังเคราะห์ immunoglobulin หรือ เกิดการสูญเสียน้ำ (dehydration) เพิ่มขึ้น นอกจากนี้ยังพบว่าการเพิ่มขึ้นของ immunoglobulin ยังมีความสัมพันธ์กับการติดเชื้อ *Plasmodium* และ *Leucocytozoon* ด้วย และการศึกษาการใช้กลูโคสของเซลล์ที่ติดเชื้อปรสิตโปรโตซัวในเลือด *Haemoproteus columbae* ในนกพิราบ พบว่าเซลล์เม็ดเลือดแดงที่มีการติดเชื้อปรสิตดังกล่าวมีการใช้กลูโคสมากกว่าเซลล์ที่ไม่ติดเชื้อปรสิตถึง 100 เท่า ทำให้ความเข้มข้นของกลูโคสของตัวให้อาศัยลดต่ำลง เป็นผลให้เกิดการอ่อนแรง (weakness) โลหิตจาง (anemia) และเบื่ออาหาร (anorexia) (Garvin *et al.*, 2003; Valkiunas and Iezhova, 2004; Donovan *et al.*, 2008)

โรคไขสมองอักเสบ (encephalitis)

ไขสมองอักเสบคือ ภาวะสมองอักเสบอย่างเฉียบพลัน โดยทั่วไปแล้วมีสาเหตุมาจากการติดเชื้อไวรัส (viral infection) แต่การติดเชื้อแบคทีเรีย เช่น bacterial meningitis รวมทั้งการรุกรานของโปรโตซัวปรสิตอื่นๆ ที่เป็นสาเหตุของโรคท็อกโซพลาสโมซิส (toxoplasmosis) มาลาเรีย (malaria) หรือเชื้อหุ้มสมองอักเสบที่เกิดจากเชื้ออมีบา (primary amoebic meningoencephalitis) สามารถก่อให้เกิดไขสมองอักเสบได้เช่นกัน หากระบบภูมิคุ้มกันมีความบกพร่อง เมื่อสมองได้รับความกระทบกระเทือนทำให้เกิดภาวะอักเสบที่บริเวณสมอง และต้นสมองที่อยู่ในภาวะอักเสบนั้นไปที่กะโหลกศีรษะ และนำไปสู่การเสียชีวิตในที่สุด การระบาดของไขสมองอักเสบที่เกิดขึ้นทั่วโลกนั้นมีสาเหตุหลักมาจากเชื้อไวรัส ได้แก่ เชื้อไวรัสไขสมองอักเสบชนิดแจแปนนิช (Japanese encephalitis) เชื้อไวรัสเวสต์ไนล์ (West Nile) เชื้อไวรัสชานดิปัวรา (Chandipura virus) เชื้อไวรัสไข

สมองอักเสบเซนต์หลุยส์ (St. Louis encephalitis) เชื้อไวรัสไข้สมองอักเสบในม้า (Equine encephalitis) เชื้อไวรัสไข้สมองอักเสบลาครอส (La Crosse encephalitis) เชื้อไวรัสไข้สมองอักเสบมัวร์วาลีย์ (Murray Valley encephalitis virus) เชื้อไวรัสไข้สมองอักเสบแคลิฟอร์เนีย (California encephalitis virus) เชื้อไข้อยู่หมัดสมองอักเสบที่มีเห็บเป็นพาหะ (Tick-borne meningoencephalitis) เชื้อไวรัสเริม หรือเฮอร์ปีส ซิมเพลกซ์ (Herpes simplex) เชื้อไวรัสไข้หวัดใหญ่ชนิด เอ (Influenza A virus) (Shemanchuk, 1969; Lord *et al.*, 1973; Solomon, 2006; Estep *et al.*, 2011)

ไวรัสที่ก่อให้เกิดไข้สมองอักเสบมีกระบวนการถ่ายทอดเชื้อที่ต้องอาศัยพาหะนำเชื้อ (vector born infectious disease) ที่สามารถนำโรคจากสัตว์ชนิดหนึ่งไปสู่อีกชนิดหนึ่งได้ เช่น นกและสัตว์ฟันแทะมาสู่มนุษย์ โดยการกัดของยุงจากการกินเลือดนกที่มีการติดเชื้อไปสู่นกได้ นกที่อยู่ใกล้แหล่งน้ำ เช่น บึงน้ำจืด มีโอกาสติดเชื้อไวรัสที่ทำให้เกิดไข้สมองอักเสบ เมื่อนกมีการติดเชื้อในระยะเวลาสั้นๆ นกจะมีไวรัสในกระแสเลือดปริมาณมาก และสร้างภูมิคุ้มกันต่อการเกิดโรค หากยุงกัดนกที่มีการติดเชื้อจะสามารถนำเชื้อนี้ไปตลอดชีวิต และถ่ายทอดเชื้อไปสู่สัตว์อื่นที่ยุงดูดกินเลือด รูปแบบการถ่ายทอดระหว่างนกและยุงนี้ โดยทั่วไปไม่ส่งผลกระทบต่อทั้งในนกและยุง และยุงจะเลือกกัดนกและสัตว์เลี้ยงลูกด้วยนมขนาดเล็กก่อน ส่วนมนุษย์เราจะเป็นตัวเลือกอันดับที่สอง อย่างไรก็ตาม การเปลี่ยนแปลงทางสิ่งแวดล้อม โดยมากเกิดจากการเปลี่ยนแปลงของสภาพภูมิอากาศ ทำให้นกที่ติดเชื้อเพิ่มมากขึ้นในขณะที่ยุงกินเลือดได้ทั้งในนกและมนุษย์ ภายใต้อากาศเหล่านี้มนุษย์อาจเกิดการติดเชื้อ โดยยุง *Culex* sp. นำเชื้อไวรัสไข้สมองอักเสบ ไข้สมองอักเสบชนิดเวสต์ไนล์ จัดเป็นโรคสัตว์สู่คนที่มีความเสี่ยงสูงจากเชื้อไวรัสในกลุ่มฟลาวิไวรัส (zoonotic flavivirus) ทั้งเชื้อไวรัสไข้สมองอักเสบชนิดแจแปนนีซ (Japanese encephalitis virus; JEV) เชื้อไวรัสเวสต์ไนล์ (West Nile virus; WNV) ที่มียุงในสกุล *Culex* หลายชนิดเป็นพาหะหลักในการแพร่เชื้อ (mosquito-borne transmission) จะเกิดระบาดในสภาพภูมิประเทศที่มีความแตกต่างกันหลายรูปแบบ และทำให้เกิดไข้สมองอักเสบที่ก่อให้เกิดการตายในมนุษย์ ม้า นกฟีนบ้านและนกที่อยู่ในธรรมชาติ เชื้อเวสต์ไนล์ไวรัส ที่อุบัติขึ้นนั้นมีนัยสำคัญที่จะเป็นสาเหตุของการป่วยและการตาย ในวงกว้างทั้งในสัตว์ปีกและสัตว์เลี้ยงลูกด้วยนม และเชื่อดังกล่าวจะคงอยู่ทั้งในนก และยุงเป็นวงจรในธรรมชาติ (Banet-Noach *et al.*, 2003; Paramasivan *et al.*, 2003a; Garcia-Tapia *et al.*, 2007)

เชื้อไวรัสไข้สมองอักเสบแอฟริกา เป็นสาเหตุของไข้สมองอักเสบในทวีปเอเชีย ถึง 30,000-50,000 รายในทุกๆ ปี อัตราการเสียชีวิตที่เกิดจากสาเหตุดังกล่าวอยู่ระหว่างร้อยละ 0.3 ถึง 60 ทั้งนี้ขึ้นอยู่กับกลุ่มประชากรและวัยของผู้ที่ได้รับเชื้อ โดยปัจจัยที่มีผลต่อการติดเชื้อได้แก่ ช่วงวัย อายุ ภาวะทางโภชนาการ สภาพบ้านเรือน การสัมผัสกับสัตว์เลี้ยงหรือฝูง โรคนี้มีความชุกชุมทั่วยุโรป เอเชีย โดยเฉพาะเอเชียตะวันออกเฉียงใต้ พยาธิสภาพและความรุนแรงที่เกิดจากไข้สมองอักเสบทำให้รอยโรค (lesion) ที่สมองส่วน thalami, substantia nigra, basal ganglia, cerebral cortex, cerebellum, brain stem และ white matter และจะมีการติดเชื้อรุนแรงในเด็กที่มีอายุต่ำกว่า 15 ปี โดยพบว่าเด็กที่มีอายุระหว่าง 5-9 ปี สามารถพบการติดเชื้อได้ถึง 15 คนจากจำนวนเด็กทั้งหมด 10,000 คน มนุษย์และม้าเป็น dead-end host การเกิดโรคไข้สมองอักเสบที่ก่อให้เกิดการตาย (fatal encephalitis) โดยสุกรเป็นตัวให้อาศัยในการเพิ่มปริมาณซึ่งมีบทบาทสำคัญในทางระบาดวิทยาของโรค สุกรที่ได้รับเชื้อจะไม่แสดงอาการ ยกเว้นในสุกรแม่พันธุ์ที่ตั้งท้องเมื่อมีการคลอดก่อนกำหนด แล้วลูกสุกรจะเกิดอาการผิดปกติหลังจากการได้รับเชื้อโรค (Chaudhuri *et al.*, 1992; Gajanana *et al.*, 1995; Chang, 2002; See *et al.*, 2002; Tseng *et al.*, 2003; Solomon, 2006; Klopfeisch *et al.*, 2007; Yamamoto *et al.*, 2007; Brojer *et al.*, 2012)

เชื้อเวสต์ไนล์ไวรัสพบมากในทวีปแอฟริกา ยุโรป ตะวันออก เอเชียตะวันตก และตะวันออกกลาง และยังพบเชื้อชนิดนี้ในทวีปอเมริกา ซึ่งเชื้อเวสต์ไนล์ไวรัสนี้มีสายสัมพันธ์ (lineage) ร่วม อยู่ 2 สายพันธุ์คือ สายพันธุ์แรกพบที่ตอนกลางและทางเหนือของทวีปแอฟริกา ยุโรป อิสราเอล และอเมริกา ส่วนอีกสายพันธุ์พบที่ตอนกลางและตอนใต้ของทวีปแอฟริกาและที่มาดากาสกา สายพันธุ์ที่มาจากตอนใต้ของแอฟริกามีความเกี่ยวข้องกับการเกิดไข้สมองอักเสบในมนุษย์ ม้า และสุนัข ซึ่งการระบาดครั้งแรกในโลกใหม่นั้น เป็นผลทำให้เกิดผู้ป่วยไข้สมองอักเสบถึง 62 ราย ในจำนวนนี้มีผู้เสียชีวิต 7 ราย และพบว่า ม้า นกประจำถิ่นและนกอพยพหลายชนิดตายเนื่องจากเชื้อไวรัสสายพันธุ์นี้ วัฏจักรของการติดต่อกันของเชื้อเวสต์ไนล์ไวรัสมีศูนย์กลางอยู่ที่นกธรรมชาติ เนื่องจากนกทำหน้าที่เป็นแหล่งเพิ่มปริมาณเชื้อ (amplifying host) มีความไวต่อการติดเชื้อ ในนกวงศ์ Corvidae (ได้แก่ กา นกตะขาบ และนกในกลุ่มนกสาติกาหรือนกขุนทอง) มีความสำคัญเป็นพิเศษ นอกจากนี้ยังพบการติดเชื้อในสัตว์ปีกอีกหลายชนิด ได้แก่ สัตว์ปีกพื้นบ้านคือ เป็ด ห่าน ไก่ ไก่วง แต่ห่านสามารถที่จะแพร่เชื้อได้โดยตรงทางช่องทวารรวม (cloaca) และทางช่องปาก (oral cavity) ส่วนในนกธรรมชาติในกลุ่ม Passeriformes พบ neutralizing antibody ต่อเชื้อเวสต์ไนล์ไวรัสด้วย ส่วนนก

นางแอ่นบ้าน (house sparrows) มีการติดเชื้อเวสต์ไนล์ไวรัส จากการตรวจวินิจฉัยด้วยวิธี RT-PCR และ in situ hybridization เช่นกัน เนื่องจากเชื่อดังกล่าวทำให้เกิดการป่วยที่รุนแรงและมีอัตราการตายสูง จึงใ้ชนกเหล่านี้เป็นตัวชี้วัดสำหรับเชื้อไวรัสในบริเวณใหม่ที่มีการแพร่ระบาด นกชนิดอื่นๆ เมื่อเกิดการติดเชื้อจะมีการเพียง 2 - 3 อย่างแต่มีการติดเชื้อในกระแสโลหิตเป็นเวลาหลายวัน หลังจากได้รับเชื้อและสร้างภูมิคุ้มกันที่มีอายุยาวนาน การติดเชื้อในนกนั้นเกิดจากการกัดของยุงที่ชอบกัดคน (ornithophilic mosquitoes) โดยทั่วไปคือ ยุงในสกุล *Culex* spp. โดยเฉพาะ *C. pipiens* เป็นพาหะหลักสำหรับเชื้อเวสต์ไนล์ไวรัส นอกจากนี้ยังพบว่ายุง *C. tritaeniorhynchus* *C. vishnui*, *C. bitaeniorhynchus* และ *C. univittatus* สามารถเป็นพาหะของเชื้อเวสต์ไนล์ไวรัสได้ด้วย ส่วนภาวะที่เหมาะสมของการแพร่ระบาดในคน ได้แก่ บริเวณที่มีประชากรของนกที่ไวต่อการติดเชื้อหนาแน่น และบริเวณที่มีแหล่งน้ำที่เป็นแหล่งเพาะพันธุ์ยุงที่ชอบกัดคน (Savage *et al.*, 1999; Burt *et al.*, 2002; Banet-Noach *et al.*, 2003; Paramasivan *et al.*, 2003a; Tseng *et al.*, 2003; Hasegawa *et al.*, 2008)

การแพร่กระจายของเชื้อไวรัสไข้สมองอักเสบ มีหลักฐานของการติดเชื้อมาจากนกอพยพ และนกธรรมชาติซึ่งเป็นแหล่งรังโรคในธรรมชาติ วัฏจักรการถ่ายเชื้อระหว่างยุง นกและยุง โดยมียุง *Culex* spp. เกี่ยวข้องกับการถ่ายเชื้อ ปัจจัยทางนิเวศต่อการแพร่กระจายของเชื้อเวสต์ไนล์ไวรัส มีความเกี่ยวข้องระหว่างความหลากหลายที่สูงและความเสี่ยงที่ลดลงต่อโรคติดเชื้อที่ต้องอาศัยพาหะช่วยลดรูปแบบการแพร่กระจายของโรคได้ ดังนั้นการทดสอบหาความสัมพันธ์ความหลากหลายของนกในกลุ่ม passerine (Passeriform) และนกชนิดอื่นๆ (non-passerine) โดยที่ non-passerine มีความสัมพันธ์ในเชิงลบต่ออัตราการติดเชื้อทั้งในมนุษย์และยุง ดังนั้นการศึกษาปัจจัยที่มีผลต่ออัตราการติดเชื้อ เชื้อเวสต์ไนล์ไวรัส จึงควรศึกษาจากนกในกลุ่ม passerine ที่มีความสัมพันธ์ต่ออัตราการติดเชื้อทั้งในมนุษย์และในยุง (Gresser *et al.*, 1958; Rodrigues *et al.*, 1981; Bhattacharya *et al.*, 1986; Durden *et al.*, 1997; Jamgaonkar *et al.*, 2003; Garcia-Tapia *et al.*, 2007; Tiawsirisup and Nuchprayoon, 2010; Brojer *et al.*, 2012; Nemeth *et al.*, 2012b)

เชื้อไวรัสไข้สมองอักเสบชนิดเจแปนนิซมีสูตรฟาร์มและนกธรรมชาติในกลุ่มนกยาง หรือนกกระสา เป็นแหล่งรังโรคตามธรรมชาติ มีการระบาดน้อยมากในเขตทวีปอเมริกา แหล่งที่อยู่อาศัยในเขตชนบท (rural) ที่มีการระบาด (endemic area) เป็นบริเวณที่มีความเสี่ยงสูงสุด มักไม่พบการ

แพร่ระบาดในเขตชุมชนเมือง (urban area) ประเทศที่มีการระบาดของโรคนี้ในอดีตได้แก่ ประเทศจีน เกาหลี ญี่ปุ่น ไต้หวันและประเทศไทย พบการแพร่ระบาดสูงสุดในระหว่างเดือนเมษายนถึงเดือนกันยายน ส่วนประเทศที่ยังคงมีการระบาดอยู่ได้แก่ ประเทศเวียดนาม กัมพูชา พม่า อินเดีย เนปาลและมาเลเซีย โดยมีการติดต่อมากที่สุดในช่วงเดือนมิถุนายนถึงเดือนพฤศจิกายน การแพร่กระจายของเชื้อไวรัสใช้สมองอักเสบชนิดเฉียบพลันซึ่งต้องอาศัยพาหะโดยที่ตัวพาหะของเชื้อนี้คือยุงรำคาญกลุ่ม *Culex* spp. มีหลากหลายชนิดเช่น *Culex tritaeniorhynchus*, *Culex pseudovishnui*, และ *Culex vishnui* ซึ่งสามารถดูดกินเลือดได้ทั้งในวัว ควาย คน สุนัข และรวมไปถึงนกบางชนิด โดย *C. tritaeniorhynchus* เป็นพาหะที่สำคัญซึ่งสามารถนำเชื้อ Japanese encephalitis virus มาสู่มนุษย์ที่พบได้บ่อยที่สุด (Hsioh-Teh *et al.*, 1954; Burke *et al.*, 1985; Reuben *et al.*, 1992; Arunachalam *et al.*, 2002; Arunachalam *et al.*, 2004)

การตรวจวินิจฉัยเชื้อไวรัสใช้สมองอักเสบสามารถทำได้หลายวิธี ได้แก่ การตรวจหาแอนติบอดีต่อเชื้อเวสต์ไนล์ไวรัส โดยวิธี hemagglutination inhibition (HI) test, neutralizing antibody test (NT) และ ELISA test นอกจากนี้การศึกษาโรคอุบัติใหม่โดย competitive ELISA และการศึกษาทางระบาดวิทยา การตรวจหาแอนติบอดีต่อเชื้อไวรัสใช้สมองอักเสบเฉียบพลัน พบว่าหมู นก เป็ด ไก่ และม้า มีแอนติบอดีต่อเชื้อ ในตัวอย่างซีรัมทั้งในนก ม้า และมนุษย์ ส่วนการตรวจหาแอนติเจนของเชื้อเวสต์ไนล์ไวรัส สามารถตรวจหาได้หลากหลายวิธี ได้แก่ viral isolation เชื้อเวสต์ไนล์ไวรัส และ plaque assay เพื่อตรวจยืนยันการพบเชื้อ ส่วนวิธี indirect fluorescent antibody test (IFA) ซึ่งเป็นวิธีที่มีประโยชน์และเหมาะสมต่อการตรวจวินิจฉัยอย่างรวดเร็ว หรือ immunohistochemistry ที่ผลการตรวจขึ้นอยู่กับ การเลือกเนื้อเยื่อโดยเฉพาะ หัวใจ ไต ตับ และปอด ในปัจจุบันงานทางด้านอนุชีววิทยาได้นำมาใช้ในการตรวจวินิจฉัยอย่างกว้างขวางเพื่อตรวจหาเชื้อเวสต์ไนล์ไวรัส การเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรมบนพื้นฐานของวิธีการ PCR ได้แก่ reverse transcriptase polymerase chain reaction (RT-PCR) และ reverse transcriptase nested polymerase chain reaction (RT-nPCR) เพื่อตรวจเชื้อเวสต์ไนล์ไวรัส ในตัวอย่างเนื้อเยื่อหลายชนิดได้แก่ สมอง หัวใจ ตับ ไต ม้าม และเลือด (Rzharkhova, 1961; Burke *et al.*, 1986; George *et al.*, 1986; Oda *et al.*, 1996; Ting *et al.*, 2004; Pant, 2006; Saxena *et al.*, 2009; Khalakdina *et al.*, 2010; Litzba *et al.*, 2010; Yeh *et al.*, 2012)

ความสัมพันธ์ระหว่างของนก ปรสิตรโปรโตซัวในเลือด และเชื้อไวรัสไข้สมองอักเสบ

นกธรรมชาติมีความสำคัญต่อสาธารณสุขชุมชน (public health) เนื่องจากนกในธรรมชาติเหล่านั้นสามารถนำเชื้อที่ก่อให้เกิดพยาธิสภาพต่อมนุษย์หลากหลายชนิด รวมทั้งโรคติดเชื้ออุบัติใหม่ (emerging infectious diseases; EIDs) ซึ่งนกธรรมชาติเหล่านั้นยังเป็นแหล่งรังโรค (reservoirs) ของเชื้อก่อโรคหลากหลายชนิด ได้แก่ เชื้ออาร์บอไวรัส (arboviruses) เชื้อไวรัส Influenza ชนิด A เป็นต้น ดังนั้นนกธรรมชาติจึงมีความสัมพันธ์ทางระบาดวิทยาของโรคติดเชื้ออุบัติใหม่ การคาดคะเนการแพร่กระจายของโรคติดเชื้ออุบัติใหม่โดยนกธรรมชาตินั้นจำเป็นที่จะต้องทราบรูปแบบการอพยพ โดยนกธรรมชาติมีรูปแบบการอพยพที่สลับซับซ้อนและมีความแตกต่างกันในนกต่างชนิดกัน อาจแบ่งรูปแบบการอพยพได้ดังนี้ นกประจำถิ่นเป็นนกที่มีการแพร่กระจายห่างจากบริเวณที่เกิดเพียง 2-3 ไมล์ หากเกิดโรคติดเชื้อ (infectious diseases) ที่มีสาเหตุมาจากนกธรรมชาติ จึงถูกจำกัดการแพร่กระจายของเชื้อ นกอพยพในระยะไกลเป็นนกที่มีการอพยพเพียงไม่กี่ร้อยไมล์หรือระหว่าง แหล่งสืบพันธุ์และพื้นที่ในเขตหนาว ส่งผลให้ในบริเวณหนึ่งๆเป็นที่เฉพาะของนกชนิดหนึ่งๆ ทำให้ความหนาแน่นของประชากรนกมีความสำคัญทางระบาดวิทยาของโรคในนกบางชนิด นกอพยพระยะไกลเป็นการอพยพในระยะทางหลายพันไมล์ การอพยพในระยะทางที่ยาวไกลนี้ต้องแบ่งออกเป็นช่วงสั้นๆ ในแต่ละครั้งของการเดินทาง โดยมีการเดินทางในช่วงกลางวันเนื่องจากสภาพภูมิอากาศเย็นลง ส่วนตอนกลางวันเป็นช่วงที่มีการพักผ่อนและหาอาหารเพื่อใช้เป็นพลังงานสะสม ช่วงที่มีการหยุดพักนี้มีความสำคัญต่อโรคติดเชื้อ การอพยพเป็นระยะทางที่ยาวไกลสามารถนำพาเชื้อที่สามารถก่อโรคในคนโดยการอพยพของนกธรรมชาติ เนื่องจากการเพิ่มขึ้นของความหลากหลายทางชีวภาพ ทำให้นกธรรมชาติเหล่านั้นต้องหาแหล่งอาหารและแหล่งที่อยู่อาศัยเพิ่มมากขึ้น นำไปสู่การเพิ่มความเสี่ยงต่อการสัมผัสแหล่งรังโรคและพาหะนำโรคของเชื้อที่สามารถก่อโรคในคน ที่อยู่มากมายในบริเวณเขตอบอุ่น หรือการอพยพทำให้เกิดความเครียดทางกายภาพ ซึ่งเป็นปัจจัยที่ทำให้ภูมิคุ้มกันถูกกด (immunosuppression) และเพิ่มความไวต่อการเกิดโรคติดเชื้อ และนำไปสู่การติดเชื้อแบบแฝง (latent infections) ในนกเหล่านั้น นกที่มีรูปแบบการอพยพที่ไม่แน่นอนหรือนกท่องเที่ยว เนื่องมาจากบริเวณพื้นที่ใหม่มีอาหารที่อุดมสมบูรณ์อย่างผิดปกติ หรืออาจจะมีสาเหตุมาจากการขาดแคลนแหล่งอาหารตามปกติสามารถเป็นตัวกระตุ้นให้เกิดการอพยพในรูปแบบนี้ โดยส่วนมากแล้วเชื่อว่าการอพยพรูปแบบดังกล่าวเกิดร่วมกับปัจจัยทางนิเวศ จึงไม่

สามารถคาดการณ์รูปแบบการอพยพนี้ได้ (el-Zein *et al.*, 1973; Takahashi, 1976; Murty *et al.*, 2010; Kurane *et al.*, 2013)

แผนการวิจัย

สมมติฐาน

นกในธรรมชาติมีทั้งนกประจำถิ่นและนกอพยพมีโอกาสสัมผัสต่อโรคติดเชื้อระหว่างกลุ่มนกด้วยกันเอง โดยอาจเป็นโรคติดเชื้อที่มีการแพร่ระบาดภายในกลุ่มนกด้วยกันเอง หรืออาจมีการแพร่ระบาดของเชื้อที่มีความสามารถติดต่อสู่สัตว์ในกลุ่มอื่นรวมถึงมนุษย์ด้วย แต่หากนกมีสุขภาพที่แข็งแรง การแพร่กระจายเชื้อก่อโรคนั้นจะไม่สามารถติดเชื้อในนกได้ และเป็นผลให้โรคติดเชื้อที่อาจแพร่ไปสู่สัตว์อื่นเป็นไปได้ยากยิ่งขึ้น

ปรสิตเป็นปัจจัยหนึ่งที่สามารถส่งผลต่อสุขภาพของนก โดยนกที่มีเชื้อปรสิตเป็นการติดเชื้อปฐมภูมิจะมีระดับภูมิคุ้มกันที่ต่ำกว่าปกติ จนอาจเป็นเหตุให้เกิดการติดเชื้อทุติยภูมิต่อทั้งตัวนกเอง และอาจส่งผลกระทบต่อมนุษย์ และสัตว์ชนิดอื่นได้ ดังนั้นการศึกษาเชื้อปรสิตโปรโตซัวในเลือดนกธรรมชาติเป็นการติดเชื้อปฐมภูมิอาจมีความสัมพันธ์ต่อการติดเชื้อไวรัสไข้สมองอักเสบในนก ซึ่งเป็นการติดเชื้อทุติยภูมิที่อาจจะส่งผลกระทบต่อทั้งตัวนกที่ติดเชื้อเอง และการแพร่ระบาดมายังมนุษย์ และสัตว์อื่นต่อไป

อุปกรณ์และวิธีการ

1. การเก็บตัวอย่างเลือดนก

1.1 นกที่ทำการเก็บตัวอย่างเป็นนกที่อาศัยอยู่ในธรรมชาติที่จับโดยใช้มิส്ട์เน็ต (mist net) ในโครงการเกี่ยวกับการศึกษาวิจัยเรื่อง การใส่ห่วงขาเพื่อศึกษานกอพยพในกลุ่มนกเกาะคอน (Passerine) ในพื้นที่ชุ่มน้ำบึงบอระเพ็ดของสถานีวิจัยสัตว์ป่าบึงบอระเพ็ด โดยแบ่งเป็น 6 สถานี เพื่อให้ครอบคลุมพื้นที่บึงบอระเพ็ด ดังนี้

สถานีที่ 1 ชื่อ อนุสาวรีย์นกเจ้าฟ้าหญิงสิรินธร

สถานีที่ 2 ชื่อ โครงการศึกษาการพัฒนาการเพาะเลี้ยงประมงน้ำจืดเชิงพาณิชย์

สถานีที่ 3 ชื่อ เกาะวัด

สถานีที่ 4 ชื่อ หน่วยพิทักษ์ป่า (ชั่วคราว) แหลมตาเส็ง

สถานีที่ 5 ชื่อ ฝายทดน้ำ กรมประมง

สถานีที่ 6 ชื่อ หน่วยพิทักษ์ป่าเนินระฆัง

1.2 การจำแนกชนิดของนกตาม (โอภาส, 2542, 2543; จารุจินต์ และคณะ, 2550; Lekagul, 1974, 1991)

1.3 สุ่มเก็บตัวอย่างเลือดนกชนิดละ 10-30 ตัว

1.4 สะกิดหลอดเลือดที่บริเวณปีก (wing vein) ใช้หลอดฮีมาโตคริตดูดเลือดนกเพียง 1-2 หยดหรือประมาณ 50 -100 ไมโครลิตร ซึ่งการสูญเสียเลือดในปริมาณดังกล่าวไม่ก่อให้เกิดอันตรายต่อตัวนก (ในสัตว์ปีกสามารถเจาะเลือดได้ 60 มิลลิลิตรหรือ 60,000 ไมโครลิตรต่อน้ำหนักตัว 1 กิโลกรัม (Evans, 1994)

2. การเตรียมตัวอย่างเลือดเพื่อตรวจเชื้อปรสิตโปรโตซัวในเลือดและเชื้อไวรัสใช้สมองอักเสบ

2.1 การเตรียมตัวอย่างฟิล์มสไลด์ชนิดบางเพื่อตรวจเชื้อปรสิตโปรโตซัวในเลือด (อาคม, 2545)

2.1.1 หยดเลือดคนที่เจาะลงบนปลายด้านหนึ่งของกระจกสไลด์ที่จะใช้เกลี่ยเลือด (spreader)

2.1.2 แตะกระจกสไลด์ที่จะใช้เกลี่ยเลือด (spreader slide) แตะกับหยดเลือดบนกระจกสไลด์จับสไลด์ที่จะใช้ป้ายเลือดให้แน่นในตำแหน่งแนวนอน และทำมุมประมาณ 30 องศา หยดเลือดจะเคลื่อนที่ไปตามแนวสัมผัสระหว่างกระจกสไลด์ทั้งสอง

2.1.3 ลากกระจกสไลด์ที่ใช้เกลี่ยเลือดไปข้างหน้าเบาๆ โดยที่ยังคงสัมผัสกับหยดเลือดบนกระจกสไลด์ที่อยู่ในแนวนอน และลากไปให้ไกลที่สุดเท่าที่จะทำได้ในทิศทางเดียวกัน

2.1.4 ปลอ่ยให้กระจกสไลด์ที่มีเลือดป้ายอยู่ให้แห้งในอากาศ (air dried)

2.1.5 คงสภาพกระจกสไลด์ที่แห้งแล้วด้วยเมทานอลชนิดสัมบูรณ์ (absolute methanol) เป็นเวลา 10-15 วินาที แล้วปลอ่ยกระจกสไลด์ให้แห้งในอากาศ

2.1.6 นำกระจกสไลด์ที่แห้งไปตรวจหาเชื้อปรสิตโปรโตซัวในเลือด

2.2 การเตรียมตัวอย่างเลือดเพื่อตรวจเชื้อไวรัสใช้สมองอักเสบ

2.2.1 หยดเลือดจำนวน 1 หยด ลงบนกระดาษกรองชนิด 3MM Whatman® ที่ง้วนแห้ง จัดแยกเก็บตัวอย่างด้วยหลอดไมโครเซนตริฟิว (Microcentrifuge)

2.2.2 เก็บตัวอย่างที่อุณหภูมิห้อง จนกว่าจะทำการตรวจวินิจฉัย

3. การย้อมสีเชื้อปรสิตโปรโตซัวในเลือด

3.1 การเตรียมสีจิมซ่า (Giemsa) เพื่อตรวจหาเชื้อปรสิตโปรโตซัวในเลือด

3.1.1 เตรียมสารละลายบัฟเฟอร์ pH 7.2 ดังนี้

ก. เตรียมสารละลาย A โดยใช้ Na_2HPO_4 ที่มีความเข้มข้น 0.2 M (28.39 กรัมในน้ำกลั่น 1 ลิตร)

ข. เตรียมสารละลาย B โดยใช้ $\text{NaH}_2\text{PO}_4 \cdot \text{H}_2\text{O}$ ที่มีความเข้มข้น 0.2 M (27.6 กรัมในน้ำกลั่น 1 ลิตร)

ค. ผสมสารละลาย A และ B ตามอัตราส่วนโดยปริมาตร 36.0 และ 14.0 ส่วนตามลำดับ แล้วเติมน้ำกลั่นให้ครบ 100 ส่วน จะได้สารละลายบัฟเฟอร์ pH 7.2

3.1.2 เตรียมสารละลายจิมซ่า ดังนี้

ก. ละลายสีจิมซ่า 1 ส่วน ต่อสารละลายบัฟเฟอร์ 19 ส่วน

ข. ผสมให้เข้ากัน แล้วตั้งทิ้งไว้เป็นเวลา 10 นาที

ค. ควรกรองก่อนนำไปใช้ทุกครั้ง

3.2 การย้อมสีฟิล์มสไลด์เพื่อตรวจหาเชื้อปรสิตโปรโตซัวในเลือด

3.2.1 กองสภาพกระจกสไลด์ที่แห้งแล้วด้วยเมทานอลชนิดสมบูรณ์ (absolute methanol) เป็นเวลา 3-5 นาที แล้วล้างด้วยน้ำประปา

3.2.2 จุ่มกระจกสไลด์ลงในอ่างย้อม (staining jar) ที่มีสารละลายจิมซ่า บรรจุอยู่โดยให้ระดับของสีท่วมฟิล์มสไลด์ เป็นเวลา 45-60 นาที (สังเกตจากการติดสีของเซลล์) โดยมีการเขย่าเป็นครั้งคราว

3.2.3 ล้างสีที่มากเกินไปออกโดยการจุ่มฟิล์มสไลด์ลงในสารละลายบัฟเฟอร์ที่มีค่า pH 7.2 เป็นเวลา 1-2 นาที โดยมีการเขย่าเป็นครั้งคราว

3.2.4 ล้างสีที่ยังหลงเหลืออยู่บนฟิล์มสไลด์และกระจกสไลด์อีกครั้งด้วยน้ำประปาอย่างรวดเร็ว

3.2.5 ปล่อยให้ฟิล์มสไลด์ที่ย้อมแล้วแห้งในอากาศ และนำมาตรวจดูด้วยกล้องจุลทรรศน์

3.3 การตรวจวินิจฉัยเชื้อปรสิตโปรโตซัวในเลือดนก

ตรวจสอบด้วยกล้องจุลทรรศน์ที่กำลังขยาย 100, 200, 400 และ 1,000 เท่าเป็นเวลา 20-50 นาที โดยใช้วิธีการตาม (Godfrey *et al.*, 1987) ดังนี้

3.3.1 ตรวจหาปรสิตโปรโตซัวในเลือดด้วยกำลังขยายต่ำ หรือที่กำลังขยาย 400 เท่า

3.3.2 ตรวจหาปรสิตโปรโตซัวในเลือดด้วยกำลังขยาย 1,000 เท่า จำนวนไม่น้อยกว่า 100 พื้นที่ศึกษา (fields) หรือตรวจเซลล์เม็ดเลือดแดงประมาณ 10,000 เซลล์ (นับจำนวนเม็ดเลือดแดงแต่ละพื้นที่ศึกษาของกำลังขยายดังกล่าว นำมาใช้ในการคำนวณค่าเฉลี่ยจำนวนเม็ดเลือดแดงต่อพื้นที่ศึกษา)

3.3.3 ตรวจลักษณะรูปร่างของเชื้อปรสิตโปรโตซัวในเลือดที่กำลังขยาย 1,000 เท่า

3.4 การจำแนกชนิดเชื้อปรสิตโปรโตซัวในเลือด

การจำแนกปรสิตอาศัยการตรวจวัดทางชีวภาพ (biometric measurement) ปรสิตแบ่งออกเป็น 2 กลุ่ม คือกลุ่มแรกเป็นปรสิตที่อาศัยนอกเซลล์เม็ดเลือดแดง สามารถจำแนกออกเป็นปรสิตสกุล *Trypanosoma* ซึ่งสามารถใช้ลักษณะทางกายภาพ โดยอาศัยการตรวจวัดทางชีวภาพได้ และปรสิตในกลุ่ม microfilarial worm เป็นปรสิตในกลุ่มหนอนตัวกลม (nematode) สามารถพบได้ทั่วไปในนก แต่การจำแนกชนิดจำเป็นต้องอาศัยปรสิตในระยะตัวเต็มวัยเท่านั้น การจำแนกในระดับชนิดจึงไม่สามารถทำได้

ส่วนอีกกลุ่มเป็นปรสิตที่อาศัยอยู่ภายในเม็ดเลือดแดง สามารถจำแนกออกเป็นปรสิตสกุล *Haemoproteus* และปรสิตในสกุล *Plasmodium* ปรสิตทั้งสองสกุลนี้มีลักษณะที่แตกต่างกัน โดยอาศัยขั้นตอนการสืบพันธุ์แบบไม่อาศัยเพศ (asexual reproduction) ที่สามารถพบในตัวให้อาศัยกึ่งกลาง (intermediate host) สำหรับปรสิตกลุ่มนี้คือ ตัวให้อาศัยที่มีกระดูกสันหลัง (vertebrate host)

โดยการสืบพันธุ์แบบไม่อาศัยเพศนี้ เป็นการสร้าง merozoite โดยกระบวนการ schizogony และ ปรสิโตโปรโตซัวในสกุล *Haemoproteus* เกิดกระบวนการ schizogony ที่อวัยวะภายในและผนังเม็ดเลือดแดงเท่านั้น แต่ปรสิตสกุล *Plasmodium* สามารถเกิดกระบวนการนี้ทั้งอวัยวะภายในและภายใน เซลล์เม็ดเลือดแดงของตัวให้อาศัย จึงใช้เป็นเกณฑ์ในการจำแนกปรสิตทั้ง 2 สกุลนี้ แต่การจำแนก ปรสิตในระดับชนิดของปรสิตทั้งสองชนิดนี้มีรายละเอียดที่แตกต่างกัน สามารถแบ่งการจำแนก ออกตามสกุลของปรสิตดังนี้

ปรสิตสกุล *Haemoproteus* เป็นปรสิตที่สามารถพบได้ทั่วไป การจำแนกชนิดสามารถใช้ตัวให้อาศัยประกอบการจำแนกชนิดได้ แม้ปรสิตสามารถเกิดการติดเชื้อข้าม (cross transmission) ระหว่างสกุลได้ยาก แต่สามารถเกิดขึ้นได้กับตัวให้อาศัยที่มีสายวิวัฒนาการใกล้เคียงกัน โดยทั่วไป ปรสิตมีความจำเพาะในระดับวงศ์ (family) ของตัวให้อาศัย Valkiunas (2005) ประกอบกับการใช้ ลักษณะทางกายภาพจากการตรวจวัดทางชีวภาพอาศัยหลักเกณฑ์ตามการศึกษาของ Bennett and Campbell (1972) โดยวัดความกว้าง ความยาว และพื้นที่ ทั้งเซลล์และนิวเคลียสของเม็ดเลือดแดง ปกติ เม็ดเลือดแดงที่ติดเชื้อ และปรสิตที่อาศัยอยู่ในเม็ดเลือดแดง เพื่อหาค่าที่เกี่ยวข้องกับ ผลกระทบของเซลล์ตัวให้อาศัยที่เกิดจากการติดเชื้อปรสิต ทั้งค่าอัตราส่วนการกระจัดของนิวเคลียส ในเซลล์ผู้อาศัย (nucleus displacement ratio; NDR) ร้อยละของการบวมของเซลล์ (hypertrophied) ร้อยละของพื้นที่รุกรานเซลล์ตัวให้อาศัยของเซลล์ปรสิต และร้อยละของพื้นที่นิวเคลียสของปรสิต ภายในเซลล์ปรสิต เมื่อนำค่าที่ได้จากการคำนวณประกอบกับลักษณะทางกายภาพทั้งรูปร่างลักษณะ จำนวนและรูปร่างของเม็ดสี เส้นขอบของเซลล์ปรสิตมาใช้ในการประกอบการพิจารณาในระดับ ชนิดของปรสิต Bennett and Peirce (1988) ซึ่งรูปร่างลักษณะของปรสิตแบ่งออกเป็น 5 ลักษณะดังนี้ ปรสิต *Haemoproteus* ที่ขนาดเล็กมีพื้นที่น้อยกว่าร้อยละ 50 ของพื้นที่ไซโตพลาซึมของเซลล์เม็ด เลือดแดง (microhalteridial haemoproteid) ปรสิตมีพื้นที่มากกว่าร้อยละ 60 ถึง 100 ของพื้นที่ไซ โตพลาซึมของเซลล์เม็ดเลือดแดง (halteridial haemoproteid) ปรสิตที่มีรูปร่างเป็นแท่งขนานกับ นิวเคลียสของเซลล์เม็ดเลือดแดง (Rhobdosomal haemoproteid) ปรสิตที่ล้อมรอบนิวเคลียสของ เซลล์เม็ดเลือดแดง (circumnuclear haemoproteid) และปรสิตที่มีรูปร่างกลม และเบียดนิวเคลียส ของเซลล์เม็ดเลือดแดงจนทำให้ลักษณะเปลี่ยนไป (discosomal haemoproteid) โดยสัญลักษณ์ของ ค่าที่ใช้ในการศึกษามีดังนี้

RBC length	คือ ความยาวของเม็ดเลือดแดง
RBC width	คือ ความกว้างของเม็ดเลือดแดง
Area of RBC	คือ พื้นที่ของเม็ดเลือดแดง
Area of HPC	คือ พื้นที่ที่ทับซ้อนระหว่างปรสิตและเซลล์ตัวให้อาศัย
RBC nucleus length	คือ ความยาวของนิวเคลียสเซลล์เม็ดเลือดแดง
RBC nucleus width	คือ ความกว้างของนิวเคลียสเซลล์เม็ดเลือดแดง
Area of RBC nucleus	คือ พื้นที่ของนิวเคลียสเซลล์เม็ดเลือดแดง
Parasite length	คือ ความยาวของเซลล์ปรสิต
Parasite width	คือ ความกว้างของเซลล์ปรสิต
Area of Parasite	คือ พื้นที่ของเซลล์ปรสิต
Parasite nucleus length	คือ ความยาวของนิวเคลียสในเซลล์ปรสิต
Parasite nucleus width	คือ ความกว้างของนิวเคลียสในเซลล์ปรสิต
Area of nucleus Parasite	คือ พื้นที่ของนิวเคลียสในเซลล์ปรสิต
NDR	คือ ค่าสัดส่วนการกระจัด (displacement) ของนิวเคลียสเซลล์ตัวให้อาศัย

$$NDR = \frac{2x}{x+y}$$

เมื่อ

X คือ ระยะห่างระหว่างเชื้อหุ้มนิวเคลียสและเชื้อหุ้มเซลล์ด้านที่ไม่มีปรสิต

Y คือ ระยะห่างระหว่างเชื้อหุ้มนิวเคลียสและเชื้อหุ้มเซลล์ด้านที่มีปรสิต

% Hypertrophied	คือ ร้อยละของพื้นที่การบวมของเซลล์ตัวให้อาศัย
% P*HPC ⁻¹	คือ ร้อยละของพื้นที่เซลล์ปรสิตของเซลล์ตัวให้อาศัยที่ติดเชื้อ

การจำแนกชนิดของปรสิต *Plasmodium* ออกจาก *Haemoproteus* จากการพบปรสิตในระยะต่างๆ เริ่มการติดเชื้อในระยะ trophozoites สามารถสังเกตเห็นเวกิวโอล และสามารถเห็นเซลล์ปรสิตมีรูปร่างคล้ายวงแหวน (ring stage) ในช่วงที่เวกิวโอลมีขนาดใหญ่จนแทนพื้นที่ของไซโตพลาซึมและนิวเคลียสจนมีรูปร่างคล้ายวงแหวนแต่รูปร่างของเซลล์ปรสิตแตกต่างกัน ส่วนระยะ schizonts เป็นระยะที่พบการแบ่งนิวเคลียส *Plasmodium* แต่ละชนิดมีการแบ่งนิวเคลียสจำนวนที่

แตกต่างกัน เมื่อการแบ่งเซลล์สิ้นสุดลงจะได้ merozoite ที่มีจำนวน และรูปร่างลักษณะแตกต่าง และระยะ gametocytes คล้ายปรสิตในสกุล *Haemoproteus* โดยพิจารณาค่าตัวแปรต่างๆ ของทั้ง macrogametocyte และ microgametocyte เปรียบเทียบค่าตัวแปรระหว่าง macrogametocyte microgametocyte และเม็ดเลือดแดงปกติ รวมทั้งรูปร่างของปรสิตในระยะตัวเต็มวัย นอกจากนี้ผล ต่อของการติดเชื้อปรสิตต่อลักษณะทางกายภาพของเซลล์ตัวให้อาศัย สามารถนำมาใช้ประกอบการ บรรยายลักษณะของปรสิตแต่ละชนิด

3.5 การหาค่าความหนาแน่นของการติดเชื้อปรสิต (intensity of infection)

การศึกษาความหนาแน่นของการติดเชื้อปรสิตใน 10,000 เซลล์เม็ดเลือดแดง สามารถ หาค่าการติดเชื้อได้จากการสังเกต (observation) การติดเชื้อปรสิตตามข้อตกลงดังนี้

สังเกตการติดเชื้อที่กำลังขยาย 1,000 เท่า หรือ ศึกษาภายใต้เลนส์ใกล้วัตถุ (objective lens) โดยการนับจำนวนเม็ดเลือดแดง 10,000 เซลล์เม็ดเลือดแดง (red blood cell; RBC) หรือ ประมาณ 100 พื้นที่ศึกษา (field) หรือหากการติดเชื้อมีความหนาแน่นสูงสังเกตจากการติดเชื้อ ปรสิตจำนวน 100 เซลล์ สามารถหาค่าความหนาแน่นของการติดเชื้อใน 10,000 เซลล์เม็ดเลือดแดง (Iii *et al.*, 1986) โดยที่

$$\text{Intensity of infection within 10,000 RBCs} = P_o \frac{10,000}{C_e}$$

ในขณะที่ C_e คือ จำนวนเซลล์แต่ละสไลด์ (เซลล์) สามารถคำนวณได้จาก

$$C_e = (B_f)(F_m)(M_r)$$

เมื่อ B_f คือ จำนวนเม็ดเลือดแดงที่พบในแต่ละพื้นที่ศึกษา (เซลล์)

F_m คือ จำนวนพื้นที่ศึกษาในหนึ่งนาทีก (field)

M_r คือ เวลาที่ใช้ในการศึกษาแต่ละฟิล์มสไลด์ (นาทีก)

3.6 ระดับการติดเชื้อ (infection rate) เป็นการประเมินจำนวนปรสิตโปรโตซัวในเลือดคนก โดยใช้ Ashford scale (Murata *et al.*, 2007) โดยระดับการติดเชื้อแบ่งออกตามเกณฑ์ดังนี้

ระดับที่ 0 คือ ไม่พบการติดเชื้อที่กำลังขยาย 1,000 เท่า

ระดับที่ 1 คือ พบการติดเชื้อที่กำลังขยาย 400 เท่า พบน้อยกว่า 1 เซลล์ จากการสังเกต จำนวน 100 พื้นที่ศึกษา

ระดับที่ 2 คือ พบการติดเชื้อที่กำลังขยาย 400 เท่า พบการติดเชื้อ 1-10 เซลล์

ระดับที่ 3 คือ พบการติดเชื้อที่กำลังขยาย 400 เท่า พบการติดเชื้อ 11-100 เซลล์

ระดับที่ 4 คือ พบการติดเชื้อที่กำลังขยาย 400 เท่า พบการติดเชื้อมากกว่า 100 เซลล์

4. การตรวจหาเชื้อไวรัสไข้สมองอักเสบ

4.1 การตรวจการติดเชื้อไวรัสไข้สมองอักเสบ

ตรวจสอบได้จากการตรวจหาการติดเชื้อโดยตรง สามารถตรวจได้ทั้งการแยกเชื้อจาก สิ่งส่งตรวจ (culture isolation) หรือการตรวจหาชิ้นส่วนของเชื้อทั้งสารพันธุกรรม (RNA) หรือการ ตรวจหาแอนติเจนของเชื้อไวรัสไข้สมองอักเสบ หรือการตรวจสอบการติดเชื้อจากการเกิดพยาธิ สภาพในตัวให้อาศัย หรือเป็นการตรวจการติดเชื้อโดยทางอ้อม สามารถตรวจหาการติดเชื้อจาก ระดับภูมิคุ้มกันที่เกิดขึ้นหลังจากการติดเชื้อก่อโรคต่างๆ

4.2 การตรวจการติดเชื้อไวรัสไข้สมองอักเสบโดยทางตรง

การตรวจหาเชื้อไวรัสไข้สมองอักเสบทั้งชนิดแจแปนนิชและเวสต์ไนล์ซึ่งเป็น RNA virus ในการศึกษาครั้งนี้ทำการตรวจการติดเชื้อโดยอาศัยเทคนิค reverse transcriptase-polymerase chain reaction (RT-PCR) มีขั้นตอนดังนี้

4.2.1 การสกัดสารพันธุกรรม

4.2.2 การเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรม

เริ่มจากการเปลี่ยนสารพันธุกรรมตัวอย่าง (RNA) ให้เป็นสารพันธุกรรม DNA โดยเอนไซม์ reverse transcriptase ซึ่งใช้ primer

JE/WN-RT (5' TCC CAG GTG TCA ATA TGC TG)

การเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรมของเชื้อไวรัสใช้สมองอักษณชนิดแแปนนิช และเวสต์ไนล์ใช้ primers

JE/WN-OR (5' CGG GGT CTC CTC TAA CCT CTA GTA C) และ

JE/WN-OF (5' GRA ARM GDG ARG ACA TYT GGT GTG G)

ถ้าตัวอย่างให้ผลบวก นำตัวอย่างมาตรวจหาชนิดของเชื้อไวรัสใช้สมองอักษณอีกครั้งจากการเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรมของเชื้อนี้

เชื้อไวรัสใช้สมองอักษณชนิดแแปนนิช ใช้ primers ดังนี้

JE-80F (5' AGA ACG GAA GAY AAC CAT GAC TAA A) และ

JE-154R (5' CCG CGT TTC AGC ATA TTG AT)

เชื้อไวรัสใช้สมองอักษณชนิดเวสต์ไนล์ใช้ primers ดังนี้

WNV-83F (5' GCA CGA AGA TCT CGA TGT CTA AG) และ

WNV-158R (5' ATT CCG CGT TTT AGC ATA TTG AC)

4.2.3 ตรวจสอบผลิตภัณฑ์สารพันธุกรรมโดยอิเล็กโตรโฟรีสิส (electrophoresis)

4.3 การตรวจการติดเชื้อไวรัสใช้สมองอักษณโดยทางอ้อม

การตรวจหาการติดเชื้อวิธีมาตรฐานที่ใช้ยืนยันการติดเชื้อไวรัสใช้สมองอักษณชนิดแแปนนิช ใช้วิธีการตรวจหาระดับภูมิคุ้มกัน จากการตอบสนองการติดเชื้อของตัวให้อาศัยโดยวิธี Hemagglutination Inhibition (HI) test (OIE, 2010) โดยมีขั้นตอนดังนี้

4.3.1 ละลายสารภูมิคุ้มกันด้วยตัวทำลายที่สามารถกำจัด non-specific inhibitor และกำจัด non-specific agglutinator ด้วยเม็ดเลือดแดงห่าน (goose red blood cell; GRBCs)

4.3.2 ทดสอบ Hemagglutination Inhibition ดังนี้

นำตัวอย่างสารละลายภูมิคุ้มกันผสมกับแอนติเจนที่มีความเข้มข้น 4 เท่าของแอนติเจนน้อยที่สุดที่ทำให้เกิด hemagglutination ได้ (1 Hemagglutination Unit; HAU)

นำสารละลายที่ได้ไปทดสอบ hemagglutination อ่านผลหลังการเกิดปฏิกิริยาอย่างสมบูรณ์ โดยที่ตัวอย่างที่ยังคงเกิด hemagglutination ได้ คือ ตัวอย่างที่ไม่มีภูมิคุ้มกันต่อแอนติเจน หรือเชื้อไวรัสใช้สมองอักเสบที่นำมาทดสอบนั้น แสดงว่าตัวอย่างนั้นไม่เคยได้รับเชื่อนั้นมาก่อน ดังนั้นตัวอย่างที่สามารถยับยั้งการเกิด hemagglutination ได้ แสดงว่าเคยมีการติดเชื้อไวรัสใช้สมองอักเสบมาก่อน

5. การวิเคราะห์ข้อมูล

5.1 การจำแนกชนิดปรสิตโปรโตซัวในเลือด

ปรสิตสกุล *Haemoproteus* สามารถใช้รูปร่างของปรสิต เส้นขอบ และพยาธิสภาพต่อเซลล์ตัวให้อาศัย ประกอบกับค่าการตรวจวัดของปรสิตในระยะ gametocyte และค่าสัดส่วนของเม็ดเลือดแดง ค่าการตรวจวัดของปรสิตทั้ง microgametocyte และ macrogametocyte และลักษณะทางพยาธิสภาพที่เปลี่ยนแปลงไปเป็นค่าที่จำเพาะต่อปรสิตเป็นลักษณะที่จำเพาะ สามารถบอกค่าความแตกต่างได้จากการเปรียบเทียบเป็นคู่ โดยใช้ค่าทางสถิติ t-test

ปรสิตสกุล *Plasmodium* การตรวจวัดและการเปรียบเทียบเช่นเดียวกับในปรสิตสกุล *Haemoproteus* แต่ลักษณะทางกายภาพต้องบรรยายลักษณะทั้ง trophozoites, schizonts ทั้งรูปร่างลักษณะและจำนวน schizonts ซึ่งเป็นลักษณะสำคัญในการจำแนกชนิดของปรสิตสกุลนี้

ปรสิต *Trypanosoma* การตรวจวัดค่าทางชีวภาพต่างๆ ของปรสิต รวมทั้งค่าดัชนีต่างมีความสำคัญต่อการจำแนก และการบรรยายลักษณะของปรสิต การเปรียบเทียบระหว่างปรสิตที่มีการติดเชื้อในตัวให้อาศัยต่างชนิด โดยการเปรียบเทียบค่าเฉลี่ยของปรสิตแต่ละตัวให้อาศัย โดยใช้ค่าสถิติ general linear mean (GLM) เป็นค่าที่บอกนัยสำคัญทางสถิติ

5.2. ผลการศึกษาการติดเชื้อปรสิตโปรโตซัวในเลือดนกตัวให้อาศัยในเขตพื้นที่บึงบอระเพ็ด

เปรียบเทียบค่าความชุกของการติดเชื้อของปรสิตแต่ละชนิด หรือเปรียบเทียบระหว่างสกุลของปรสิต โดยใช้ค่าสถิติ chi-square เช่นเดียวกับการเปรียบเทียบความหนาแน่นของการติดเชื้อในปรสิตแต่ละชนิด และระดับการติดเชื้อแต่ละระดับ

5.3 การศึกษาความหลากหลาย (diversity) ของปรสิตโปรโตซัวในเลือดของนกตัวให้อาศัยในเขตพื้นที่บึงบอระเพ็ด

ใช้ค่าความหลากหลายทางชีวภาพ (H') ของ Shannon-Wiener ดังสมการที่ 1 ค่า species evenness (J') ดังสมการที่ 2 และค่า niche breadth (B) (Miller, 1980) ดังสมการที่ 3

$$H' = \sum_{i=1}^s p_i \ln p_i \quad \text{สมการที่ 1}$$

$$J' = H' / \ln s \quad \text{สมการที่ 2}$$

$$B = 1 / (n \sum_{i=1}^n p_i^2) \quad \text{สมการที่ 3}$$

เมื่อ p_i คือ ค่าสัดส่วนของจำนวนชนิดหนึ่งที่ติดเชื้อปรสิตโปรโตซัวแต่ละสกุล
จากจำนวนทั้งหมดในชนิดเดียวกัน
 n คือ จำนวนที่ติดเชื้อปรสิต

เปรียบเทียบความแตกต่างของค่าดัชนีทั้ง 3 ชนิด ระหว่างการติดเชื้อปรสิตแต่ละสกุล โดยใช้ค่าทางสถิติ คือ chi-square

5.4 การศึกษาการติดเชื้อไวรัสไข้สมองอักเสบจากนกตัวให้อาศัยในเขตพื้นที่บึงบอระเพ็ด

ค่าร้อยละของการติดเชื้อไวรัสไข้สมองอักเสบต่อจำนวนนกที่นำมาศึกษาทั้งหมด คือ ค่าความชุกของการติดเชื้อ (prevalence of infection) ค่าร้อยละของการติดเชื้อไวรัสไข้สมองอักเสบต่อจำนวนนกแต่ละกลุ่ม (Margolis *et al.*, 1982) ดังนี้

$$\begin{aligned} & \text{ค่าความชุกของการติดเชื้อ} \\ &= \frac{\text{จำนวนตัวให้อาศัยที่ติดเชื้อด้วยปรสิตชนิดใดชนิดหนึ่ง}}{\text{จำนวนตัวให้อาศัยที่ทำการตรวจวินิจฉัย}} \times 100 \end{aligned}$$

5.5 การศึกษาความสัมพันธ์ของการติดเชื้อปรสิตโปรโตซัวในเลือดของนกตัวให้อาศัยและการติดเชื้อไวรัสไข้สมองอักเสบในเขตพื้นที่บึงบอระเพ็ด

เปรียบเทียบสัดส่วนของการติดเชื้อไวรัสไข้สมองอักเสบระหว่างนกตัวให้อาศัยที่ติดเชื้อปรสิตและไม่ติดเชื้อปรสิต โดยใช้ค่าทางสถิติ คือ chi-square

5.6 การศึกษาความสัมพันธ์ระหว่างการติดเชื้อปรสิตโปรโตซัวในเลือดและการติดเชื้อปรสิตภายนอก และความสัมพันธ์ระหว่างการติดเชื้อปรสิตโปรโตซัวในเลือดและสถานภาพการอพยพของนกตัวให้อาศัยในเขตพื้นที่บึงบอระเพ็ด

เปรียบเทียบสัดส่วนของการติดเชื้อปรสิตภายนอกในกลุ่มไร และเหา (mite และ lice) ที่พบการติดเชื้อที่แผงขน (feather) ระหว่างนกตัวให้อาศัยที่ติดเชื้อปรสิตโปรโตซัวและไม่ติดเชื้อปรสิตโปรโตซัว โดยใช้ค่าทางสถิติ คือ chi-square

เปรียบเทียบสัดส่วนของการติดเชื้อปรสิตโปรโตซัว ระหว่างนกอพยพและนกประจำถิ่น โดยใช้ค่าทางสถิติ คือ chi-square

ผลและวิจารณ์

ผล

1. ชนิดปรสิตโปรโตซัวในเลือด

การจำแนกชนิดของปรสิตโปรโตซัวในเลือดคนตัวอย่างครั้งนี้ เป็นการบรรยายลักษณะทางกายภาพเชิงเปรียบเทียบ โดยใช้ลักษณะของปรสิตระยะต่างๆ จากการสังเกตการติดเชื้อภายในเม็ดเลือดแดงของนกตัวให้อาศัย ประกอบกับการบรรยายลักษณะและการตรวจวัดลักษณะทางชีวภาพประกอบ รวมทั้งผลกระทบต่อเซลล์เม็ดเลือดแดงของตัวให้อาศัย โดยแบ่งตามชนิดของปรสิต และนกตัวให้อาศัย ดังนี้

ปรสิตโปรโตซัวสกุล *Haemoproteus* พบ 8 ชนิด จากนกตัวให้อาศัย 9 ชนิด ได้แก่ *H. herodiadis* พบในนกยางไฟหัวดำ (*Ixobrychus sinensis*) *H. fallisi* พบในนกอีแรดแถบออกดำ (*Rhipidura javanica*) *H. dicruri* พบในนกแซงแซว (*Dicrurus macrocercus*) *H. otocompsae* พบในนกปรอดหน้าขาว (*Pycnonotus blanfordi*) *H. sanguinis* พบในนกปรอดสวน (*P. goiavier*) *H. payevski* พบในนกฟงใหญ่พันธุ์ญี่ปุ่น (*Acrocephalus orientalis*) และนกฟงกึ่งดำ (*A. bistrigiceps*) *H. paseris* พบในนกกระจาบบรรณดา (*Ploceus philippinus*) และ *H. orizivora* พบในนกกระตีดี่หมู (*Lonchura punctulata*)

ปรสิตโปรโตซัวสกุล *Plasmodium* พบ 4 ชนิด ได้แก่ *P. elongatum* พบในนกยางไฟหัวดำ *P. lophurae* พบในนกเอี้ยงดำ (*Sturnus contra*) *P. vaughani* พบในนกฟงปากหนา (*Acrocephalus aedon*) และ *P. circumflexum* พบในนกกระตีดี่หมู

ปรสิตโปรโตซัวสกุล *Trypanosoma* พบเพียงชนิดเดียวคือ *T. avium* จากนกตัวให้อาศัย 3 ชนิด คือ นกเอี้ยงดำ นกกระตีดี่อิฐ (*Lonchura malacca*) และนกกระจาบบรรณดา (*Ploceus manyar*)

1.1 *Haemoproteus herodiadis* Mello, 1935

ชื่อพ้อง (synonym) :

H. herodiadis var. *mathislegeri* Mohammed, 1938

H. mathislegeri Levine and Campbell, 1971

H. herodiadis: Valkiunas, 1997 (= *H. herodiadis*)

ชนิดตัวให้อาศัยต้นแบบ (type host):

Egretta intermedia (Wagler)

ตัวให้อาศัยมีกระดูกสันหลังที่ทำการศึกษา (investigational vertebrate host):

นกยางไฟหัวดำ หรือ yellow bitten (*Ixobrychus sinensis* (Gmelin, 1789))

แหล่งที่พบปรสิตต้นแบบ (type locality):

Carambolim Lake, Department of Ihas Goa, ประเทศอินเดีย

ระยะ immature gametocyte; พบที่บริเวณปลายทางเซลล์ด้านใดด้านหนึ่งในเซลล์เม็ดเลือดแดง สังเกตเห็นเซลล์ปรสิตได้อย่างชัดเจน พบการยืดยาวออกของเซลล์ปรสิต ไปทางใดทางหนึ่งในไซโตพลาซึมตามแนวความกว้างของเซลล์เม็ดเลือดแดง จากนั้นปรสิตเติบโตเพิ่มขนาดทั้งด้านกว้างและด้านยาว ไซโตพลาซึมติดสีน้ำเงินเข้มบริเวณขอบเซลล์ปรสิตเรียบ ไม่พบการยื่นยาวออกของไซโตพลาซึม รูปร่างของ immature gametocyte คล้ายไข่ (ovoid shape) ภายใน immature macrogametocyte สามารถสังเกตเห็นนิวเคลียสปรสิตได้อย่างชัดเจน ลักษณะกลมมน ติดสีชมพูเข้มอยู่ทางด้านใดด้านหนึ่งของเซลล์ปรสิต ส่วน immature microgametocyte พบนิวเคลียสขนาดเล็ก อยู่ชิดกับขอบเยื่อหุ้มเซลล์ปรสิตด้านตรงข้ามกับนิวเคลียสของเซลล์เม็ดเลือดแดง ใน immature gametocyte พบแวคิวโอลลักษณะกลมใหญ่ อยู่ปลายด้านใดด้านหนึ่งของเซลล์ปรสิต (ภาพที่ 1)

Macrogametocyte; รูปร่างลักษณะของปรสิตจัดเป็นแบบ microhalteridial haemoproteid (ภาพที่ 2) เซลล์ปรสิตแนบชิดกับนิวเคลียสของตัวให้อาศัย ส่วนอีกด้านของเยื่อหุ้มเซลล์ปรสิต อยู่ห่างจากเยื่อหุ้มเซลล์ตัวให้อาศัย ขอบเขตของเซลล์ปรสิตชัดเจน (entire) ทำให้ผิวเซลล์ปรสิตมนรี พบเม็ดสีติดสีน้ำเงินเข้ม (volutin granule) รูปร่างกลมผิวเรียบ กระจายโดยรอบ

นิวเคลียสและภายในไซโทพลาซึม ในบางเซลล์ปรกติอาจอยู่รวมกันเป็นกลุ่มๆ ตามขั้วเซลล์ทั้งสองข้าง ตามแนวเยื่อหุ้มเซลล์ปรกติด้านตรงข้ามกับนิวเคลียสของเม็ดเลือดแดงเม็ดสีมีจำนวนอยู่ระหว่าง 5 ถึง 7 เม็ด นิวเคลียสของปรกติอยู่กลางเซลล์ มีพื้นที่ประมาณร้อยละ 41.50 ของพื้นที่เซลล์ปรกติ (พื้นที่นิวเคลียสปรกติมีค่าเฉลี่ย 14.95 ± 2.75 ตารางไมโครเมตร ส่วนพื้นที่ของปรกติมีค่าเฉลี่ย 33.01 ± 0.40 ตารางไมโครเมตร) เม็ดเลือดแดงของตัวให้อาศัยที่มีการติดเชื้อปรตชนิด macrogametocyte นี้ ทำให้นิวเคลียสของเม็ดเลือดแดงเคลื่อนออกจากตำแหน่งปกติเพียงเล็กน้อยเท่านั้น โดยค่าสัดส่วนการกระจายของนิวเคลียสมีค่าเฉลี่ยประมาณ 0.61 ± 0.09 เท่านั้น (ตารางที่ 1) แต่ปรกติไม่มีความยาวของเม็ดเลือดแดงที่ติดเชื้อ แม้ค่าเฉลี่ยของความกว้างและพื้นที่ของนิวเคลียสของเม็ดเลือดแดงจะมีค่าลดลงอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ คิดเป็นร้อยละ 8.78 ของการฝ่อ (atrophied) จากเซลล์เม็ดเลือดแดงปกติที่มีค่าเฉลี่ยของความกว้างและพื้นที่ของนิวเคลียสของเซลล์ตัวให้อาศัยเป็น 2.92 ± 0.20 ไมโครเมตรและ 15.11 ± 1.05 ตารางไมโครเมตร ลดลงเหลือเพียง 2.68 ± 0.17 ไมโครเมตร และ 13.89 ± 1.27 ตารางไมโครเมตร ตามลำดับ ส่วนผลของการติดเชื้อปรตชนิดนี้ ส่งผลต่อเซลล์เม็ดเลือดแดงทั้งความกว้าง และความยาวของเม็ดเลือดแดง แต่ไม่มีผลต่อพื้นที่ของเซลล์เม็ดเลือดแดงอย่างมีนัยสำคัญ แม้จะทำให้เกิดการบวมขึ้นคิดเป็นร้อยละ 6.85 โดยที่ค่าเฉลี่ยของความยาวลดลงเหลือเพียง 12.08 ± 0.90 ไมโครเมตร จากค่าเฉลี่ยความยาวของเม็ดเลือดแดงปกติ 13.10 ± 0.59 ไมโครเมตร แต่มีค่าเฉลี่ยของความกว้างของเม็ดเลือดแดงเพิ่มมากขึ้นเป็น 8.55 ± 0.61 ไมโครเมตร จากค่าเฉลี่ยปกติ 7.39 ± 0.43 ไมโครเมตร ปรกติมีพื้นที่ในเซลล์ที่ติดเชื้อคิดเป็นร้อยละ 45.01

Microgametocyte; เม็ดเลือดแดงที่มีการติดเชื้อปรตชนิดนี้ ผลต่อรูปร่างของเม็ดเลือดแดงคล้ายคลึงกับ macrogametocyte คือปรตส่งผลในแนวความกว้างของปรตอย่างชัดเจน แต่ทั้งความยาวและพื้นที่ของเม็ดเลือดแดงอาจทำให้มีค่าเฉลี่ยเพิ่มมากขึ้นเพียงเล็กน้อยไม่มีความแตกต่างในทางสถิติใน macrogametocyte แต่ใน microgametocyte มีความแตกต่างอย่างมีนัยสำคัญ ส่วนผลของการติดเชื้อต่อนิวเคลียสของเม็ดเลือดแดงทั้ง macrogametocyte และ microgametocyte ให้ผลไม่แตกต่างกัน แม้ว่า microgametocyte จะไม่ส่งผลต่อรูปร่างของนิวเคลียสของเม็ดเลือดแดง ส่วนใน macrogametocyte ส่งผลต่อทั้งความกว้างและพื้นที่ของนิวเคลียสเม็ดเลือดแดงด้วย นอกจากนี้รูปร่างลักษณะของปรตยังมีลักษณะเป็นแบบ microhalteridial haemoproteid และเม็ดสี volutin กลมกระจายทั่วไซโทพลาซึมคล้ายคลึงกัน แต่ขนาดเซลล์ปรตต่างกันจากค่าเฉลี่ยพื้นที่ของปรต

อย่างมีนัยสำคัญ เมื่อค่าเฉลี่ยของ microgametocyte เป็น 28.74 ± 3.43 ไมโครเมตร ส่วนใน macrogametocyte มีค่าเฉลี่ยเป็น 33.01 ± 3.27 ไมโครเมตร และเม็ดสีมีขนาดเล็กกว่าและติดสีจิมซ่า มีสีน้ำเงินเข้ม และเป็นที่น่าสังเกตว่ารูปร่างของนิวเคลียสปรสิตที่มีความแตกต่างทั้งขนาดและรูปร่าง microgametocyte มีรูปร่างกลม ส่วนใน macrogametocyte มีรูปร่างคล้ายตัวเซลล์ปรสิต แต่ค่าเฉลี่ยความกว้างของปรสิตทั้งสองชนิดไม่มีความแตกต่างกัน แม้ว่าความยาวและพื้นที่ของนิวเคลียสจะแตกต่างอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง ส่วนค่าสัดส่วนการกระจายของ gamete ต่อนิวเคลียสของเม็ดเลือดแดงจากการวิเคราะห์ทางสถิติพบว่าค่าไม่แตกต่างกัน และทั้ง macrogametocyte และ microgametocyte ไม่สามารถสังเกตเห็นแวคิวโอล

ตารางที่ 1 เปรียบเทียบ morphometric parameter ของเซลล์เม็ดเลือดแดงปกติและเม็ดเลือดแดงที่มีการติดเชื้อและ morphometric parameter ของ *Haemoproteus herodiadis* ในนกยางไฟหัวดำ (*Ixobrychus sinensis*) โดยการวัดเม็ดเลือดแดงปกติ เม็ดเลือดแดงที่มีการติดเชื้อ จำนวน 10 เม็ดเลือดแดงของแต่ละชนิด (ค่าเฉลี่ยมีหน่วยเป็นไมโครเมตร หรือ ตารางไมโครเมตร และส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน)

Morphometric parameter	Measurement (μm)			P-value		
	RBC	Infected RBC		RBC*/Ma*	RBC*/Mi*	Ma*/Mi*
		Ma*	Mi*			
	n=10	n=10	n=10			
RBC* length	13.10±0.59	12.08±0.90	12.86±1.10	0.01	0.55	0.10
RBC* width	7.39±0.43	8.55±0.61	8.38±0.81	0.00	0.00	0.59
Area of RBC*	74.90±4.30	-	-	0.05	0.01	-
Area of HPC*	-	80.03±6.18	82.42±6.20	-	-	0.40
RBC* nucleus length	6.44±0.31	6.38±0.43	6.32±0.38	0.72	0.46	0.76
RBC* nucleus width	2.92±0.20	2.68±0.17	2.84±0.20	0.01	0.39	0.07
Area of RBC* nucleus	15.11±1.05	13.89±1.27	14.24±0.99	0.03	0.07	0.51
Parasite length	-	10.19±0.95	9.64±0.77	-	-	0.17
Parasite width	-	3.73±0.40	3.47±0.45	-	-	0.18
Area of Parasite	-	33.01±3.27	28.74±3.43	-	-	0.01
Parasite nucleus length	-	6.86±1.07	3.38±0.32	-	-	0.00
Parasite nucleus width	-	2.72±0.52	2.38±0.18	-	-	0.07
Area of nucleus Parasite	-	14.95±2.75	5.58±0.59	-	-	0.00
NDR*	-	0.61±0.09	0.65±0.11	-	-	0.31

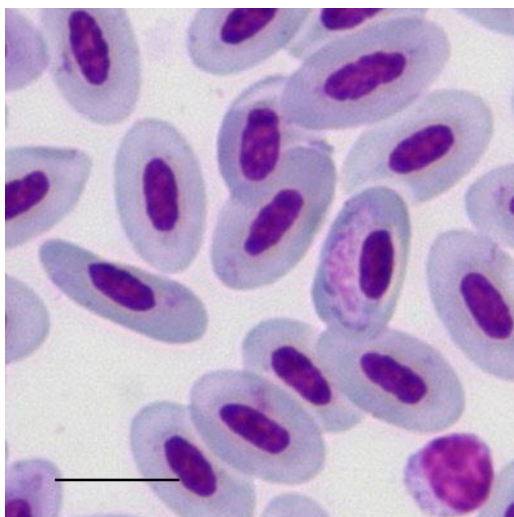
หมายเหตุ* RBC คือ เม็ดเลือดแดง

Mi คือ เม็ดเลือดแดงที่ติดเชื้อมี microgametocyte

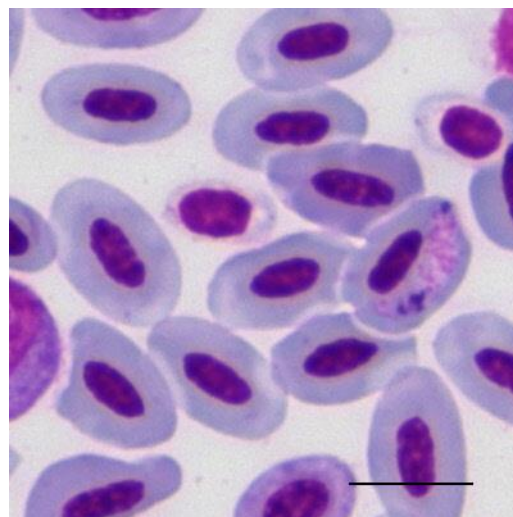
Ma คือ เม็ดเลือดแดงที่ติดเชื้อมี macrogametocyte

NDR คือ ค่าสัดส่วนการกระจายของนิวเคลียสเซลล์ตัวให้อาศัย

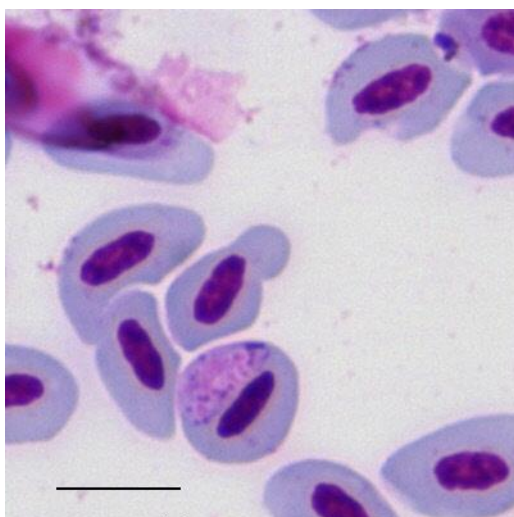
HPC คือ พื้นที่ทับซ้อนระหว่างตัวให้อาศัยและปรสิต (host-parasite complex)



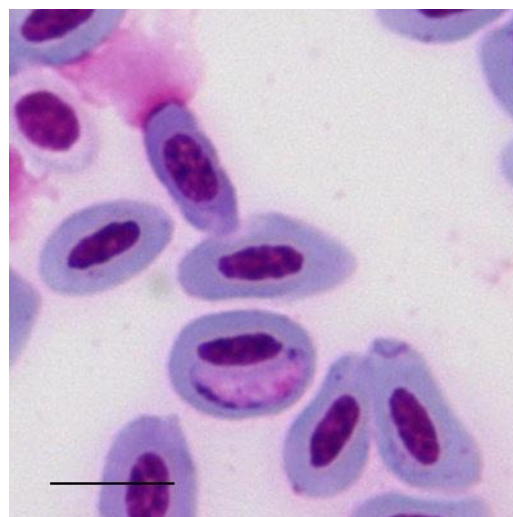
1.1



1.2

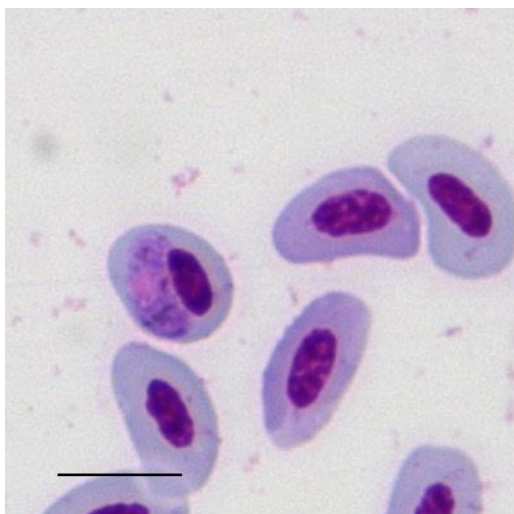


1.3

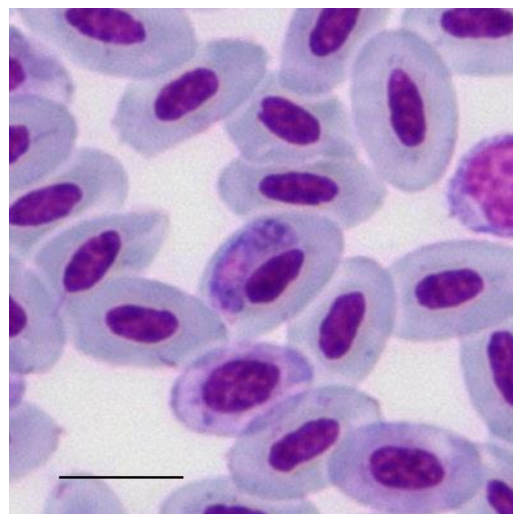


1.4

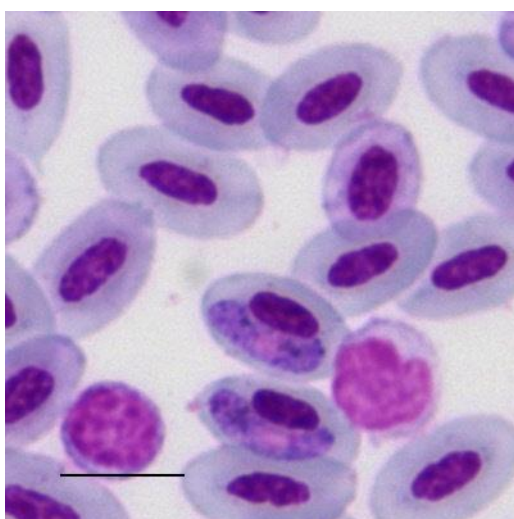
ภาพที่ 1 Gametocytes ของ *Haemoproteus herodiadis* พบในเลือดนกยางไฟหัวดำ (*Ixobrychus sinensis* (Gmelin, 1789)) วงศ์ Ardeidae จากบึงบอระเพ็ด จังหวัดนครสวรรค์ ภาพที่ 1.1 ถึง 1.4 แสดง Macrogametocytes ขอบเขตของเซลล์ปริติตชัดเจน (entire) ทำให้ผิวเซลล์ปริติตมนรี (scale bar = 10 μ m)



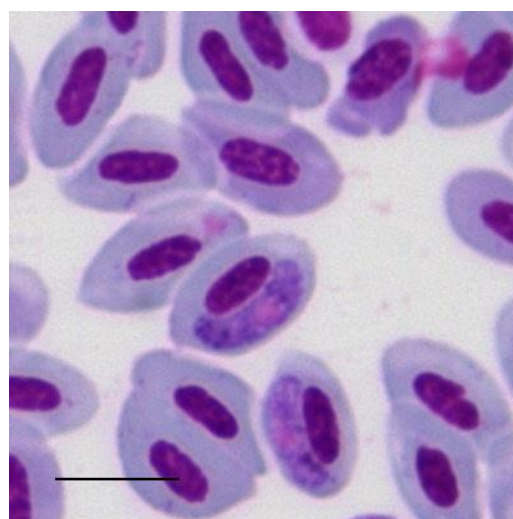
2.1



2.2



2.3



2.4

ภาพที่ 2 Gametocytes ของ *Haemoproteus herodiadis* พบในเลือดนกยางไฟหัว (*Ixobrychus sinensis* (Gmelin, 1789)) วงศ์ Ardeidae จากบึงบอระเพ็ด จังหวัดนครสวรรค์ ภาพที่ 2.1 ถึง 2.4 แสดง macrogametocytes ที่มีความยาวและพื้นที่ต่างจาก microgametocyte (scale bar = 10 μ m)

1.2 *Haemoproteus fallisi* Bennett and Campbell, 1972

ชื่อพ้อง (synonym):

H. rhipiduris Bennett, Bishop and Peirce, 1991

H. fallisi Valkiunas, 1997 (= *H. rhipiduris*)

ชนิดตัวให้อาศัยมีกระดูกสันหลังต้นแบบ (type vertebrate host):

Turdus migratorius (L.)

ตัวให้อาศัยมีกระดูกสันหลังที่ทำการศึกษา (investigational vertebrate host):

อีแรพรดแถบอกดำ (Pied Fantail); *Rhipidura javanica* (Sparman)

แหล่งที่พบปรสิตต้นแบบ (type locality):

St. John's, Newfoundland, ประเทศแคนาดา

ระยะ immature gametocyte; การติดเชื้อระยะเริ่มแรกพบที่บริเวณข้อด้านใดด้านหนึ่งของเม็ดเลือดแดงตัวให้อาศัย ปรสิตในระยะที่ตรวจพบมีลักษณะกลม สังเกตเห็นติดสีชมพู กลม มีเม็ดสีลักษณะกลม 1-2 เม็ดอยู่ชิดกับนิวเคลียส ส่วนไซโตพลาซึมติดสีน้ำเงินจาง แต่ที่บริเวณขอบเซลล์ปรสิตติดสีเข้มกว่าทำให้สามารถแยกขอบเขตของปรสิตได้อย่างชัดเจน ต่อมาพบปรสิตมีการเจริญเติบโตออกไปทางด้านข้างของเซลล์ปรสิต การเจริญนี้ทำให้เซลล์ปรสิตมีการแพร่ขยายขอบเขตของพื้นที่ของเซลล์มีลักษณะคล้ายคลึงการเคลื่อนที่ของอมีบาแบบไม่สมบูรณ์ (immature amoeboid) ทำให้ไม่สามารถสังเกตขอบเขตได้อย่างชัดเจน ขนาดของเซลล์ปรสิตเริ่มขยายขนาดเพิ่มมากขึ้น เช่นเดียวกับขนาดของนิวเคลียส และจำนวนเม็ดสีก็เพิ่มมากขึ้นด้วย (2 ถึง 3 เม็ดในเซลล์ปรสิตเดี่ยว) ปรสิตในระยะนี้ยังไม่สามารถสังเกตเห็นแวคิวโอล การเพิ่มขนาดของปรสิตนี้เริ่มที่ข้อด้านใดด้านหนึ่ง และเจริญราบไปตามแนวระนาบของนิวเคลียสและกลายเป็น macrogametocyte หรือ microgametocyte ต่อไป (ภาพที่ 3)

Macrogametocyte; พบในเม็ดเลือดแดงของตัวให้อาศัยที่เจริญเต็มที่ปรสิตมีรูปร่างจัดอยู่ในกลุ่ม microhalteridial haemoproteid (ภาพที่ 4) ลักษณะเป็นแท่ง หัวท้ายมน พบเม็ดสีติดสีน้ำตาลเหลือง มีรูปร่างกลมรี มักกระจายอยู่ภายในไซโตพลาซึม และเกาะกลุ่มอยู่ที่บริเวณใกล้เคียงกับนิวเคลียสของปรสิต ขอบเขตเซลล์ปรสิตมีลักษณะเรียบ (entire) ส่วนทางด้านขั้วเซลล์ทั้งสอง

ข้างมีลักษณะโค้งมน ด้านในของเซลล์ปรสิตแนบชิดติดอยู่บริเวณนิวเคลียสของเซลล์เม็ดเลือดแดงที่ติดเชื้อ ส่วนอีกด้านไม่ติดกับเยื่อหุ้มเซลล์เม็ดเลือดแดงของตัวให้อาศัย ไชโตพลาซึมติดสีน้ำเงินจาง หรือสีน้ำเงินม่วง บริเวณขอบเซลล์หรือโดยรอบแวกิวโอล ติดสีดีกว่าบริเวณกลางเซลล์ พบแวกิวโอลมีลักษณะเป็นวงกลมขนาดแตกต่างกันไป สังเกตแวกิวโอลได้ชัดเจนอย่างน้อย 1 แวกิวโอล นิวเคลียสติดสีชมพูมีลักษณะเป็นรูปวงรี ตามแนวยาวของเซลล์เม็ดเลือดแดง การเจริญของปรสิตภายในเม็ดเลือดแดงทำให้นิวเคลียสของเซลล์เม็ดเลือดแดงเคลื่อนออกจากตำแหน่งเดิมเพียงเล็กน้อยสามารถสังเกตเห็นได้ จากค่าสัดส่วนการกระจายของนิวเคลียสมีค่าเฉลี่ยเท่ากับ 0.64 ± 0.24 (ตารางที่ 2) ปรสิตชนิดนี้มีขนาดเล็กมีพื้นที่เพียง 36.02 ± 6.20 ตารางไมโครเมตร ซึ่งทำให้เม็ดเลือดแดงที่มีการติดเชื้อมีการบวมขึ้นเพียงร้อยละ 10.15 เมื่อเปรียบเทียบระหว่างพื้นที่เซลล์เม็ดเลือดแดงที่มีปรสิตซึ่งมีค่าเฉลี่ยเท่ากับ 78.35 ± 7.50 ตารางไมโครเมตรกับพื้นที่ของเม็ดเลือดแดงปกติ (71.13 ± 6.01 ตารางไมโครเมตร) รวมทั้งค่าเฉลี่ยของความยาว ความกว้าง และข้อมูลของนิวเคลียสของเม็ดเลือดแดงของตัวให้อาศัย ไม่พบความแตกต่างอย่างมีนัยสำคัญระหว่างเม็ดเลือดแดงที่ติดเชื้อและไม่มีการติดเชื้อ แม้เซลล์ที่ติดเชื้อปรสิตนี้จะทำให้ค่าเฉลี่ยของพื้นที่นิวเคลียสเพิ่มมากขึ้นคิดเป็นร้อยละ 17.70

Microgametocyte; มีรูปร่างคล้ายคลึง macrogametocyte ยกเว้นการติดสีของไชโตพลาซึมที่มีการติดสีเข้มกว่า ทำให้สังเกตเห็น microgametocyte มีสีเข้ม นิวเคลียสอยู่เยื้องไปทางด้านใดด้านหนึ่งของเซลล์ปรสิต มีลักษณะกลม ติดสีชมพู พบเม็ดสีกระจายภายในไชโตพลาซึม ทั้งจำนวนและลักษณะการกระจายไม่แตกต่างจาก macrogametocyte ขอบเขตเซลล์ชัดเจน ปลายทั้งสองข้างโค้งมน ไม่พบความแตกต่างจาก macrogametocyte รวมทั้งค่าสัดส่วนการกระจายของนิวเคลียส เซลล์ตัวให้อาศัยความยาว ความกว้าง และพื้นที่ของปรสิตด้วย มีเพียงค่าเฉลี่ยของความยาว ความกว้าง และพื้นที่ของนิวเคลียสปรสิตที่มีขนาดเล็กลงอย่างมีนัยสำคัญ ซึ่งเท่ากับ 3.32 ± 0.58 , 1.95 ± 0.32 ไมโครเมตร และ 5.03 ± 1.26 ตารางไมโครเมตร ในขณะที่ macrogametocyte เท่ากับ 6.40 ± 0.75 , 2.55 ± 0.63 ไมโครเมตร และ 12.10 ± 2.77 ตารางไมโครเมตร ตามลำดับ ส่วนผลต่อเม็ดเลือดแดงที่มีการติดเชื้อระหว่าง microgametocyte และ macrogametocyte ไม่พบว่ามี ความแตกต่างกัน แม้ในเซลล์เม็ดเลือดแดงที่ติดเชื้อ microgametocyte จะทำให้เม็ดเลือดแดงปกติมีค่าเฉลี่ยของความยาว และพื้นที่ทับซ้อนระหว่างเซลล์เม็ดเลือดแดงและปรสิต จะมีค่าเพิ่มมากขึ้นอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติก็ตาม

ตารางที่ 2 เปรียบเทียบ morphometric parameter ของเซลล์เม็ดเลือดแดงปกติและเม็ดเลือดแดงที่มีการติดเชื้อและ morphometric parameter ของ *Haemoproteus fallisi* ในนกอีแพรดแถบอกดำ (*Rhipidura javanica*) โดยการวัดเม็ดเลือดแดงปกติ เม็ดเลือดแดงที่มีการติดเชื้อจำนวน 10 เม็ดเลือดแดงของแต่ละชนิด (ค่าเฉลี่ยมีหน่วยเป็นไมโครเมตร หรือตารางไมโครเมตร และส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน)

Morphometric parameter	Measurement (μm)			P-value		
	RBC	Infected RBC		RBC*/Ma*	RBC*/Mi*	Ma*/Mi*
		Ma*	Mi*			
	n=10	n=6	n=7			
RBC* length	12.55 $\pm$ 0.41	13.70 $\pm$ 1.26	14.04 $\pm$ 0.84	0.08	0.00	0.57
RBC* width	7.27 $\pm$ 0.44	7.24 $\pm$ 0.99	7.26 $\pm$ 0.70	0.93	0.97	0.96
Area of RBC*	71.13 $\pm$ 6.01	-	-	0.05	0.02	-
Area of HPC*	-	78.35 $\pm$ 7.50	80.42 $\pm$ 8.65	-	-	0.66
RBC* nucleus length	5.71 $\pm$ 0.23	5.88 $\pm$ 0.85	6.23 $\pm$ 0.67	0.65	0.09	0.43
RBC* nucleus width	2.62 $\pm$ 0.11	2.72 $\pm$ 0.55	2.81 $\pm$ 0.61	0.68	0.34	0.78
Area of RBC* nucleus	12.07 $\pm$ 0.68	14.15 $\pm$ 4.14	13.21 $\pm$ 4.03	0.27	0.38	0.69
Parasite length	-	12.06 $\pm$ 1.29	11.67 $\pm$ 0.80	-	-	0.52
Parasite width	-	2.92 $\pm$ 0.56	2.74 $\pm$ 0.61	-	-	0.59
Area of Parasite	-	36.02 $\pm$ 6.20	31.96 $\pm$ 4.94	-	-	0.22
Parasite nucleus length	-	6.40 $\pm$ 0.75	3.32 $\pm$ 0.58	-	-	0.00
Parasite nucleus width	-	2.55 $\pm$ 0.63	1.95 $\pm$ 0.32	-	-	0.05
Area of nucleus Parasite	-	12.10 $\pm$ 2.77	5.03 $\pm$ 1.26	-	-	0.00
NDR*	-	0.64 $\pm$ 0.24	0.67 $\pm$ 0.18	-	-	0.78

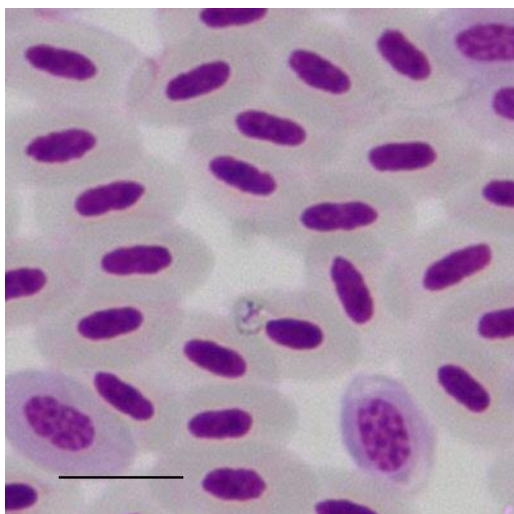
หมายเหตุ* RBC คือ เม็ดเลือดแดง

Mi คือ Microgametocyte

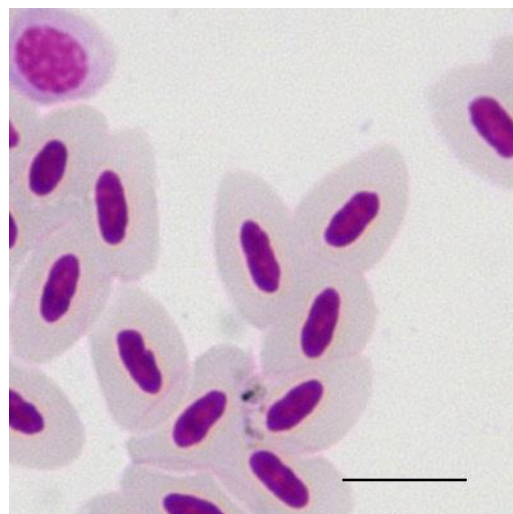
Ma คือ Macrogametocyte

NDR คือ ค่าสัดส่วนการกระจายของนิวเคลียสเซลล์ตัวให้อาศัย

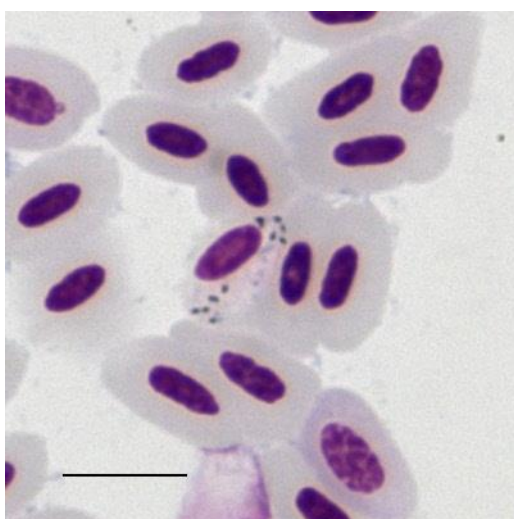
HPC คือ พื้นที่ทับซ้อนระหว่างตัวให้อาศัยและปรสิต (host-parasite complex)



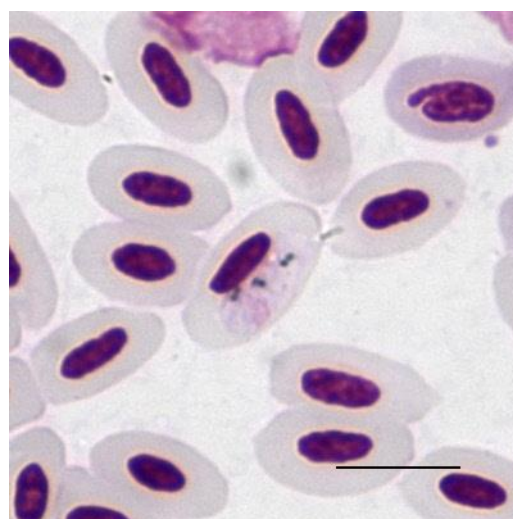
3.1



3.2

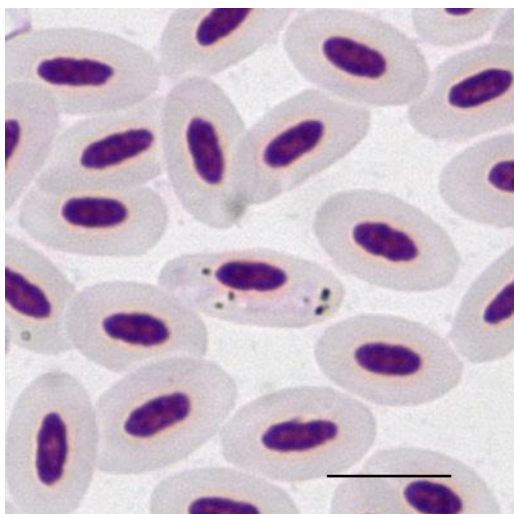


3.3

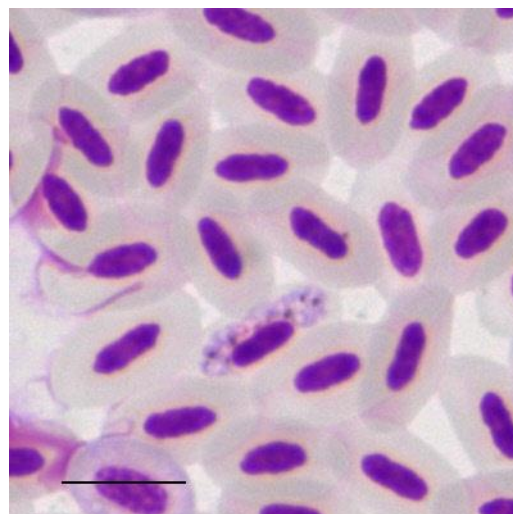


3.4

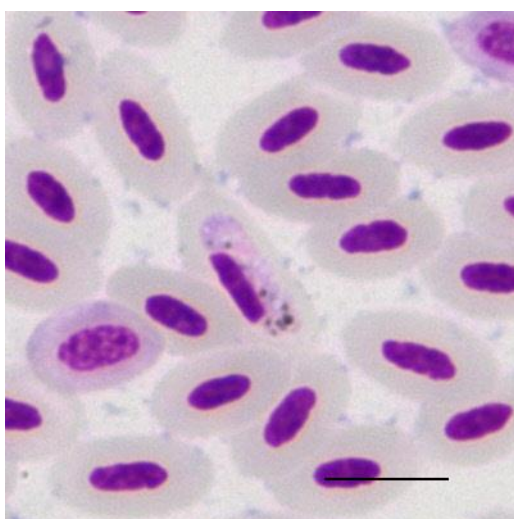
ภาพที่ 3 Gametocytes ของ *Haemoproteus fallisi* ในเลือดนกอีแพรดแถบอกดำ (*Rhipidura javanica*) วงศ์ Rhipiduridae จากบึงบอระเพ็ด ภาพที่ 3.1 และ 3.2 แสดงลักษณะของ immature gametocyte มีเม็ดสีลักษณะกลม 1-2 เม็ดอยู่ชิดกับนิวเคลียส ภาพที่ 3.3 และ 3.4 แสดง macrogametocytes ขอบเขตเซลล์ปรีติมีลักษณะเรียบ (entire) ส่วนทางด้านซ้ายเซลล์ทั้งสองข้างมีลักษณะโค้งมน (scale bar = 10 μ m)



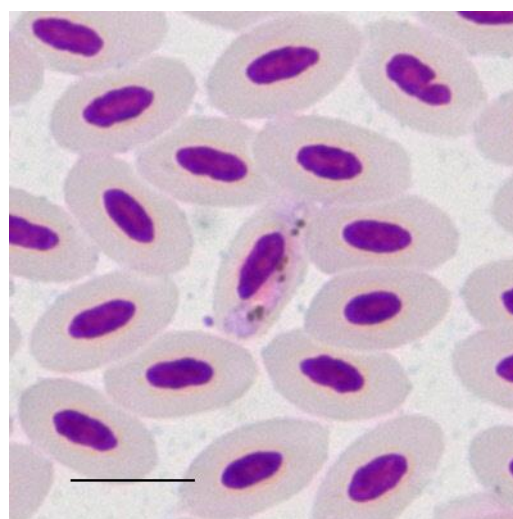
4.1



4.2



4.3



4.4

ภาพที่ 4 Gametocytes ของ *Haemoproteus fallisi* ในเลือดนกกีเพรดแถบออกดำ (*Rhipidura javanica*) วงศ์ Rhipiduridae จากบึงบอระเพ็ด ภาพที่ 4.1 แสดง Macrogametocytes ภาพที่ 4.2 4.3 และ 4.4 แสดง Microgametocytes ไซโตพลาซึมมีการติดสีชัดเจน และพบเม็ดสีขนาดใหญ่พบที่ขั้วเซลล์ (scale bar = 10 μ m)

1.3 *Haemoproteus dicruri* Mello, 1935

ชนิดตัวให้อาศัยมีกระดูกสันหลังต้นแบบ (type vertebrate host):

นกแซงแซวหางปลา (*Dicrurus macrocercus* (Vieil.))

ตัวให้อาศัยมีกระดูกสันหลังที่ทำการศึกษา (investigational vertebrate host):

นกแซงแซวหางปลา (*D. macrocercus* (Vieil.))

แหล่งที่พบปรสิตต้นแบบ (type locality):

Pragana, ประเทศอินเดีย

ระยะ immature gametocytes; พบในเม็ดเลือดแดงที่เจริญเติบโตเต็มที่ ผลิตเริ่มเจริญพัฒนาในตำแหน่งทางด้านใดด้านหนึ่งของเซลล์เม็ดเลือดแดง นิวเคลียสติดสีชมพูอยู่ด้านห่างจากนิวเคลียสของเซลล์เม็ดเลือดแดงของตัวให้อาศัย ในตำแหน่งใกล้เยื่อหุ้มเซลล์เม็ดเลือดแดงทางด้านใดด้านหนึ่งตามแนวยาวของเซลล์เม็ดเลือดแดง ส่วนไซโตพลาซึมติดสีน้ำเงินเข้มกว่าการติดสีของไซโตพลาซึมของเซลล์เม็ดเลือดแดง ปลายทั้งสองด้านของการเจริญของ immature gametocyte มีรูปร่างคล้ายอมีบา (amoeboid shape) ยื่นออกไปด้านใดด้านหนึ่งของขั้วเซลล์เม็ดเลือดแดงอย่างชัดเจน ก่อนพัฒนาไปเป็น macrogametocyte หรือ microgametocyte ต่อไป

Macrogametocyte; พบในเม็ดเลือดแดงที่เจริญเต็มที่ ผลิตอยู่ในแนวยาวทางด้านใดด้านหนึ่งแต่ไม่โอบล้อมนิวเคลียสตัวให้อาศัย ลักษณะรูปร่างของปรสิตโปรโตซัวนี้เป็นแบบ halteridial morph หรือ halteridial haemoproteid (ภาพที่ 6) โค้งงอตามแนวนิวเคลียสของเม็ดเลือดแดง พบเม็ดสีรูปร่างกลมสีเหลืองน้ำตาลเข้ม พบเม็ดสีติดสีน้ำตาลเหลืองกระจายอยู่ทั่วไปตามแนวขอบเซลล์ปรสิตหรือโดยรอบนิวเคลียสของปรสิต ไซโตพลาซึมของปรสิตติดสีน้ำเงินจาง แต่ยังคงเห็นขอบเขตของนิวเคลียสที่ติดสีชมพูได้ ลักษณะกลมรีคล้ายรูปไข่ (ovoid shape) ตำแหน่งใกล้กลางเซลล์ปรสิต (subcentral) มีความยาว ความกว้าง และพื้นที่ของนิวเคลียสเฉลี่ยเท่ากับ 5.70 ± 1.06 , 2.66 ± 0.69 ไมโครเมตร 12.85 ± 3.76 ตารางไมโครเมตร ตามลำดับ (ตารางที่ 3) ส่วนของขอบเซลล์ปรสิตขอบมนเรียบอาจพบบางเซลล์ยังคงลักษณะคล้ายอมีบาเล็กน้อยที่บริเวณขั้วของนิวเคลียสของเซลล์ตัวให้อาศัย (pole amoeboid) เจริญเติบโตไม่เต็มเม็ดเลือดแดงที่มีการติดเชื้อ พบว่ามีค่าเฉลี่ยของพื้นที่ซ้อนทับของปรสิต (host-parasite complex) 80.03 ± 6.18 ตารางไมโครเมตร

มีขนาดใหญ่กว่าเม็ดเลือดแดงปกติคิดเป็นร้อยละ 16.89 ปริศมีค่าเฉลี่ยของความยาวและความกว้างเป็น 11.82 ± 0.95 และ 3.34 ± 0.96 ไมโครเมตร ส่วนพื้นที่ของปริศมีค่าเฉลี่ยเท่ากับ 40.11 ± 6.80 ตารางไมโครเมตร โดยรวมแล้วปริศทำให้เกิดการเปลี่ยนแปลง (pathogenicity) ของเซลล์เม็ดเลือดแดงที่มีการติดเชื้อปรสิตชนิดนี้ ทั้งตัวเซลล์และนิวเคลียสของเซลล์เม็ดเลือดแดง โดยที่ทำความยาว ความกว้างมีค่าเพิ่มมากขึ้นอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ ดังนี้ 12.51 ± 0.44 และ 6.67 ± 0.32 ไมโครเมตร เพิ่มขึ้นเป็น 13.64 ± 0.39 และ 7.30 ± 0.72 ไมโครเมตร เมื่อพิจารณาการเปลี่ยนแปลงของนิวเคลียสที่เกิดจากการติดเชื้อปรสิตชนิดนี้ ทำให้ค่าเฉลี่ยของ ความกว้าง และพื้นที่นิวเคลียสของเซลล์เม็ดเลือดแดงมีค่าเฉลี่ยลดลงอย่างมีนัยสำคัญ ซึ่งขนาดนิวเคลียสของเซลล์เม็ดเลือดแดงปกติมีค่าเฉลี่ยของความกว้าง และพื้นที่นิวเคลียสเป็น 6.06 ± 0.44 ไมโครเมตร และ 12.63 ± 1.69 ตารางไมโครเมตร ในขณะที่เซลล์ที่ติดเชื้อปรสิตมีค่าเฉลี่ยเป็น 2.17 ± 0.25 ไมโครเมตร และ 10.87 ± 1.54 ตารางไมโครเมตร ตามลำดับ ส่วนความยาวของนิวเคลียสระหว่างเซลล์ที่ติดเชื้อและเซลล์ที่ไม่ติดเชื้อ พบว่าไม่มีความแตกต่างในทางสถิติ จากการเจริญของเซลล์ปรสิตชนิดนี้ทำให้นิวเคลียสเคลื่อนออกจากแนวปกติ เมื่อหาค่าเฉลี่ยของสัดส่วนการกระตุ้นนิวเคลียสของปรสิตเท่ากับ 0.46 ± 0.22 เท่านั้น

Microgametocyte; มีรูปร่างลักษณะคล้ายคลึงกับ Macrogametocyte (ภาพที่ 6) ทั้งทำให้เซลล์เม็ดเลือดแดงมีขนาดใหญ่ขึ้น รวมทั้งทำให้ความยาวเพิ่มมากขึ้น ยกเว้นค่าเฉลี่ยของความกว้างของเซลล์เม็ดเลือดแดงที่ไม่มีความแตกต่างอย่างมีนัยสำคัญ นิวเคลียสของเซลล์เม็ดเลือดแดงมีขนาดเล็กลงอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติเช่นเดียวกับ macrogametocyte เม็ดเลือดแดงที่ติดเชื้อปรสิตชนิดนี้แม้จะส่งผลทำให้เซลล์เม็ดเลือดแดงบวมมากขึ้น แต่ขนาดของเซลล์เม็ดเลือดแดงที่ติดเชื้อชนิด microgamete เล็กกว่าเซลล์เม็ดเลือดแดงที่ติดเชื้อ macrogamete โดยมีร้อยละของพื้นที่ของเซลล์เม็ดเลือดแดงที่ติดเชื้อเพิ่มขึ้นจากเซลล์ปกติเพียง 8.09 (ในขณะที่เซลล์เม็ดเลือดแดงที่ติดเชื้อด้วยปรสิตชนิด macrogamete มีพื้นที่เพิ่มขึ้นถึงร้อยละ 16.89) เมื่อเปรียบเทียบจากการติดสีพบว่า microgamete การติดสีเข้มกว่า สามารถสังเกตนิวเคลียสติดสีชมพูเข้มและเห็นได้ชัดเจน ส่วนรูปร่างลักษณะของปรสิต พบว่า microgamete มีความกว้าง พื้นที่ของปรสิต และรูปร่างลักษณะของนิวเคลียส (ความกว้าง ความยาว และพื้นที่) แตกต่างจาก macrogamete อย่างมีนัยสำคัญ แต่ค่าเฉลี่ยของความยาวไม่แตกต่างกันอย่างชัดเจน เซลล์ตัวให้อาศัยที่ติดเชื้อมีตำแหน่งของนิวเคลียสถูก

เบียดเพียงเล็กน้อย โดยที่ค่าสัดส่วนการกระจายของนิวเคลียสของเซลล์เม็ดเลือดแดงของตัวให้อาศัย
ถึง 0.62 ± 0.23 หรือมีตำแหน่งของนิวเคลียสน้อยกว่าจากการติดเชื้อมacrogamete ในทางสถิติ

ตารางที่ 3 เปรียบเทียบ morphometric parameter ของเซลล์เม็ดเลือดแดงปกติและเม็ดเลือดแดงที่มีการติดเชื้อและ morphometric parameter ของ *Haemoproteus dicruri* ในนกแขวงแขวงหางปลา (*Dicrurus macrocercus*) โดยการวัดเม็ดเลือดแดงปกติ เม็ดเลือดแดงที่มีการติดเชื้อจำนวน 10 เม็ดเลือดแดงของแต่ละชนิด (ค่าเฉลี่ยมีหน่วยเป็น ไมโครเมตร หรือ ตารางไมโครเมตร และส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน)

Morphometric parameter	Measurement (μm)			P-value		
	RBC	Infected RBC		RBC*/Ma*	RBC*/Mi*	Ma*/Mi*
		Ma*	Mi*			
	30	30	30			
RBC* length	12.18 $\pm$ 0.54	12.84 $\pm$ 0.96	13.06 $\pm$ 0.89	0.00	0.00	0.36
RBC* width	6.53 $\pm$ 0.46	7.31 $\pm$ 1.09	6.35 $\pm$ 0.68	0.00	0.22	0.00
Area of RBC*	61.93 $\pm$ 5.21	-	-	0.00	0.00	-
Area of HPC*	-	72.39 $\pm$ 8.99	66.94 $\pm$ 6.94	-	-	0.01
RBC* nucleus length	6.06 $\pm$ 0.44	6.06 $\pm$ 0.66	5.82 $\pm$ 0.54	0.99	0.06	0.12
RBC* nucleus width	2.52 $\pm$ 0.26	2.17 $\pm$ 0.25	2.10 $\pm$ 0.26	0.00	0.00	0.31
Area of RBC* nucleus	12.63 $\pm$ 1.69	10.87 $\pm$ 1.54	10.26 $\pm$ 1.48	0.00	0.00	0.12
Parasite length	-	11.82 $\pm$ 1.30	12.24 $\pm$ 0.80	-	-	0.14
Parasite width	-	3.34 $\pm$ 0.96	2.36 $\pm$ 0.48	-	-	0.00
Area of Parasite	-	40.11 $\pm$ 6.80	34.81 $\pm$ 3.15	-	-	0.00
Parasite nucleus length	-	5.70 $\pm$ 1.06	2.75 $\pm$ 0.56	-	-	0.00
Parasite nucleus width	-	2.66 $\pm$ 0.69	1.71 $\pm$ 0.39	-	-	0.00
Area of nucleus Parasite	-	12.85 $\pm$ 3.76	3.68 $\pm$ 1.28	-	-	0.00
NDR*	-	0.46 $\pm$ 0.22	0.62 $\pm$ 0.23	-	-	0.01

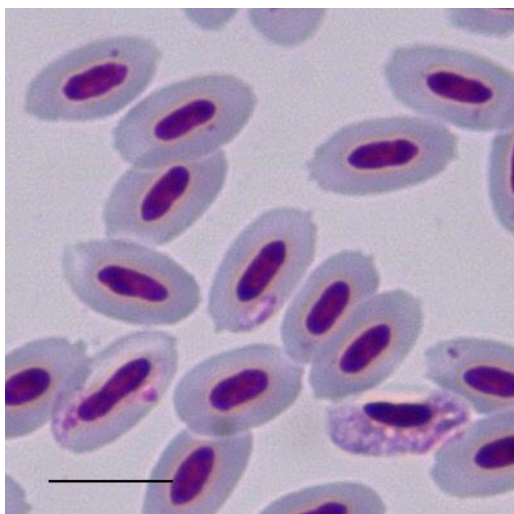
หมายเหตุ* RBC คือ เม็ดเลือดแดง

Mi คือ Microgametocyte

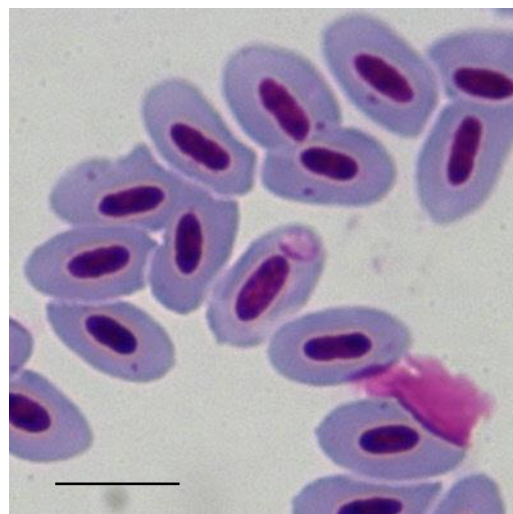
Ma คือ Macrogametocyte

NDR คือ ค่าสัดส่วนการกระจายของนิวเคลียสเซลล์ตัวให้อาศัย

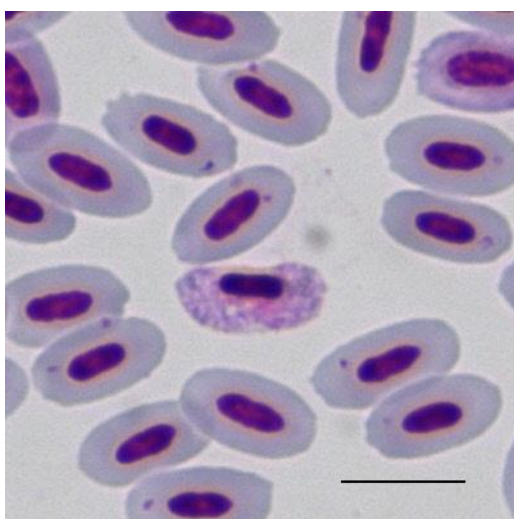
HPC คือ พื้นที่ทับซ้อนระหว่างตัวให้อาศัยและปรสิต (host-parasite complex)



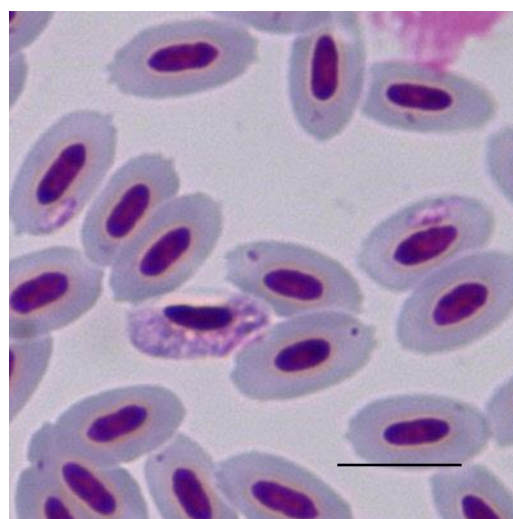
5.1



5.2

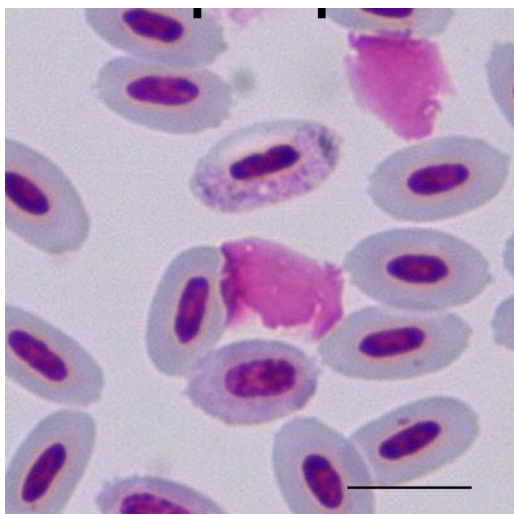


5.3

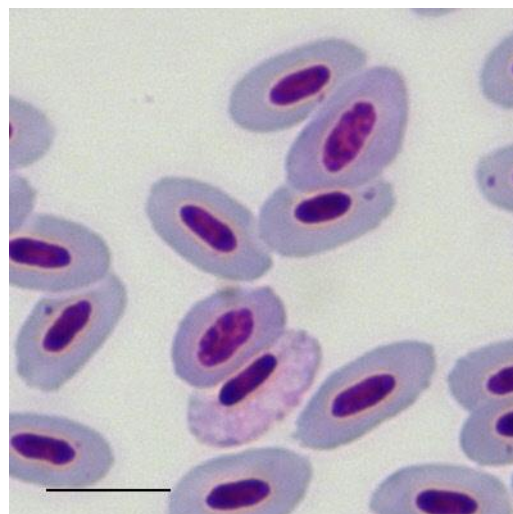


5.4

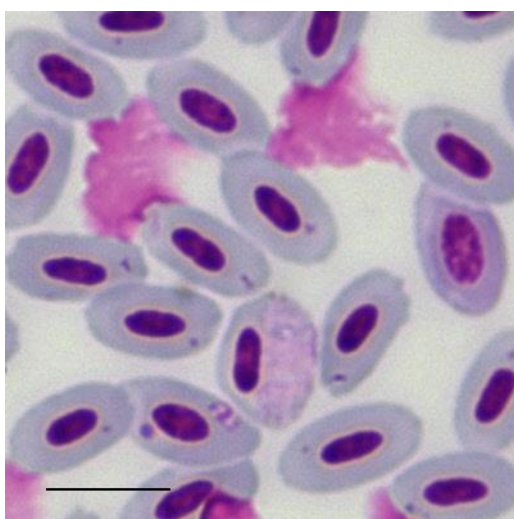
ภาพที่ 5 Gametocytes ของ *Haemoproteus dicruri* ในเลือดนกแขวกหางปลา (black drongos); *Dicrurus macrocercus* (Vieil.) วงศ์ *Dicruridae* จากบึงบอระเพ็ด จังหวัดนครสวรรค์ ภาพที่ 5.1 และ 5.2 แสดงลักษณะ immature gametocytes ภาพที่ 5.3 และ 5.4 แสดง macrogametocytes ที่มีนิวเคลียสที่ติดสีชมพูได้ ลักษณะกลมรีคล้ายรูปไข่ (ovoid shape) ตำแหน่งใกล้กลางเซลล์ปริศ (subcentral) (scale bar = 10 μ m)



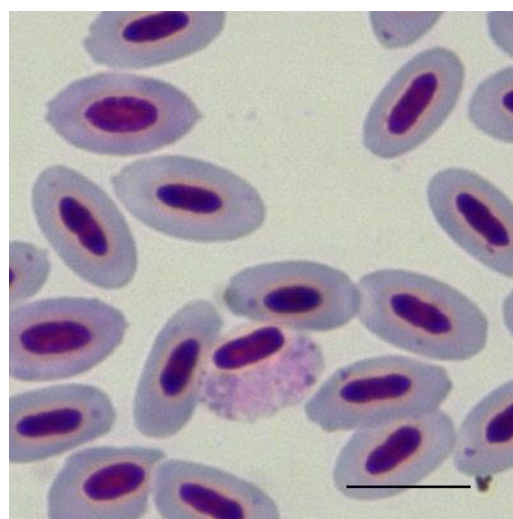
6.1



6.2



6.3



6.4

ภาพที่ 6 Gametocytes ของ *Haemoproteus dicruri* ในเลือดนกแขวกหางปลา (black drongos); *Dicrurus macrocercus* (Vieil.) วงศ์ *Dicruridae* จากบึงบอระเพ็ด จังหวัดนครสวรรค์ ภาพที่ 6.1 แสดงลักษณะ microgametocytes ภาพที่ 6.2 6.3 และ 6.4 แสดง macrogametocytes การติดสีของไซโตพลาซึมของปรสิตติดสีน้ำเงินจาง แต่ยังสามารถสังเกตเห็นรูปร่างของนิวเคลียสได้ (scale bar = 10 μ m)

1.4 *Haemoproteus otocompsae* Mello, 1935

ชนิดตัวให้อาศัยมีกระดูกสันหลังต้นแบบ (type vertebrate host):

Pycnonotus jocosus (L.), Passeriformes

ตัวให้อาศัยมีกระดูกสันหลังที่ทำการศึกษา (investigational vertebrate host):

ปรอดสวน (*Pycnonotus blanfordi*)

แหล่งที่พบปรอดต้นแบบ (type locality):

Malim (Baedez), ประเทศอินเดีย

ระยะ immature gametocyte; ในการศึกษาครั้งนี้ไม่พบระยะเริ่มการติดเชื้อในเซลล์เม็ดเลือดแดงของตัวให้อาศัย แต่พบปรอดในระยะที่มีการเจริญไปเป็น gametocyte ที่ยังเจริญไม่เต็มที่ โดยมีรูปร่างแบบ microhalteridial haemoproteid (ภาพที่ 7) ด้านหนึ่งของปรอดแนบชิดกับนิวเคลียสของเม็ดเลือดแดง การเจริญเกิดขึ้นในทุกทิศทาง สืบเนื่องจากเส้นขอบเซลล์ที่มีรูปร่างคล้ายอิมบาอย่างชัดเจน พบการสร้างเม็ดสีในระยะนี้อย่างชัดเจนในระยะที่มีการเจริญของปรอด เม็ดสีมีลักษณะกลมรี ติดสีน้ำเงินเข้ม กระจายทั่วทั้งไซโตพลาซึม และตามแนวการเจริญของเซลล์ปรอด หรือบริเวณด้านขอบของเซลล์ปรอด จนกระทั่งโอบล้อมขั้วนิวเคลียสเซลล์ตัวให้อาศัยทั้งสองด้าน พร้อมพัฒนารูปร่างไปเป็น halteridial haemoproteid ในระยะ microgametocyte และ macrogametocyte ต่อไป

Macrogametocyte; เมื่อการเจริญของ immature gametocyte พัฒนามาเป็น macrogametocyte ที่สามารถตามจัดลักษณะรูปร่างของปรอดแบบ halteridial haemoproteid อย่างสมบูรณ์ที่มีขนาดปานกลาง (ภาพที่ 8) เซลล์ปรอดเข้าโอบล้อมนิวเคลียสของเซลล์เม็ดเลือดแดง แต่ไม่หุ้มจนหมด ปรอดมีพื้นที่ในเซลล์เม็ดเลือดแดงร้อยละ 55.93 ของพื้นที่ช่องว่างระหว่างปรอด และเซลล์เม็ดเลือดแดงของตัวให้อาศัย (พื้นที่ของเซลล์ปรอด และพื้นที่ช่องว่างระหว่างปรอดและเซลล์ตัวให้อาศัยมีค่าเฉลี่ยเท่ากับ 38.43 ± 5.04 และ 68.71 ± 4.52 ตารางไมโครเมตร ตามลำดับ) (ตารางที่ 4) ขอบเซลล์ปรอดสามารถเห็นลักษณะคล้ายอิมบาที่ขั้วนิวเคลียสของเซลล์เม็ดเลือดแดงเพียงเล็กน้อยจนถึงเห็นขอบอย่างชัดเจน ยังสามารถสังเกตเห็นเพียงนิวเคลียสและไซโตพลาซึมทางด้านตรงข้ามกับด้านที่มีปรอดอยู่ เม็ดสี hemozoin ที่สร้างโดยปรอดมีลักษณะกลมขนาดเพิ่ม

มากขึ้นจากที่พบใน immature gametocyte ติดสีน้ำตาลเข้มปนเหลือง จำนวน 11 ถึง 13 เม็ด พบเม็ดสีกระจายอยู่บริเวณขอบเขตของเซลล์ปรสิต ส่วนนิวเคลียสของปรสิตติดสีชมพูจาง ขอบเขตที่แน่นอนของนิวเคลียสปรสิตยากต่อการสังเกต มีรูปร่างลักษณะกลมรีขนาดใหญ่แบบชนิดนิวเคลียสตัวให้อาศัยคิดเป็นร้อยละ 34.35 ของพื้นที่เซลล์ปรสิต การเจริญของปรสิตทำให้นิวเคลียสของเม็ดเลือดแดงถูกเบียดออกจากตำแหน่งปกติที่สามารถสังเกตได้ยาก จากค่าเฉลี่ยของสัดส่วนการกระจายของนิวเคลียสของเซลล์เม็ดเลือดแดงของปรสิตเท่ากับ 0.74 ± 0.75 หรือกล่าวได้ว่าตำแหน่งของนิวเคลียสตัวให้อาศัยผิดไปจากตำแหน่งปรสิตเพียงเล็กน้อยเท่านั้น นอกจากนี้ปรสิตยังไม่ส่งผลต่อเม็ดเลือดแดงทางด้านกว้าง แต่เม็ดเลือดแดงที่ติดเชื้อปรสิตมีความยาว และพื้นที่ของเม็ดเลือดแดงมากกว่าเซลล์เม็ดเลือดแดงปกติอย่างมีนัยสำคัญ ส่วนผลกระทบต่อนิวเคลียสเม็ดเลือดแดงของปรสิตคือทำให้เม็ดเลือดแดงมีการบวมเพียงเล็กน้อยคิดเป็นร้อยละ 1.39 เท่านั้น

Microgametocyte; ปรสิตมีรูปร่างลักษณะคล้ายคลึงกับ macrogametocyte อย่างมากทั้งรูปร่างลักษณะ มีเพียงการติดสีที่เข้มกว่า และมีขนาดของนิวเคลียสที่แตกต่างกัน และแม้รูปร่างของ microgametocyte จะจัดอยู่ในกลุ่ม halteridial haemoproteid พบเม็ดสีที่มีลักษณะคล้ายคลึงกัน แต่เนื่องจากพื้นที่ของไซโตพลาซึมของ microgametocyte มีค่ามากกว่า ทำให้เม็ดสีมีการกระจายตัวมากกว่าพบทั่วไปภายในไซโตพลาซึม ส่วนผลกระทบต่อเม็ดเลือดแดงที่ติดเชื้อปรสิตชนิดนี้ ไม่พบความแตกต่างในทางสถิติระหว่างชนิดของ gametocyte คือต่างก็ส่งผลต่อเซลล์ตัวให้อาศัยทั้งการทำให้นิวเคลียสตัวให้อาศัยผิดตำแหน่งเหมือนกัน

ตารางที่ 4 เปรียบเทียบ morphometric parameter ของเซลล์เม็ดเลือดแดงปกติและเม็ดเลือดแดงที่มีการติดเชื้อและ morphometric parameter ของ *Haemoproteus otocompsae* ในนกปรอดสวน (*Pycnonotus blanfordi*) (ค่าเฉลี่ยมีหน่วยเป็นไมโครเมตร หรือ ตารางไมโครเมตร และส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน)

Morphometric parameter	Measurement (μm)			P-value		
	RBC	Infected RBC		RBC*/Ma*	RBC*/Mi*	Ma*/Mi*
		Ma*	Mi*			
	10	10	10			
RBC* length	11.24 $\pm$ 0.47	12.55 $\pm$ 0.65	12.41 $\pm$ 0.67	0.00	0.00	0.65
RBC* width	6.66 $\pm$ 0.38	6.75 $\pm$ 0.44	6.88 $\pm$ 0.46	0.64	0.25	0.51
Area of RBC*	58.83 $\pm$ 3.56	-	-	0.00	0.00	-
Area of HPC*	-	68.71 $\pm$ 4.52	67.93 $\pm$ 6.98	-	-	0.77
RBC* nucleus length	5.42 $\pm$ 0.27	5.50 $\pm$ 0.50	5.60 $\pm$ 0.31	0.65	0.19	0.62
RBC* nucleus width	2.74 $\pm$ 0.14	2.80 $\pm$ 0.14	2.81 $\pm$ 0.36	0.31	0.53	0.93
Area of RBC* nucleus	12.05 $\pm$ 0.80	12.22 $\pm$ 0.96	12.24 $\pm$ 1.56	0.67	0.74	0.98
Parasite length	-	11.75 $\pm$ 0.62	11.50 $\pm$ 0.72	-	-	0.42
Parasite width	-	2.42 $\pm$ 0.51	2.60 $\pm$ 0.60	-	-	0.46
Area of Parasite	-	38.43 $\pm$ 5.04	37.01 $\pm$ 4.04	-	-	0.50
Parasite nucleus length	-	6.82 $\pm$ 0.82	3.50 $\pm$ 0.55	-	-	0.00
Parasite nucleus width	-	2.02 $\pm$ 0.39	2.08 $\pm$ 0.42	-	-	0.74
Area of nucleus Parasite	-	13.20 $\pm$ 3.60	5.87 $\pm$ 1.74	-	-	0.00
NDR*	-	0.74 $\pm$ 0.19	0.75 $\pm$ 0.18	-	-	0.90

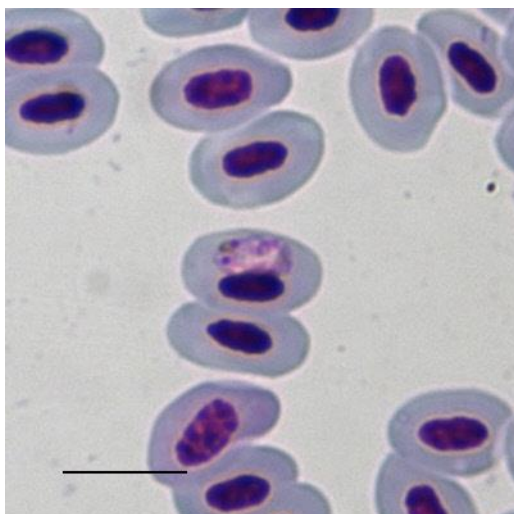
หมายเหตุ* RBC คือ เม็ดเลือดแดง

Mi คือ Microgametocyte

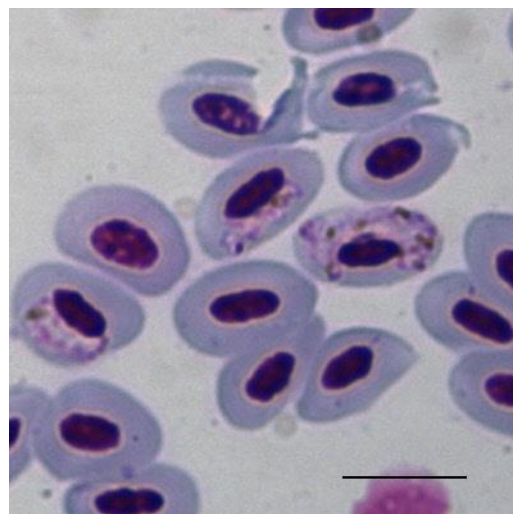
Ma คือ Macrogametocyte

NDR คือ ค่าสัดส่วนการกระจายของนิวเคลียสเซลล์ตัวให้อาศัย

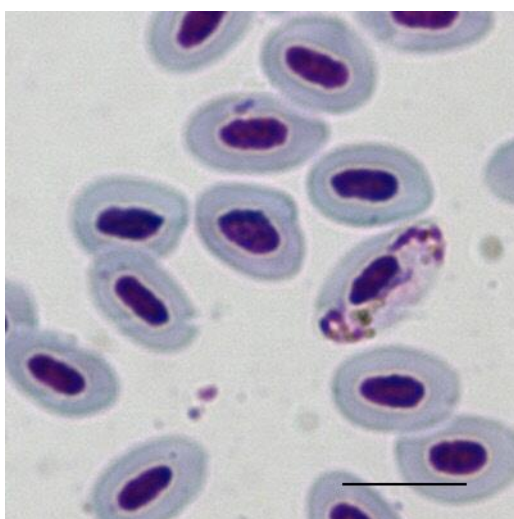
HPC คือ พื้นที่ทับซ้อนระหว่างตัวให้อาศัยและปรสิต (host-parasite complex)



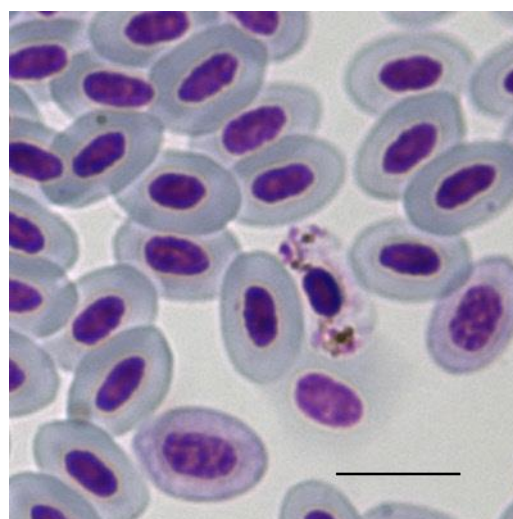
7.1



7.2

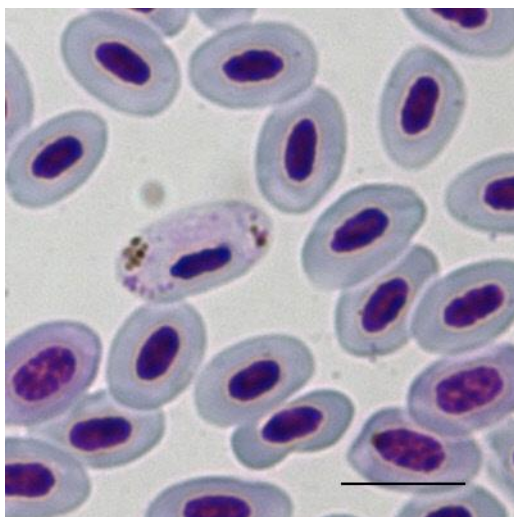


7.3

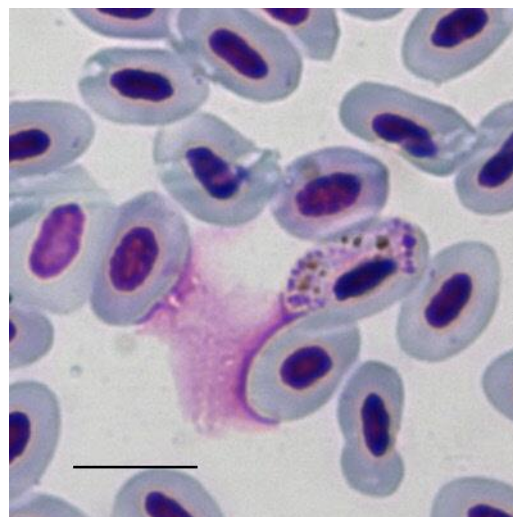


7.4

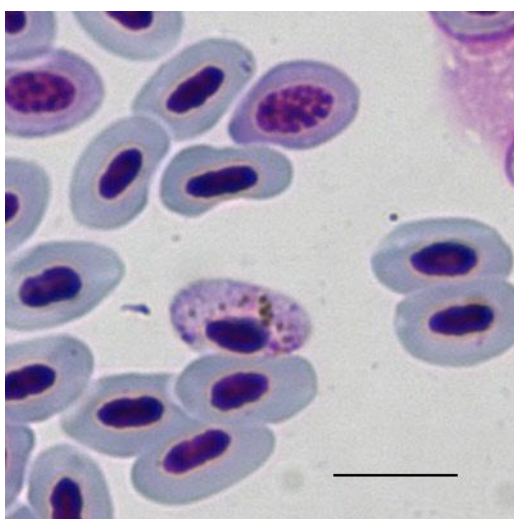
ภาพที่ 7 Gametocytes ของปรสิตโปรโตซัว *Haemoproteus otocompsae* ในเลือดนกปรอดสวน (*Pycnonotus blanfordi*) ภาพที่ 7.1 และ 7.2 แสดงลักษณะ immature gametocytes ลักษณะขอบเซลล์ปรสิตแสดงลักษณะคล้ายอมิบาอย่างชัดเจน ภาพที่ 7.3 และ 7.4 แสดง macrogametocytes ที่สามารถสังเกตเห็นแกรนูลสีน้ำตาลเหลืองที่กระจายทั้งสองด้านของไซโตพลาซึม ขอบเซลล์ยังคงแสดงลักษณะคล้ายอมิบา (scale bar = 10 μ m)



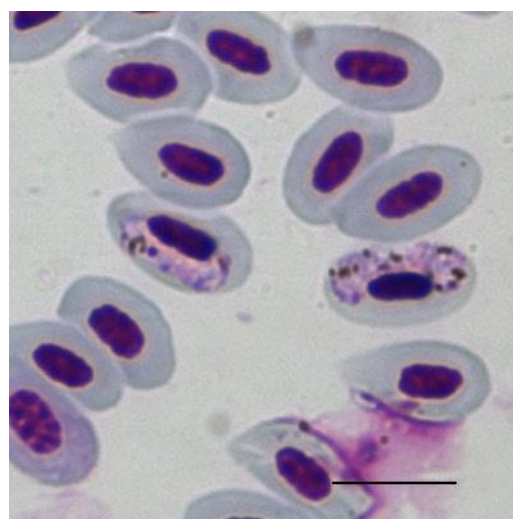
8.1



8.2



8.3



8.4

ภาพที่ 8 Gametocytes ของ *Haemoproteus otocompsae* ในเลือดนกปรอดสวน (*Pycnonotus blanfordi*) ภาพที่ 8.1 และ แสดง magametocytes ภาพที่ 8.2 8.3 และ 8.4 แสดง microgametocytes ที่สามารถสังเกตเห็นแกรนูลสีน้ำตาลเหลืองที่กระจายทั่วไปภายในไซโตพลาซึมและขอบเซลล์ยังคงแสดงลักษณะคล้ายยอมีบา (scale bar = 10 μ m)

1.5 *Haemoproteus sanguinis* Chakravarty and Kar, 1945

ชนิดตัวให้อาศัยมีกระดูกสันหลังต้นแบบ (type vertebrate host):

Pycnonotus jocosus (L.), Passeriformes

ตัวให้อาศัยมีกระดูกสันหลังที่ทำการศึกษา (investigational vertebrate host):

ปรอดหน้าवल (*Pycnonotus goiavier*)

แหล่งที่พบปรสิตต้นแบบ (type locality):

Malim (Baedez), ประเทศอินเดีย

ระยะ immature gametocyte; ในการศึกษาครั้งนี้ไม่พบระยะเริ่มการติดเชื้อในเซลล์เม็ดเลือดแดงของตัวให้อาศัย แต่พบปรสิตในระยะที่มีการเจริญไปเป็น gametocyte ที่ยังเจริญไม่เต็มที่ (ภาพที่ 9) โดยมีรูปร่างแบบ microhalteridial haemoproteid ด้านหนึ่งของปรสิตแนบชิดกับนิวเคลียสของเม็ดเลือดแดง เยื่อหุ้มเซลล์ปรสิตด้านตรงกันข้ามไว้ จากการเจริญของปรสิตไปทางปลายทั้งสองด้านของเซลล์ปรสิตไปตามแนวขั้วเซลล์ของเม็ดเลือดแดง ทำให้สังเกตเห็นปรสิตในระยะ immature gametocyte มีลักษณะเว้าตรงกลางปลายทั้งสองด้านมีความกว้างมากกว่า หรือมีลักษณะคล้ายหมอน (pillow shape) พบเม็ดสีในระยะนี้อย่างชัดเจน เม็ดสีมีลักษณะกลมรี คีดสีน้ำเงินเข้ม กระจายทั่วทั้งไซโตพลาซึม และตามแนวการเจริญของเซลล์ปรสิต ขอบเขตเซลล์เห็นชัดเจน การเจริญขยายขนาดของปรสิตเป็นแบบ immature amoeboid ที่บริเวณตอนปลายของเซลล์ทั้งสองด้านของปรสิต พร้อมพัฒนารูปร่างไปเป็น halteridial haemoproteid ในระยะ microgametocyte และ macrogametocyte (ภาพที่ 10) ต่อไป

Macrogametocyte; เมื่อการเจริญของ immature gametocyte พัฒนามาเป็น macrogametocyte ปรสิตมีพื้นที่ในเซลล์เม็ดเลือดแดงร้อยละ 56.93 ของพื้นที่ช่องว่างระหว่างปรสิตและเซลล์เม็ดเลือดแดงของตัวให้อาศัย (พื้นที่ของเซลล์ปรสิต และพื้นที่ช่องว่างระหว่างปรสิตและเซลล์ตัวให้อาศัยมีค่าเฉลี่ยเท่ากับ 58.83 ± 3.56 และ 68.71 ± 4.52 ตารางไมโครเมตร ตามลำดับ) (ตารางที่ 5) จัดเป็นปรสิต haemoproteid ที่มีขนาดกลาง และมีรูปร่างแบบ halteridial haemoproteid อย่างสมบูรณ์ เซลล์ปรสิตเข้าโอบล้อมนิวเคลียสของเซลล์เม็ดเลือดแดง แต่ไม่หุ้มจนหมด ขอบเขตปรสิตสามารถเห็นลักษณะคล้ายอิมบาที่ขั้วนิวเคลียสของเซลล์เม็ดเลือดแดงเพียงเล็กน้อยจนถึงเห็น

ขอบอย่างชัดเจน ยังสามารถสังเกตเห็นเพียงนิวเคลียสและไซโตพลาซึมทางด้านตรงข้ามกับด้านที่มี
 ปรสิตอยู่ เม็ดสี hemozoin ที่สร้างโดยปรสิตมีลักษณะกลมขนาดเพิ่มมากขึ้นจากที่พบใน immature
 gametocyte ดิสสีน้ำตาลเข้มปนเหลือง จำนวน 8 ถึง 12 เม็ด พบเม็ดสีกระจายอยู่ทั่วไปในไซโตพลา
 ซึมที่ดิสสีจาง (pale) มากๆ เมื่อเทียบกับไซโตพลาซึมของเซลล์เม็ดเลือดแดงของผู้อาศัย อาจใช้เม็ด
 สีและการดิสสีจางของเซลล์ปรสิตเป็นตำแหน่งอ้างอิงขอบเขตของเซลล์ปรสิตได้ ส่วนนิวเคลียส
 ของปรสิตดิสสีชมพู สามารถสังเกตเห็นขอบเขตของนิวเคลียสปรสิตได้ มีรูปร่างลักษณะกลมรี อยู่
 ทางข้างของขั้วเซลล์ของตัวให้อาศัย การเจริญของปรสิตทำให้นิวเคลียสของเม็ดเลือดแดงถูกเบียด
 ออกจากตำแหน่งปกติที่สามารถสังเกตเห็นได้ยาก จากค่าเฉลี่ยของสัดส่วนการกระจายของนิวเคลียสของ
 เซลล์เม็ดเลือดแดงของปรสิตเท่ากับ 0.74 ± 0.19 แต่ปรสิตยังไม่ส่งผลกระทบต่อเม็ดเลือดแดงทางด้านกว้าง
 แต่เม็ดเลือดแดงที่ติดเชื้อปรสิตมีความยาว และพื้นที่ของเม็ดเลือดแดงมากกว่าเซลล์เม็ดเลือดแดง
 ปกติอย่างมีนัยสำคัญ ส่วนผลกระทบต่อนิวเคลียสเม็ดเลือดแดงของปรสิตคือทำให้เม็ดเลือดแดงมี
 พื้นที่ลดลงอย่างมีนัยสำคัญคิดเป็นร้อยละ 15.19

Microgametocyte; ปรสิตมีรูปร่างลักษณะคล้ายคลึงกับ macrogametocyte กันอย่างมาก
 ทั้งรูปร่างลักษณะ ผลกระทบต่อเซลล์ตัวให้อาศัย มีเพียงการดิสสีที่เข้มกว่า และมีขนาดของ
 นิวเคลียสที่แตกต่างกัน และรูปร่างของ microgametocyte จะจัดอยู่ในกลุ่ม halteridial haemoproteid
 พบว่าปลายทั้งสองด้านของปรสิตเจริญหุ้มนิวเคลียสของเซลล์เม็ดเลือดแดงทั้งสองขั้วของนิวเคลียส
 ผลกระทบต่อการเจริญของปรสิตทำให้นิวเคลียสตัวให้อาศัยพบการกระจายที่สามารถสังเกตเห็นได้
 ชัด แม้ค่าสัดส่วนการกระจายของนิวเคลียสระหว่าง microgametocyte และ macrogametocyte ไม่
 ต่างกัน พบเม็ดสีที่มีลักษณะคล้ายคลึงกัน แต่เนื่องจากพื้นที่ของไซโตพลาซึมของ microgametocyte
 มีค่ามากกว่า ทำให้เม็ดสีมีการกระจายตัวมากกว่า พบทั่วไปภายในไซโตพลาซึม แม้การดิสสีของไซ
 โตพลาซึมจะมากกว่าใน macrogametocyte แต่ยังคงจัดว่ามีการดิสสีจาง ส่วนผลต่อเม็ดเลือดแดงที่มี
 การติดเชื้อโดยปรสิตชนิดนี้ ไม่พบความแตกต่างในทางสถิติ เป็นที่น่าสังเกตว่าปรสิต
 macrogametocyte และ microgametocyte ไม่พบเม็ดสี volutin ภายใน gametocyte

ปรสิตที่พบในนกวงศ์ Pycnonotidae ในการศึกษาครั้งนี้ ปรสิตโปรโตซัวในสกุล
Haemoproteus พบถึง 2 ชนิด จึงเปรียบเทียบลักษณะของปรสิตทั้ง 2 ชนิดนี้ ทั้งลักษณะทางกายภาพ

ของปริสิต ผลกระทบต่อเซลล์ตัวให้อาศัย และค่าร้อยละของการบวม พื้นที่ของปริสิตในเซลล์ที่ติด
เชื้อ และพื้นที่ของนิวเคลียสปริสิตเมื่อเทียบกับเซลล์ปริสิต ดังรายละเอียดในตารางที่ 6

ตารางที่ 5 เปรียบเทียบ morphometric parameter ของเซลล์เม็ดเลือดแดงปกติและเม็ดเลือดแดงที่มีการติดเชื้อและ morphometric parameter ของ *Haemoproteus sanguinis* ในนกปรอดหน้านวล (*Pycnonotus goiavier*) (ค่าเฉลี่ยมีหน่วยเป็นไมโครเมตร หรือ ตารางไมโครเมตร และส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน)

Morphometric parameter	Measurement (μm)			P-value		
	RBC	Infected RBC		RBC*/Ma*	RBC*/Mi*	Ma*/Mi*
		Ma*	Mi*			
	10	10	2			
RBC* length	10.59±0.60	11.82±0.57	11.74±0.88	0.00	0.04	0.87
RBC* width	6.62±0.26	6.71±0.48	6.80±0.11	0.63	0.38	0.80
Area of RBC*	55.19±3.53	-	-	0.00	0.00	-
Area of HPC*	-	63.11±4.78	65.05±1.58	-	-	0.60
RBC* nucleus length	5.63±0.45	5.47±0.35	6.02±0.64	0.36	0.32	0.10
RBC* nucleus width	2.59±0.18	2.40±0.32	2.45±0.13	0.12	0.32	0.84
Area of RBC* nucleus	12.06±1.56	10.47±0.76	11.67±1.50	0.01	0.75	0.10
Parasite length	-	10.95±0.67	10.00±0.95	-	-	0.11
Parasite width	-	2.81±0.33	2.74±0.14	-	-	0.77
Area of Parasite	-	35.93±4.06	25.47±1.92	-	-	0.01
Parasite nucleus length	-	3.87±0.51	2.68±0.14	-	-	0.01
Parasite nucleus width	-	2.15±0.35	2.04±0.06	-	-	0.69
Area of nucleus Parasite	-	6.38±1.12	3.67±0.01	-	-	0.01
NDR*	-	0.74±0.16	0.85±0.06	-	-	0.37

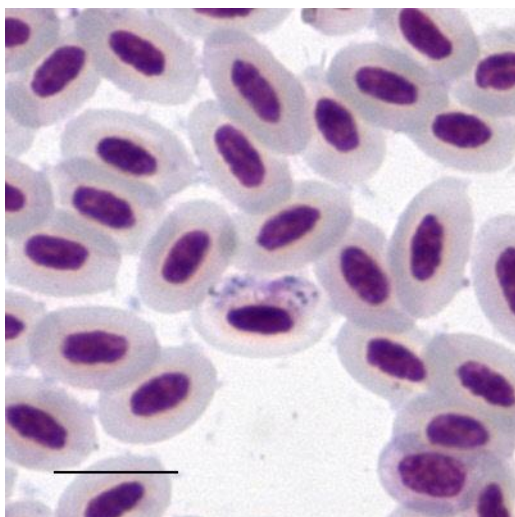
หมายเหตุ* RBC คือ เม็ดเลือดแดง

Mi คือ Microgametocyte

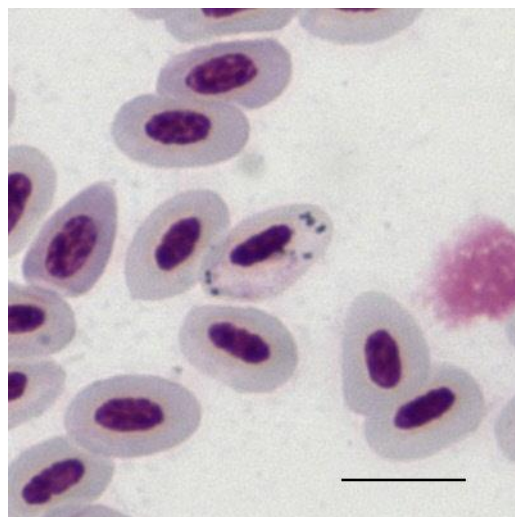
Ma คือ Macrogametocyte

NDR คือ ค่าสัดส่วนการกระจายของนิวเคลียสเซลล์ตัวให้อาศัย

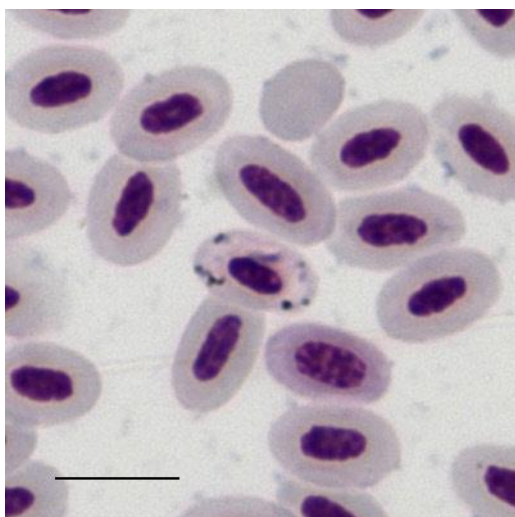
HPC คือ พื้นที่ทับซ้อนระหว่างตัวให้อาศัยและปรสิต (host-parasite complex)



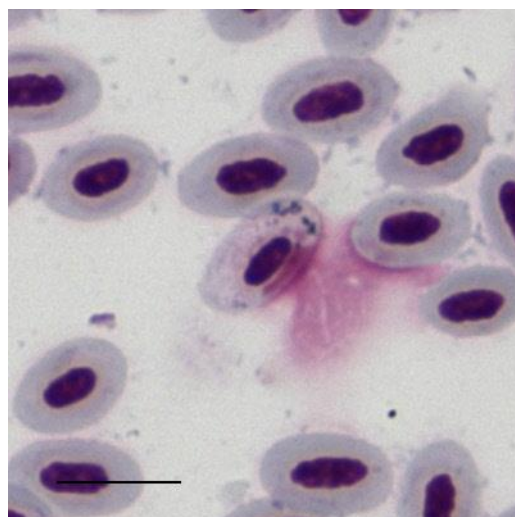
9.1



9.2

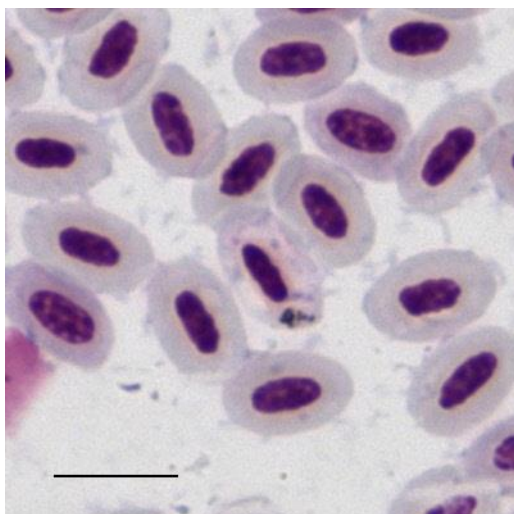


9.3

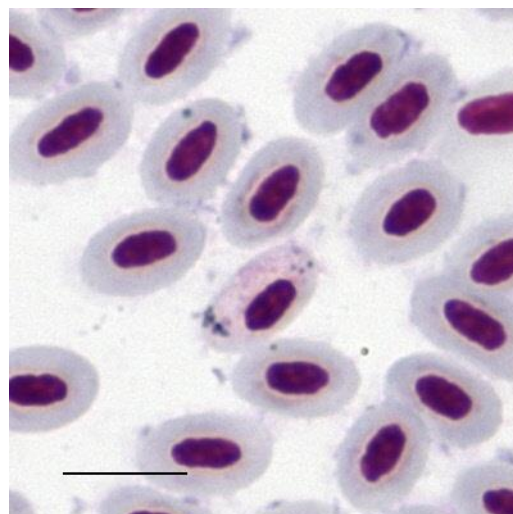


9.4

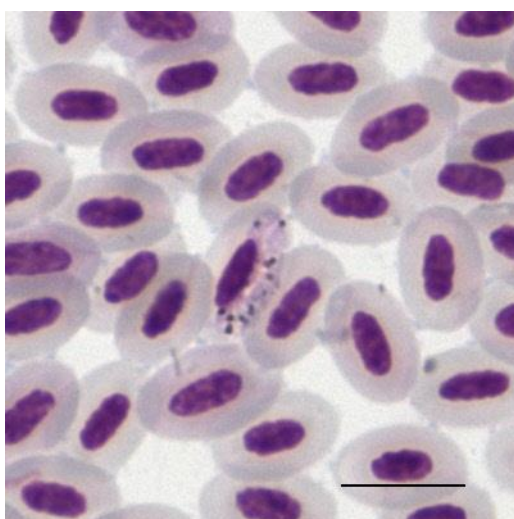
ภาพที่ 9 Gametocytes ของ *Haemoproteus sanguinis* ในเลือดนกปรอดหน้าवल (*Pycnonotus goiavier*) ภาพที่ 9.1 แสดงลักษณะ immature gametocytes ลักษณะขอบเซลล์ประสีดแสดงลักษณะ โกงมนและเรียบ ภาพที่ 9.2 9.3 และ 9.4 แสดง macrogametocytes เมื่อเจริญเต็มที่จะทำให้นิวเคลียสของเซลล์เม็ดเลือดแดงมีการกระจัดออกจากตำแหน่งปกติอย่างชัดเจน (scale bar = 10 μ m)



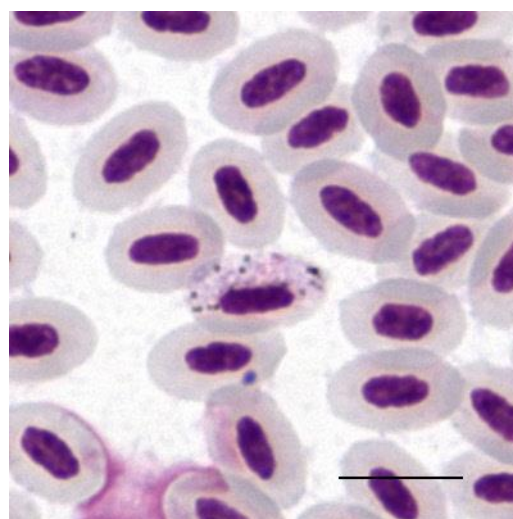
10.1



10.2



10.3



10.4

ภาพที่ 10 Gametocytes ของ *Haemoproteus sanguinis* ในเลือดนกปรอดหน้าขาว (*Pycnonotus goiavier*) ภาพที่ 10.1 และ 10.2 แสดงลักษณะ macrogametocytes นิวเคลียสขนาดใหญ่ เม็ดสีถูกเปิดไปอยู่ขอบเซลล์ที่สามารถสังเกตได้ชัดเจน ภาพที่ 10.3 และ 10.4 แสดง microgametocytes เม็ดสีกระจายอยู่ทั่วไป ต่างจาก macrogametocyte อย่างชัดเจน (scale bar = 10 μ m)

ตารางที่ 6 เปรียบเทียบ morphometric parameter และค่าร้อยละของปรสิต *Haemoproteus sanguinis* และ *H. otocompsae* ของนกสกุล *Pycnonotus* (ค่าเฉลี่ยมีหน่วยเป็น ไมโครเมตร หรือ ตารางไมโครเมตร และส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน ค่าร้อยละ แสดงค่าของ macrogametocyte และ microgametocyte)

Characteristic comparison	<i>H. sanguinis</i>	<i>H. otocompsae</i>	P-value
RBC* length	11.80±0.58	12.48±0.65	0.01
RBC* width	6.72±0.44	6.81±0.45	0.58
Area of RBC*	63.43±4.41	68.32±5.74	0.02
Area of HPC*	5.56±0.43	5.55±0.41	0.95
RBC* nucleus length	2.41±0.29	2.81±0.26	0.00
RBC* nucleus width	10.67±0.95	12.23±1.26	0.00
Area of RBC* nucleus	10.80±0.77	11.63±0.67	0.00
Parasite length	2.80±0.30	2.51±0.55	0.10
Parasite width	34.18±5.52	37.72±4.50	0.06
Area of Parasite	3.67±0.66	5.16±1.83	0.01
Parasite nucleus length	2.13±0.32	2.05±0.40	0.56
Parasite nucleus width	5.93±1.46	9.53±4.66	0.01
Area of nucleus Parasite	0.76±0.15	0.74±0.18	0.81
NDR*	11.80±0.58	12.48±0.65	0.01
% hypertrophied/atrophied			
RBC	14.35/17.87	16.79/15.47	-
Host nucleus	-15.19/-3.34	1.39/1.55	-
% Parasite of HPC	56.93/39.15	55.93/54.48	-
% Nucleus of Parasite	17.76/14.41	34.35/15.86	-

หมายเหตุ* RBC คือ เม็ดเลือดแดง

NDR คือ ค่าสัดส่วนการกระจายของนิวเคลียสเซลล์ตัวให้อาศัย

HPC คือ พื้นที่ทับซ้อนระหว่างตัวให้อาศัยและปรสิต (host-parasite complex)

1.6 *Haemoproteus payevskyi* Valkiunas, Iezhova and Chernetsov, 1994

ชนิดตัวให้อาศัยมีกระดูกสันหลังต้นแบบ (type vertebrate host):

Acrocephalus scirpaceus (Hermann), Passeriformes

ตัวให้อาศัยมีกระดูกสันหลังที่ทำการศึกษา (investigational vertebrate host):

นกพงใหญ่พันธุ์ญี่ปุ่น (*Acrocephalus orientalis*)

แหล่งที่พบปรสิตต้นแบบ (type locality):

The curonian Spit in the Baltic Sea (55°05'N, 20°44'E)

ระยะ immature gametocyte; การติดเชื้อปรสิตเริ่มรุกรานเม็ดเลือดแดงบริเวณกลางเซลล์ การเจริญของปรสิตเริ่มหลังจากที่ปรสิตเข้าไปชิดที่เยื่อหุ้มนิวเคลียสของเม็ดเลือดแดง ในระยะแรกของการเจริญมีรูปร่างกลม ไซโตพลาซึมติดสีจาง ขอบเรียบ โค้งมน สังกะสีจากการติดสีเข้มของไซโตพลาซึมเม็ดเลือดแดง ภายในไซโตพลาซึมยังพบเม็ดสี Hemozoin สีน้ำตาลเข้มขนาดใหญ่สังเกตเห็นได้อย่างชัดเจนเกาะกลุ่มข้างนิวเคลียสของปรสิต และกระจายภายในไซโตพลาซึม (ภาพที่ 11) นิวเคลียสปรสิตมีรูปร่างกลม ติดสีชมพูจาง ระยะต่อมาไซโตพลาซึมเจริญขยายขนาดไปทางขั้วของนิวเคลียสตัวให้อาศัย ขอบเซลล์ปรากฏรูปร่างคล้ายอมีบาเพียงเล็กน้อย (immature amoeboid) ทั้งสองด้านของปลายเซลล์ปรสิต และติดสีเข้มกว่าบริเวณกลางเซลล์ปรสิต การสร้างเม็ดสีเพิ่มมากขึ้น แต่ยังคงลักษณะกลมและสีน้ำตาลเข้มเช่นเดิม กระจายภายในไซโตพลาซึมและโดยรอบนิวเคลียส พบว่าเม็ดสีมีการกระจายแตกต่างกัน เนื่องจากตำแหน่งของนิวเคลียสที่อยู่เยื้องไปทางปลายเซลล์ปรสิต ทำให้ด้านตรงข้ามมีเม็ดสีหนาแน่นกว่า สามารถแยก macrogamete และ microgamete ได้ในระยะนี้ จากการติดสีเข้มของไซโตพลาซึมที่แตกต่างกัน

Macrogametocyte; ปรสิตติดสีจางมาก ไซโตพลาซึมติดสีม่วงแกมน้ำเงิน บริเวณขอบเซลล์ติดสีเข้มกว่าบริเวณกลางเซลล์ (ภาพที่ 12) ปรสิตที่เจริญเต็มที่พบเซลล์มีลักษณะปล่องบวม จนทำให้รูปร่างของเซลล์ปรสิต เกือบเต็มพื้นที่ของเซลล์เม็ดเลือดแดงของตัวให้อาศัย โดยเฉลี่ยพื้นที่คิดเป็นร้อยละ 54.40 ของพื้นที่ทับซ้อนระหว่างปรสิตและเซลล์เม็ดเลือดแดง (ตารางที่ 7) โดยที่ปรสิตมีพื้นที่ถึง 40.30 ± 9.08 ตารางไมโครเมตร และยังส่งผลให้เซลล์เม็ดเลือดแดงบวมขึ้น โดยเฉลี่ยร้อยละ 22.59 ทำให้ขนาดของเซลล์เม็ดเลือดแดงที่ติดเชื้อและเซลล์ปกติแตกต่างกันในทาง

สถิติ เช่นเดียวกับค่าความกว้างและความยาวของเซลล์เม็ดเลือดแดง โดยค่าเฉลี่ยของความยาว ความกว้าง และพื้นที่ทับซ้อนของปรสิตในเม็ดเลือดแดงมีค่าเท่ากับ 12.41 ± 0.73 , 7.60 ± 1.43 ไมโครเมตร และ 74.08 ± 10.70 ตารางไมโครเมตร ในขณะที่ค่าเฉลี่ยดังกล่าวของเซลล์เม็ดเลือดแดงปกติมีค่าเท่ากับ 11.09 ± 0.70 , 6.61 ± 1.43 ไมโครเมตร และ 57.77 ± 5.18 ตารางไมโครเมตร ตามลำดับ แต่ปรสิตไม่มีผลต่อนิวเคลียสของเม็ดเลือดแดงทั้งความกว้าง ความยาว และพื้นที่ของนิวเคลียสเม็ดเลือดแดง ลักษณะดังกล่าวเป็นลักษณะที่จำเพาะของปรสิตที่พบในครั้งนี้ แม้หากแบ่งรูปร่างของปรสิตจะยังคงอยู่ในกลุ่ม halteridial haemoproteid ก็ตาม พบเม็ดสีชนิด hemozoin ติดสีน้ำตาลเหลืองเข้ม รูปร่างกลม โดยประมาณมีจำนวน 13 ถึง 14 เม็ด กระจายภายในไซโตพลาซึมโดยเฉพาะบริเวณปลายเซลล์ปรสิต ที่บริเวณติดกับเยื่อหุ้มเซลล์ทั้งสองด้านของขั้วเซลล์เม็ดเลือดแดง และบริเวณไซโตพลาซึมที่อยู่ชิดกับรอยต่อกับเยื่อหุ้มนิวเคลียสของปรสิต เป็นจุดสังเกตสำหรับบอกรูปร่างลักษณะของนิวเคลียสปรสิต ที่มีรูปร่างกลมหรืออยู่บริเวณกึ่งกลางเซลล์ปรสิตทางด้านขั้วเซลล์เล็กน้อย แต่ยังคงอยู่ในแนวเดียวกับนิวเคลียสของเม็ดเลือดแดง ทำให้นิวเคลียสของเม็ดเลือดแดงถูกเบียดออกจากตำแหน่งปกติอย่างชัดเจนอยู่ห่างจากเยื่อหุ้มเซลล์เม็ดเลือดแดงเพียงเล็กน้อยเท่านั้น ค่าสัดส่วนการกระจัดนิวเคลียสเท่ากับ 0.65 ± 0.19

Microgametocyte; ปรสิตมีลักษณะไม่แตกต่างจาก macrogametocyte อย่างมีนัยสำคัญ จากข้อมูลการวัดขนาดทางกายภาพของปรสิต ทั้งตัวปรสิต และพยาธิสภาพที่เกิดขึ้นจากการติดเชื้อปรสิตในเม็ดเลือดแดงของตัวให้อาศัย (ดังตารางที่ 7) เว้นแต่ข้อมูลการวัดค่าของนิวเคลียสปรสิตที่มีขนาดเล็กกว่าในทางสถิติ เนื่องจากความแตกต่างทั้งความกว้างและความยาวของนิวเคลียสปรสิต นอกจากนี้การติดสีของไซโตพลาซึมของ microgametocyte มีสีน้ำตาลเข้ม สามารถสังเกตเห็นส่วนขอบเซลล์มีลักษณะคล้ายอัมบาเล็กน้อย (immature amoeboid) สิ่งที่น่าสังเกตอีกอย่างคือ การกระจายตัวของเม็ดสี ที่กระจายที่ปลายทั้งสองด้านของเซลล์ปรสิต แต่เนื่องจากนิวเคลียสที่มีรูปร่างกลมอยู่ด้านใดด้านหนึ่งที่บริเวณปลายนิวเคลียสของเม็ดเลือดแดง ทำให้เม็ดสีด้านที่ไม่มีนิวเคลียสมีความหนาแน่นมากกว่า นอกจากนี้ขนาดของเม็ดสีที่พบใน microgametocyte มีขนาดแตกต่างกัน เม็ดสีที่มีขนาดใหญ่จะมีจำนวนน้อยกว่าเม็ดสีขนาดเล็ก แต่โดยประมาณจำนวนเม็ดสีจะเท่ากับ 13 ถึง 15 เม็ด

ตารางที่ 7 เปรียบเทียบ morphometric parameter ของเซลล์เม็ดเลือดแดงปกติและเม็ดเลือดแดงที่มีการติดเชื้อ *Haemoproteus payevskyi* ในนกพงใหญ่พันธุ์ญี่ปุ่น (*Acrocephalus orientalis*) และนกพงกึ่งดำ (*A. bistriceps*) โดยเปรียบเทียบค่าการตรวจวัดลักษณะทางกายภาพทั้งเม็ดเลือดแดงปกติ เม็ดเลือดแดงที่มีการติดเชื้อ (ค่าเฉลี่ยมีหน่วยเป็นไมโครเมตร หรือตารางไมโครเมตร และส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน)

Morphometric parameter	Measurement (μm)			P-value		
	RBC	Infected RBC		RBC*/Ma*	RBC*/Mi*	Ma*/Mi*
		Ma*	Mi*			
n	40.00	16.00	23.00			
RBC* length	11.65 $\pm$ 0.86	12.41 $\pm$ 0.73	12.79 $\pm$ 0.75	0.00	0.00	0.12
RBC* width	6.57 $\pm$ 0.40	7.60 $\pm$ 1.43	7.24 $\pm$ 0.67	0.00	0.00	0.30
Area of RBC*	60.43 $\pm$ 5.42	-	-	0.00	0.00	-
Area of HPC*	-	74.08 $\pm$ 10.70	73.20 $\pm$ 8.52	-	-	0.78
RBC* nucleus length	5.88 $\pm$ 0.39	5.69 $\pm$ 0.38	5.85 $\pm$ 0.57	0.10	0.82	0.31
RBC* nucleus width	2.83 $\pm$ 0.29	3.05 $\pm$ 0.40	2.93 $\pm$ 0.30	0.03	0.24	0.27
Area of RBC* nucleus	13.55 $\pm$ 1.63	13.85 $\pm$ 1.57	13.71 $\pm$ 1.97	0.54	0.72	0.82
Parasite length	-	11.62 $\pm$ 0.77	11.74 $\pm$ 1.06	-	-	0.68
Parasite width	-	3.25 $\pm$ 1.35	2.85 $\pm$ 0.56	-	-	0.21
Area of Parasite	-	40.30 $\pm$ 9.08	39.33 $\pm$ 8.31	-	-	0.73
Parasite nucleus length	-	6.62 $\pm$ 1.38	3.39 $\pm$ 0.40	-	-	0.00
Parasite nucleus width	-	2.83 $\pm$ 1.09	2.33 $\pm$ 0.48	-	-	0.06
Area of nucleus Parasite	-	15.99 $\pm$ 6.09	6.00 $\pm$ 1.68	-	-	0.00
NDR*	-	0.65 $\pm$ 0.19	0.68 $\pm$ 0.11	-	-	0.49

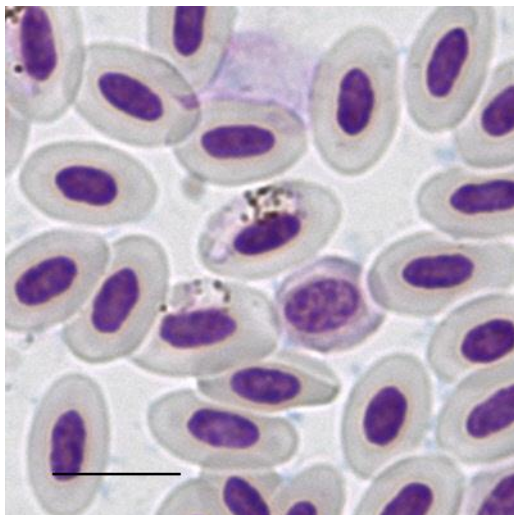
หมายเหตุ* RBC คือ เม็ดเลือดแดง

Mi คือ Microgametocyte

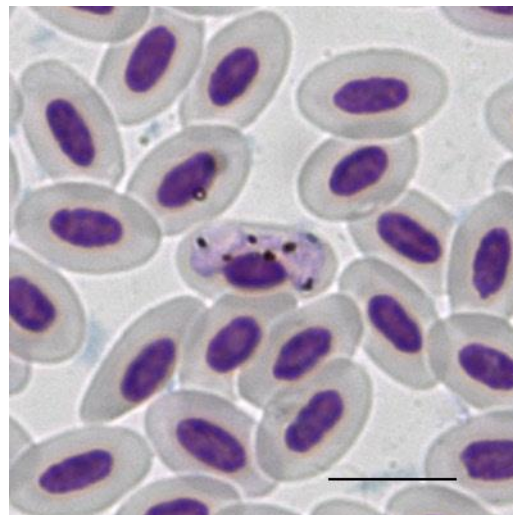
Ma คือ Macrogametocyte

NDR คือ ค่าสัดส่วนการกระจายของนิวเคลียสเซลล์ตัวให้อาศัย

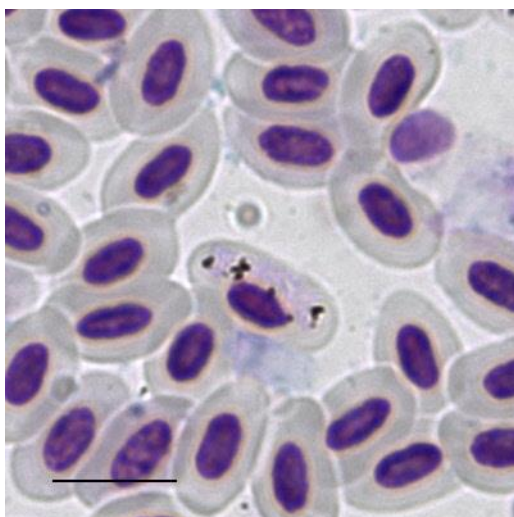
HPC คือ พื้นที่ทับซ้อนระหว่างตัวให้อาศัยและปรสิต (host-parasite complex)



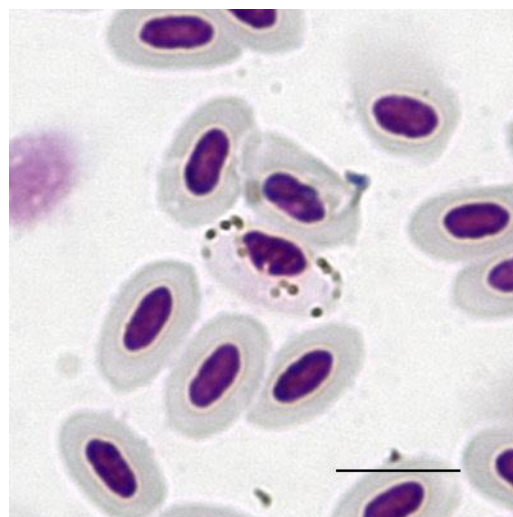
11.1



11.2

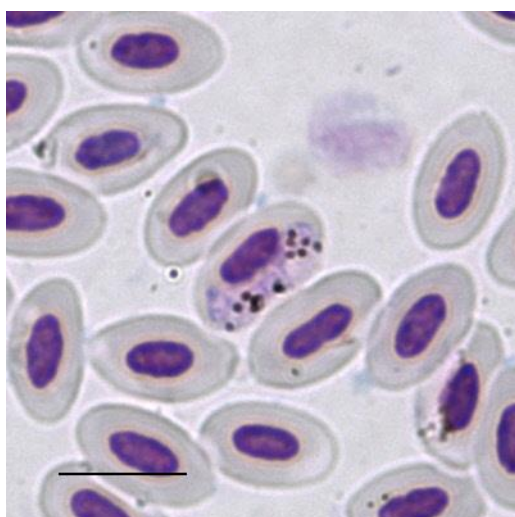


11.3

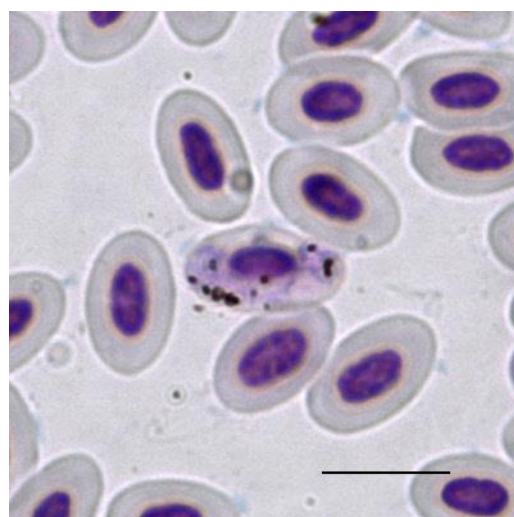


11.4

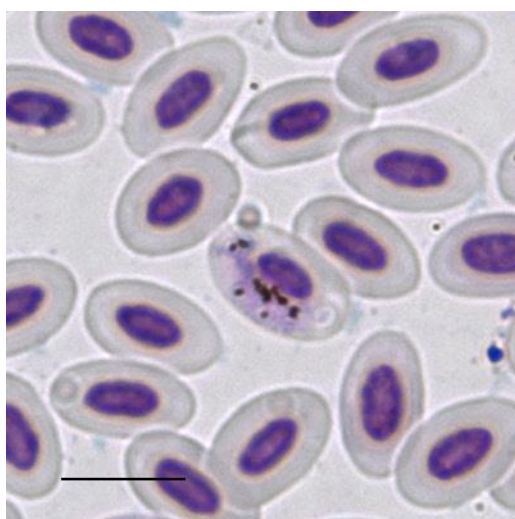
ภาพที่ 11 Gametocytes ของ *Haemoproteus payevskyi* ในเลือดนกพงใหญ่พันธุ์ญี่ปุ่น (*Acrocephalus orientalis*) จากบึงบอระเพ็ด จังหวัดนครสวรรค์ ภาพที่ 11.1 แสดงลักษณะ immature gametocytes พบเม็ดสี Hemozoin สีน้ำตาลเข้มขนาดใหญ่สังเกตเห็นได้อย่างชัดเจน ภาพที่ 11.2 11.3 และ 11.4 แสดงลักษณะ macrogametocytes พบการติดสีจาง แต่สามารถสังเกตเห็นเม็ดสีได้ชัดเจน (scale bar = 10 μ m)



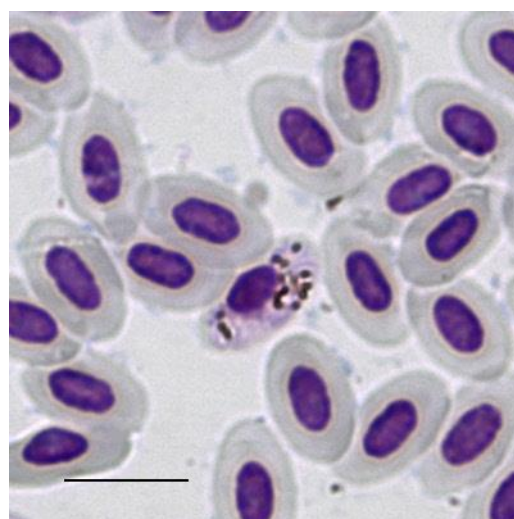
12.1



12.2



12.3



12.4

ภาพที่ 12 Gametocytes ของ *Haemoproteus payevskyi* ในเลือดนกพงใหญ่พันธุ์ญี่ปุ่น หรือ Oriental reed warbler (*Acrocephalus orientalis*) จากบึงบอระเพ็ด จังหวัดนครสวรรค์ ภาพที่ 12.1 ถึง 12.4 แสดงลักษณะ microgametocytes พบการติดสีของไซโตพลาซึมเข้มกว่า macrogametocytes อย่างชัดเจน (scale bar = 10 μ m)

1.7 *Haemoproteus passeris* Kruse, 1890

ชื่อพ้อง (synonym):

Laverania danilewskyi Grassi and Feletti, 1890;

Haemoproteus gymnorhidis Mello. 1935;

H. granulosum Rey Vila, 1945;

H. wenyoni Sergent and Sergent, 1948;

H. danilewskii var. *urbanensis* Sachs, 1953;

H. passeris Levine and Campbell 1971 (= *H. danilewskii* var. *urbanensis*; *H. granulosum*; *H. wenyoni* Ser. and Ser.)

H. zasukhini Burtkashvili, 1973;

H. passeris Peirce, 1976 (= *Laverania danilewskyi*);

H. passeris Bennett and Peirce, 1991 (= *H. gymnorhidis*; *H. zasukhini*)

ชนิดตัวให้อาศัยมีกระดูกสันหลังต้นแบบ (type vertebrate host):

Passer hispaniolensis (Temm.); Passeriformes.

ตัวให้อาศัยมีกระดูกสันหลังที่ทำการศึกษา (investigational vertebrate host):

นกกระจาบบรรณดา (*Ploceus philippinus* Linn.)

แหล่งที่พบปรสิตต้นแบบ (type locality):

Naples, ประเทศอิตาลี

ระยะ immature gametocyte; ไม่พบปรสิตในระยะแรกของการติดเชื้อ แต่พบเพียงปรสิตที่เจริญยังไม่เต็มที่ ปรสิตมีรูปร่างคล้ายในระยะที่มีการเจริญเต็มที่ การเจริญสามารถสังเกตเห็นได้ทั้งสองด้านของขั้วของนิวเคลียสของเซลล์ตัวให้อาศัย ขอบของเซลล์ในระยะนี้แสดงลักษณะคล้ายอัมบาทั้งสองด้านของการเจริญอย่างชัดเจน สามารถสังเกตเห็นนิวเคลียสของปรสิตที่ติดสีชมพู และมีรูปร่างกลมรี อยู่ใกล้กึ่งกลางตามแนวยาวของเซลล์เม็ดเลือดแดง ส่วนของไซโตพลาซึมติดสีน้ำเงินเข้ม สามารถแยกขอบเขตของปรสิตได้อย่างชัดเจน ในระยะนี้สามารถสังเกตการณ์สร้างเม็ดสี จำนวนไม่แน่นอน ขนาดเล็ก กลม กระจายอยู่ภายในไซโตพลาซึม แต่ไม่พบการสร้างแวคิวโอล

Macrogametocyte; ปริติขนาดกลางมีพื้นที่ร้อยละ 50.76 ของพื้นที่ทับซ้อนระหว่าง ปริติและเซลล์ตัวให้อาศัย มีรูปร่างลักษณะอยู่ในกลุ่ม halteridial haemoproteid ขอบเซลล์เห็นได้ ชัดเจน (entire) แต่ยังคงแสดงลักษณะคล้ายอมีบา (amoeboid) ให้เห็นได้ ทั้งสองข้างของขั้ว นิวเคลียสของตัวให้อาศัย จึงเห็นขอบเซลล์ปริติไม่ชัดเจน พบนิวเคลียสปริติติดสีชมพู ความยาว ใกล้เคียงกับความยาวของนิวเคลียสตัวให้อาศัยและมีรูปร่างเป็นแท่งขนาดใหญ่ลักษณะคล้ายไส้กรอก (sausage-shape) (ภาพที่ 13) สามารถสังเกตเห็นได้อย่างชัดเจน อยู่ที่กึ่งกลางของเซลล์ปริติ ไซ โทพลาซึมติดสีชมพูม่วงจาง อยู่ชิดและล้อมรอบนิวเคลียสของเม็ดเลือดแดง ทำให้ลักษณะที่ สังเกตเห็น คล้ายนิวเคลียสของเม็ดเลือดแดงจมเข้าไปภายในหรือถูกห่อหุ้มด้วยเซลล์ของปริติ (nucleophilic) จนถึงขั้วของนิวเคลียสของตัวให้อาศัยทั้งสองด้าน แต่ไม่ถึงกับห่อหุ้มจนตลอดทั้งขั้ว ของนิวเคลียส แต่ส่วนของไซโทพลาซึมอาจเจริญยื่นเข้าไปในไซโทพลาซึมของเม็ดเลือดแดงใน ด้านตรงข้ามกับการเจริญของปริติ ภายในไซโทพลาซึมของปริติพบเม็ดสีทั้ง hemozoin ติดสี น้ำตาลเหลือง ขนาดแตกต่างกันไม่เท่ากันและเห็นได้ชัดเจน จำนวนเม็ดสีอยู่ระหว่าง 8-13 เม็ด มีรูปร่าง ลักษณะกลมรี กระจายทั่วไป ไม่พบเม็ดสี volutin ในปริตินี้ โดยเฉพาะบริเวณขอบเซลล์และ โดรอบนิวเคลียสของปริติ บางเซลล์พบการรวมกลุ่มของเม็ดสีอยู่ที่ปลายด้านใดด้านหนึ่งของ ปริติ ภายในไซโทพลาซึมไม่พบแวคิวโอล ค่าสัดส่วนพื้นที่ของนิวเคลียสของปริติมีขนาดใหญ่มี คิดเป็นพื้นที่ร้อยละ 35.67 ของเซลล์ปริติ และอยู่ในแนวราบเดียวกับนิวเคลียสของเซลล์ตัวให้อาศัยเป็นผลให้นิวเคลียสตัวให้อาศัยที่ติดเชื้อปริตินี้ถูกเบียดออกจากตำแหน่งปกติเล็กน้อย แต่ สามารถสังเกตเห็นได้อย่างชัดเจน และจากค่าสัดส่วนการกระจายของนิวเคลียสเม็ดเลือดแดง (NDR) โดยปริติมีค่าประมาณ 0.54 ± 0.21 และเซลล์ปริติมีพื้นที่คิดเป็น 50.76 ของเซลล์เม็ดเลือดแดงที่มีการติดเชื้อมีจึงส่งผลกระทบต่อเซลล์เม็ดเลือดแดง โดยเซลล์ที่ติดเชื้อมีการบวมขึ้นคิดเป็นร้อยละ 19.20 ของเซลล์เม็ดเลือดแดงปกติ โดยขนาดของพื้นที่ของเซลล์ตัวให้อาศัยเพิ่มขึ้นอย่างมีนัยสำคัญ จากค่าเฉลี่ยที่เพิ่มขึ้นทั้งความยาว ความกว้าง และพื้นที่ของเม็ดเลือดแดงที่ติดเชื้อชนิด macrogamete นี้ เมื่อเทียบกับเซลล์เม็ดเลือดแดงปกติ (ตารางที่ 8) ส่วนนิวเคลียสของเม็ดเลือดแดงที่ติดเชื้อปริตินี้ มีขนาดเล็กลงจากการฝ่อ (atrophied) คิดเป็นร้อยละ 2.13 ของนิวเคลียสเซลล์ตัวให้อาศัยที่ไม่ติด เชื้อ

Microgametocyte; ปริติชนิดนี้ แสดงลักษณะที่แตกต่างกันระหว่าง macrogamete และ microgamete แม้ขนาดของรูปร่างของปริติ และผลต่อเซลล์ตัวให้อาศัยไม่แตกต่างจาก

macrogametocyte แต่ microgametocyte ติดสีน้ำเงินม่วงเข้มแตกต่างจาก macrogametocyte อย่างชัดเจน นิวเคลียสของปรสิตติดสีชมพูสว่าง อยู่ชิดกับเยื่อหุ้มเซลล์เม็ดเลือดแดง ในแนวเดียวกับหัวของนิวเคลียสเม็ดเลือดแดง มีรูปร่างกลมรีแต่ไม่เต็มวงในด้านที่ชิดกับเยื่อหุ้มเซลล์เม็ดเลือดแดง ขนาดเล็กกว่านิวเคลียสของ macrogametocyte อย่างชัดเจน (ภาพที่ 14) นิวเคลียสมีพื้นที่เพียงร้อยละ 16.51 ของเซลล์ปรสิตเท่านั้น ส่วนผลกระทบจากการติดเชื้อต่อเซลล์ตัวให้อาศัย microgametocyte ทำให้ตำแหน่งของนิวเคลียสเซลล์เม็ดเลือดแดงถูกเบียดออกจากตำแหน่งปกติ น้อยกว่า โดยค่าสัดส่วนการกระจายนิวเคลียสของปรสิตเท่ากับ 0.68 ± 0.16 และทำให้เซลล์เม็ดเลือดแดงมีการบวมมากขึ้นไม่แตกต่างกัน แต่พบว่า microgametocyte ไม่ส่งผลต่อการบวมต่อความกว้างของเม็ดเลือดแดงในทางสถิติ เซลล์เม็ดเลือดแดงที่ติดเชื้อปรสิต microgametocyte มีค่าเฉลี่ยของการบวมคิดเป็นร้อยละ 20.43 เท่านั้น แต่ microgametocyte ยังทำให้พื้นที่ของนิวเคลียสเม็ดเลือดแดงลดลงน้อยกว่าการติดเชื้ออย่างมีนัยสำคัญ เมื่อเทียบกับนิวเคลียสของตัวให้อาศัยที่ติดเชื้อ macrogametocyte โดยที่ทำให้นิวเคลียสมีพื้นที่ลดคิดเป็นร้อยละ 10.42 ของนิวเคลียสเซลล์เม็ดเลือดแดงปกติ

ตารางที่ 8 เปรียบเทียบ morphometric parameter ของเซลล์เม็ดเลือดแดงปกติและเม็ดเลือดแดงที่มีการติดเชื้อและ morphometric parameter ของ *Haemoproteus passeris* ในนกกระจาบธรรมดา (*Ploceus philippinus*) โดยการวัดเม็ดเลือดแดงปกติ เม็ดเลือดแดงที่มีการติดเชื้อจำนวน 10 เม็ดเลือดแดงของแต่ละชนิด (ค่าเฉลี่ยมีหน่วยเป็นไมโครเมตร หรือตารางไมโครเมตร และส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน)

Morphometric parameter	Measurement (μm)			P-value		
	RBC	Infected RBC		RBC*/Ma*	RBC*/Mi*	Ma*/Mi*
		Ma*	Mi*			
	n=10	n=10	n=10			
RBC* length	11.37 $\pm$ 0.50	12.87 $\pm$ 0.44	12.84 $\pm$ 0.51	0.00	0.00	0.88
RBC* width	6.72 $\pm$ 0.36	7.16 $\pm$ 0.37	6.97 $\pm$ 0.51	0.02	0.23	0.35
Area of RBC*	60.79 $\pm$ 4.14	-	-	0.00	0.00	-
Area of HPC*	-	72.46 $\pm$ 4.05	73.09 $\pm$ 5.35	-	-	0.77
RBC* nucleus length	5.76 $\pm$ 0.53	5.69 $\pm$ 0.39	4.88 $\pm$ 1.39	0.75	0.08	0.10
RBC* nucleus width	2.81 $\pm$ 0.18	2.76 $\pm$ 0.17	2.76 $\pm$ 0.28	0.53	0.70	0.93
Area of RBC* nucleus	12.93 $\pm$ 1.33	12.66 $\pm$ 0.54	11.71 $\pm$ 0.68	0.56	0.02	0.00
Parasite length	-	11.69 $\pm$ 0.32	11.74 $\pm$ 0.50	-	-	0.78
Parasite width	-	2.84 $\pm$ 0.36	2.34 $\pm$ 0.42	-	-	0.01
Area of Parasite	-	36.78 $\pm$ 1.79	37.43 $\pm$ 4.11	-	-	0.65
Parasite nucleus length	-	6.28 $\pm$ 0.85	3.23 $\pm$ 0.81	-	-	0.00
Parasite nucleus width	-	2.18 $\pm$ 0.35	2.45 $\pm$ 0.52	-	-	0.20
Area of nucleus Parasite	-	13.12 $\pm$ 2.57	6.18 $\pm$ 1.46	-	-	0.00
NDR*	-	0.54 $\pm$ 0.21	0.68 $\pm$ 0.16	-	-	0.13

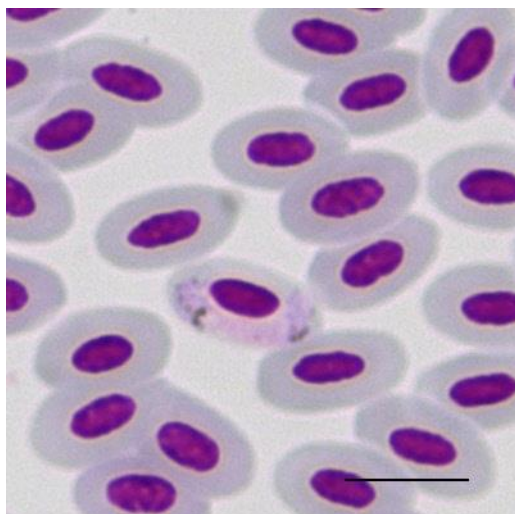
หมายเหตุ* RBC คือ เม็ดเลือดแดง

Mi คือ Microgametocyte

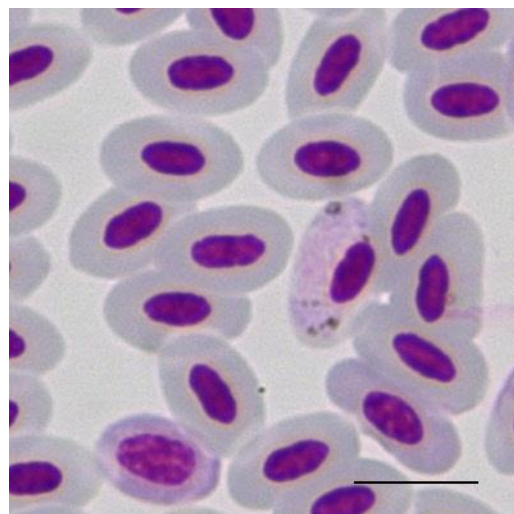
Ma คือ Macrogametocyte

NDR คือ ค่าสัดส่วนการกระจายของนิวเคลียสเซลล์ตัวให้อาศัย

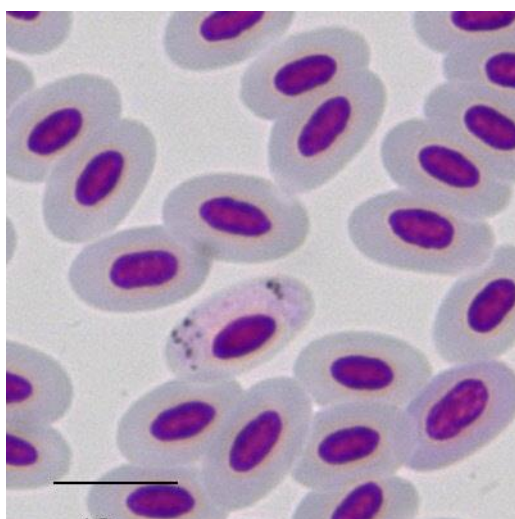
HPC คือ พื้นที่ทับซ้อนระหว่างตัวให้อาศัยและปรสิต (host-parasite complex)



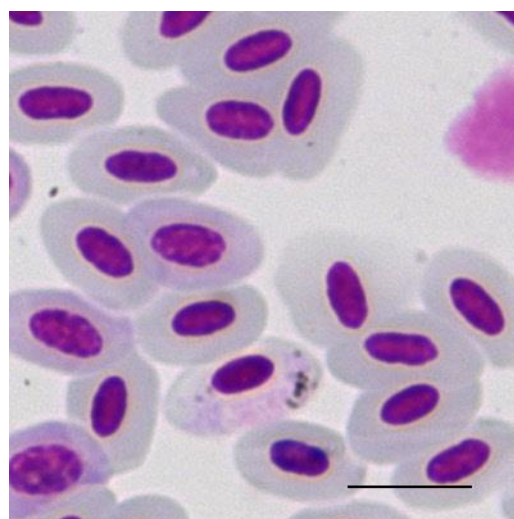
13.1



13.2

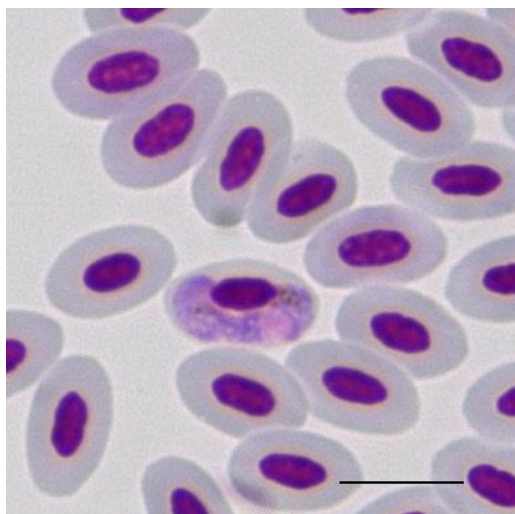


13.3

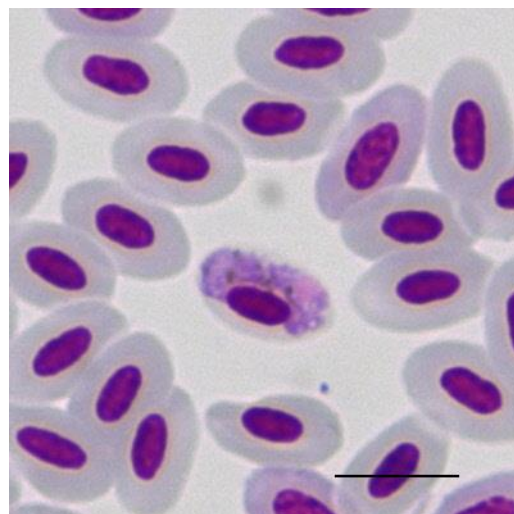


13.4

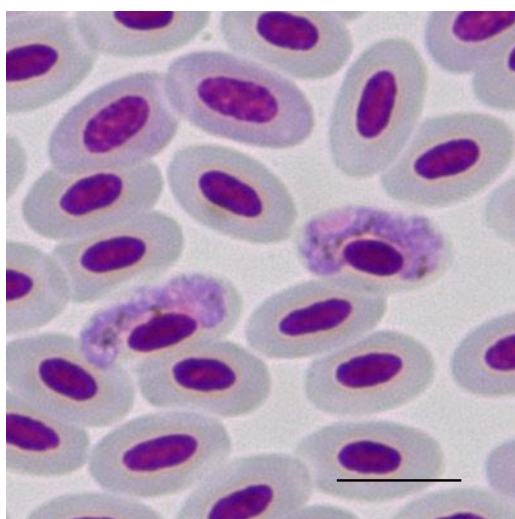
ภาพที่ 13 Gametocytes ของ *Haemoproteus passeris* ในเลือดนกกระจาบบรรณดา (*Ploceus philippinus* Linn.) วงศ์ Estrildidae จากบึงบอระเพ็ด จังหวัดนครสวรรค์ ภาพที่ 13.1 ถึง 13.4 แสดงลักษณะ macrogametocytes พบนิวเคลียสปรกติติดสีชมพู และมีรูปร่างเป็นแท่งขนาดใหญ่ลักษณะคล้ายไส้กรอก (scale bar = 10 μ m)



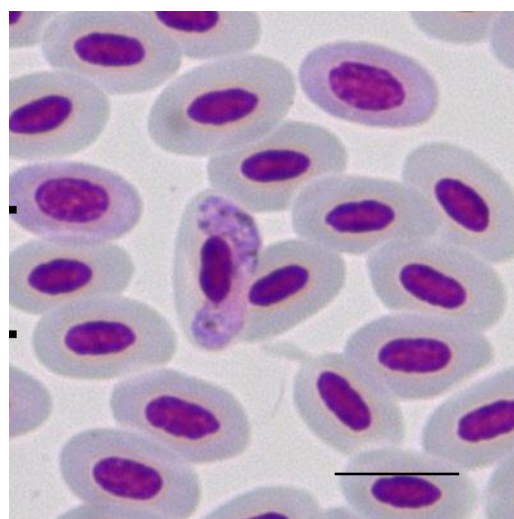
14.1



14.2



14.3



14.4

ภาพที่ 14 Gametocytes ของ *Haemoproteus passeris* ในเลือดนกกระจาบธรรมดา (*Ploceus philippinus* Linn.) วงศ์ Estrildidae จากบึงบอระเพ็ด จังหวัดนครสวรรค์ ภาพที่ 14.1 ถึง 14.4 แสดงลักษณะ microgametocytes ติดสีน้ำเงินม่วงเข้มแตกต่างจาก macrogametocyte อย่างชัดเจน นิวเคลียสของปรสิตติดสีชมพูสว่าง (scale bar = 10 μ m)

1.8 *Haemoproteus orizivora* Anschutz, 1909

ชื่อพ้อง (synonym):

H. paddae Brumpt, 1935

H. garnhami Grewal, 1964

H. orizivora Levine and Campbell, 1971 (= *H. paddae*); Peirce, 1976 (= *H. ganhani*)

H. lonchuri Bandyopadhyay and Haldar, 1988

H. orizivora Bennett and Peirce, 1991 (= *H. lonchuri*)

ชนิดตัวให้อาศัยมีกระดูกสันหลังต้นแบบ (type vertebrate host):

Lonchura oryzivora (L.), Passeriformes

ตัวให้อาศัยมีกระดูกสันหลังที่ทำการศึกษา (investigational vertebrate host):

นกกระตีดั้ง (Scaly-breasted munia) หรือ *Lonchura punctulata* (L.)

แหล่งที่พบปรสิตต้นแบบ (type locality):

ปรสิตชนิดนี้บรรยายลักษณะจากนกนำเข้า (imported bird) จึงไม่สามารถระบุตำแหน่งที่แน่นอนได้ (unknown) พบ Neotype locality เกาะชวาตะวันตก ที่ประเทศอินโดนีเซีย

ระยะ immature gametocyte; ระยะเริ่มการติดเชื้อปรสิตชนิดนี้พบอยู่บริเวณด้านข้างของนิวเคลียสตัวให้อาศัย นิวเคลียสติดสีชมพูเข้ม ในขณะที่ไซโตพลาซึมติดสีน้ำเงินเข้ม อยู่ด้านตรงข้ามกันของขั้วเซลล์พบแวคิวโอลอยู่ตรงกลางปรสิตในระยะที่เจริญไม่เต็มที่นี้มีรูปร่างลักษณะกลมรี แบนชิดเชื้อหุ้มนิวเคลียสของตัวให้อาศัย แวกิวโอลขนาดเล็กสังเกตได้ยาก นิวเคลียสของปรสิตอยู่ตรงกลางอยู่ชิดนิวเคลียสของตัวให้อาศัย ส่วนด้านตรงข้ามนิวเคลียสของปรสิตเป็นส่วนที่มีการเจริญขยายขนาดเซลล์ปรสิต สามารถสังเกตได้จากขอบของเซลล์ปรสิตเรียบ (entire) เห็นขอบเขตปรสิตได้อย่างชัดเจน ปรสิตเริ่มการเจริญเมื่อเข้าชิดกับนิวเคลียสของตัวให้อาศัย แล้วจึงเจริญไปทางด้านขั้วเซลล์และทางด้านข้าง ส่วนของไซโตพลาซึมติดสีน้ำเงินเข้ม สามารถแยกขอบเขตของปรสิตได้อย่างชัดเจน นิวเคลียสกลมรี ติดสีชมพูอยู่เกือบกลางเซลล์ปรสิต ในระยะนี้สามารถสังเกตเห็นเม็ดสีจำนวนไม่แน่นอน ขนาดเล็ก กลม กระจายอยู่ภายในไซโตพลาซึม หลังจากนั้นจึงเจริญส่วนปลายทั้งสองด้านของปรสิต โดยที่ขอบเขตการเจริญของปรสิตไม่พบลักษณะคล้ายการเคลื่อนที่

ของอมีบา แต่การเจริญมีลักษณะ โกงมนยื่นขยายขนาดออกไปตามแนวการเจริญของปรสิต (ภาพที่ 15)

Macrogametocyte; ปรสิตขนาดกลางมีพื้นที่ร้อยละ 62.46 ของพื้นที่ทับซ้อนระหว่างปรสิตและเซลล์ตัวให้อาศัย มีรูปร่างลักษณะอยู่ในกลุ่ม halteridial haemoproteid เป็นปรสิตที่มีความกว้าง หรือมีความหนาทำให้สามารถสังเกตเห็นปรสิตมีลักษณะคล้ายไส้กรอก (sausage-shape) ไซโตพลาซึมติดสีชมพูม่วงจาง อยู่ชิดและโอบล้อมรอบนิวเคลียสของเม็ดเลือดแดง คล้ายนิวเคลียสของเม็ดเลือดแดงเข้าไปภายในหรือถูกห่อหุ้มด้วยเซลล์ของปรสิต (nucleophilic) จนถึงขั้วของนิวเคลียสของตัวให้อาศัยทั้งสองด้านแต่ไม่ถึงกับห่อหุ้มจนตลอดทั้งขั้วของนิวเคลียส แต่ส่วนของไซโตพลาซึมอาจเจริญยื่นเข้าไปในไซโตพลาซึมของเม็ดเลือดแดงในด้านตรงข้ามกับการเจริญของปรสิต ขอบเขตการเจริญของปรสิตเรียบ (entire) ภายในไซโตพลาซึมของปรสิตพบเม็ดสีทั้ง hemozoin และ volutin granule ติดสีน้ำตาลเหลือง และสีน้ำเงินเข้มจนถึงดำ ตามลำดับ ขนาดใหญ่ไม่เท่ากันเห็นได้ชัดเจน มีลักษณะกลมรี กระจายทั่วไป โดยเฉพาะบริเวณขอบเซลล์และโดยรอบนิวเคลียสของปรสิต บางเซลล์พบการรวมกลุ่มของเม็ดสีอยู่ที่ปลายของเซลล์ปรสิต ภายในไซโตพลาซึมไม่พบแวคิวโอล ส่วนนิวเคลียสของปรสิตติดสีชมพูสว่าง รูปร่างกลมรีคล้ายไข่ ขนาดใหญ่มีพื้นที่ร้อยละ 40.11 ของเซลล์ปรสิต และอยู่ระนาบเดียวกับนิวเคลียสของเม็ดเลือดแดง ทำให้ตำแหน่งของนิวเคลียสของตัวให้อาศัยถูกเบียดออกจากตำแหน่งปกติอย่างเห็นได้ชัด พบว่าค่าสัดส่วนการกระจัคนิวเคลียสเม็ดเลือดแดง (NDR) โดยปรสิตมีค่าประมาณ 0.62 ± 0.13 (ตารางที่ 9) นอกจากนี้ปรสิตยังส่งผลกระทบต่อเม็ดเลือดแดงที่ติดเชื้อปรสิตชนิดนี้ทั้งนิวเคลียสและเซลล์เม็ดเลือดแดง โดยเซลล์ที่ติดเชื้อมีการบวมขึ้นคิดเป็นร้อยละ 25.61 ของเซลล์เม็ดเลือดแดงปกติ โดยขนาดของพื้นที่ของเซลล์ตัวให้อาศัยเพิ่มขึ้นอย่างมีนัยสำคัญ จากค่าเฉลี่ยที่เพิ่มขึ้นของความยาวและความกว้างของเม็ดเลือดแดงเมื่อเทียบกับเซลล์เม็ดเลือดแดงปกติ ส่วนนิวเคลียสของเม็ดเลือดแดงที่ติดเชื้อปรสิตมีขนาดที่เล็กลงอย่างมีนัยสำคัญ หรือปรสิตทำให้นิวเคลียสเกิดการฝ่อคิดเป็นร้อยละ 12.68 ของนิวเคลียสเซลล์เม็ดเลือดแดงที่ไม่มีการติดเชื้อ โดยค่าเฉลี่ยของความกว้าง และพื้นที่ของนิวเคลียสเม็ดเลือดแดงที่ลดลงอย่างมีนัยสำคัญต่างจากเซลล์ที่ไม่ติดเชื้อ

Microgametocyte; ปรสิตชนิดนี้แสดงลักษณะที่แปรผันอย่างมากทำให้ผลกระทบต่อตัวให้อาศัยแตกต่างกัน แม้รูปร่างลักษณะ และมีขนาดของปรสิต ไม่แตกต่างจาก macrogametocyte

แต่ microgametocyte ติดสีน้ำเงินม่วงเข้มแตกต่างจาก macrogametocyte อย่างชัดเจน นิวเคลียสของปรสิตติดสีชมพูสว่าง อยู่แนวเดียวกับขั้วนิวเคลียสตัวให้อาศัยรูปร่างกลม บางเซลล์อยู่ชิดกับเชื้อหุ้มเซลล์เม็ดเลือดแดงทำให้สังเกตเห็นนิวเคลียสมีลักษณะแบบครึ่งเสี้ยวของวงกลม ขนาดเล็กกว่านิวเคลียสของ macrogametocyte อย่างชัดเจน (ภาพที่ 16) ส่วนผลต่อเซลล์ตัวให้อาศัยของ microgametocyte ทำให้ตำแหน่งของนิวเคลียสเซลล์เม็ดเลือดแดงถูกเบียดออกจากตำแหน่งปกติจนอาจไม่สามารถสังเกตความแตกต่างได้ โดยค่าสัดส่วนการกระจายนิวเคลียสของปรสิตเท่ากับ 0.72 ± 0.18 แม้ gametocyte ทั้งสองชนิดจะทำให้เซลล์เม็ดเลือดแดงมีการบวมมากขึ้น แต่พบว่า microgametocyte ส่งผลต่อการบวมต่อความกว้างของเม็ดเลือดแดงน้อยกว่า macrogametocyte ทำให้เซลล์เม็ดเลือดแดงที่ติดเชื้อปรสิต microgametocyte มีค่าเฉลี่ยของการบวมคิดเป็นร้อยละ 20.49 เท่านั้น และ microgametocyte ยังทำให้ส่งผลกระทบต่อนิวเคลียสเม็ดเลือดแดง หรือค่าเฉลี่ยพื้นที่ของนิวเคลียสของเซลล์เม็ดเลือดแดงที่ติดเชื้อและไม่ติดเชื้อมีขนาดเท่ากัน

ตารางที่ 9 เปรียบเทียบ morphometric parameter ของเซลล์เม็ดเลือดแดงปกติและเม็ดเลือดแดงที่มีการติดเชื้อและ morphometric parameter ของ *Haemoproteus orizivora* ในนกกระต๊าก (*Lonchura punctulata*) โดยการวัดเม็ดเลือดแดงปกติ เม็ดเลือดแดงที่มีการติดเชื้อจำนวน 10 เม็ดเลือดแดงของแต่ละชนิด (ค่าเฉลี่ยมีหน่วยเป็นไมโครเมตร หรือ ตารางไมโครเมตร และส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน)

Morphometric parameter	Measurement (μm)			P-value		
	RBC	Infected RBC		RBC*/Ma*	RBC*/Mi*	Ma*/Mi*
		Ma*	Mi*			
	10	10	10			
RBC* length	11.72±0.69	12.79±0.70	12.94±0.56	0.00	0.00	0.38
RBC* width	6.76±0.39	7.81±0.63	7.26±0.48	0.00	0.00	0.00
Area of RBC*	63.02±5.33	-	-	0.00	0.00	-
Area of HPC*	-	79.16±7.35	75.93±6.58	-	-	0.08
RBC* nucleus length	6.02±0.39	6.01±0.43	6.14±0.54	0.91	0.32	0.30
RBC* nucleus width	2.79±0.23	2.47±0.24	2.62±0.18	0.00	0.00	0.01
Area of RBC* nucleus	13.60±1.58	12.07±1.36	12.82±1.46	0.00	0.05	0.04
Parasite length		12.14±0.70	12.17±0.51			0.85
Parasite width		3.56±0.50	3.01±0.52			0.00
Area of Parasite		49.44±6.03	47.12±6.44			0.16
Parasite nucleus length		7.81±1.21	3.91±0.66			0.00
Parasite nucleus width		2.88±0.47	2.53±0.50			0.01
Area of nucleus Parasite		19.83±4.77	7.68±2.30			0.00
NDR*		0.62±0.13	0.72±0.18			0.02

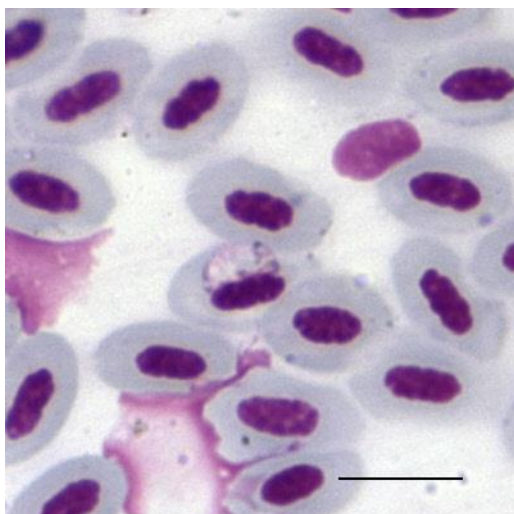
หมายเหตุ* RBC คือ เม็ดเลือดแดง

Mi คือ Microgametocyte

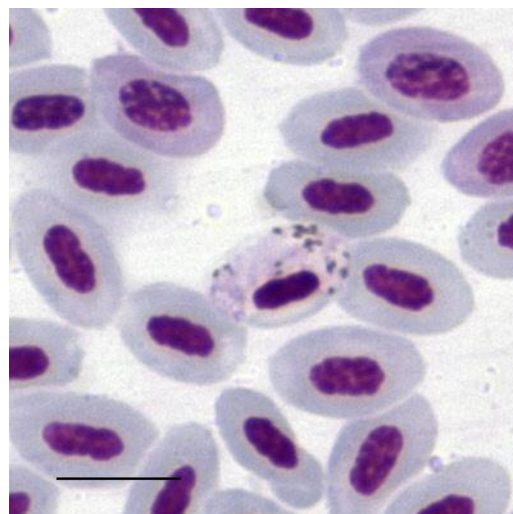
Ma คือ Macrogametocyte

NDR คือ ค่าสัดส่วนการกระจายของนิวเคลียสเซลล์ตัวให้อาศัย

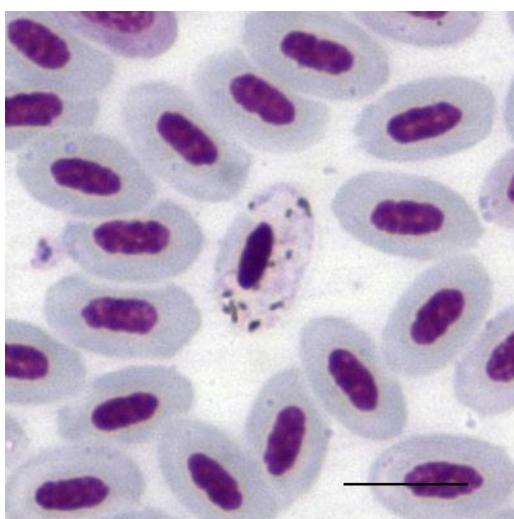
HPC คือ พื้นที่ทับซ้อนระหว่างตัวให้อาศัยและปรสิต (host-parasite complex)



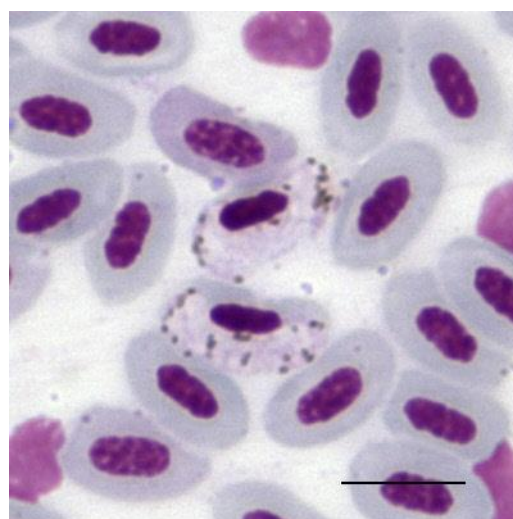
15.1



15.2

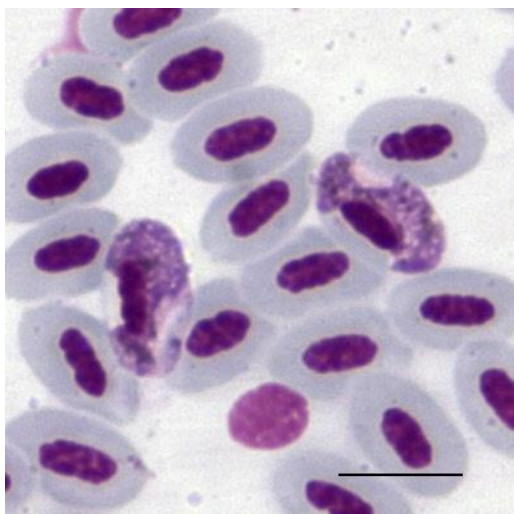


15.3

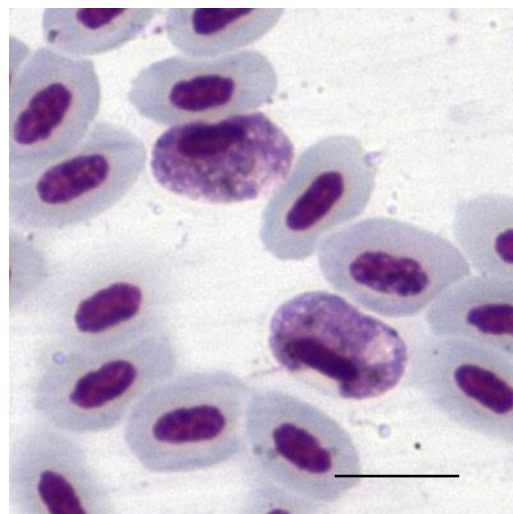


15.4

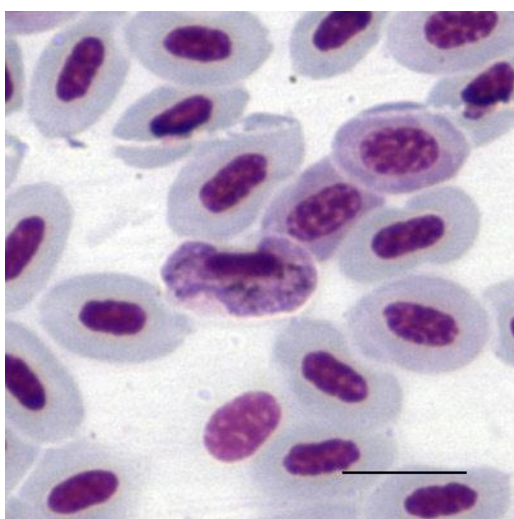
ภาพที่ 15 Gametocytes ของ *Haemoproteus orizivora* ในเลือดนกกระต่ายหูแหลม (*Lonchura punctulata* (Linn.)) จากบึงบอระเพ็ด จังหวัดนครสวรรค์ ภาพที่ 15.1 แสดงลักษณะ immature gametocytes ภาพที่ 15.2 ถึง 15.4 แสดงลักษณะ macrogametocyte ไซโตพลาซึมติดสีชมพูม่วงจาง อยู่ชิดและโอบล้อมรอบนิวเคลียสของเม็ดเลือดแดงคล้ายถูกห่อหุ้มด้วยเซลล์ของปรสิต (scale bar = 10 μ m)



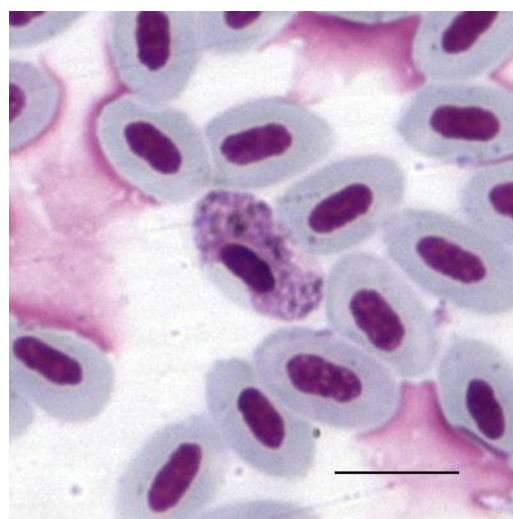
16.1



16.2



16.3



16.4

ภาพที่ 16 Gametocytes ของ *Haemoproteus orizivora* ในเลือดนกกระต่ายหูแหลม (*Lonchura punctulata* (Linn.)) วงศ์ Estrildidae จากบึงบอระเพ็ด จังหวัดนครสวรรค์ ภาพที่ 16.1 ถึง 16.4 แสดงลักษณะ microgametocyte ติดสีน้ำเงินม่วงเข้มแตกต่างจาก macrogametocyte อย่างชัดเจน นิวเคลียสของปรสิตติดสีชมพูสว่าง (scale bar = 10 μ m)

1.9 *Plasmodium (Huffia) elongatum* Huff, 1930

ชนิดตัวให้อาศัยมีกระดูกสันหลังต้นแบบ (type vertebrate host):

Serinus canaria (L.) (Passeriformes)

ตัวให้อาศัยมีกระดูกสันหลังที่ทำการศึกษา (investigational vertebrate host):

ยางไฟหัวดำ หรือ yellow bitten (*Ixobrychus sinensis* (Gmelin, 1789))

แหล่งที่พบปรสิตต้นแบบ (type locality):

รัฐ Baltimore และ Maryland ประเทศอเมริกา

การเจริญเติบโตของ *Plasmodium elongatum* Huff, 1930

Trophozoites: การติดเชื้อของปรสิตในระยะ Trophozoites พบในเม็ดเลือดแดงที่มีการเจริญเติบโตเต็มที่ ปรสิตมีรูปร่างกลมรี เล็ก นิวเคลียสอยู่ทางด้านใดด้านหนึ่งของเซลล์ปรสิต ติดสีแดงชมพู สว่างกว่าการติดสีแดงของเซลล์เม็ดเลือดแดง ไซโตพลาซึมล้อมติดสีน้ำเงินเข้ม แตกต่างจากไซโตพลาซึมของเซลล์เม็ดเลือดแดงอย่างชัดเจน การติดเชื้อในระยะเริ่มแรกเกิดบริเวณกึ่งกลางทางด้านข้างตามแนวยาวของเซลล์เม็ดเลือดแดง ต่อมาปรสิตเข้าชิดนิวเคลียสของเซลล์เม็ดเลือดแดง และเริ่มการเจริญทางด้านข้างตามแนวยาวของเซลล์เม็ดเลือดแดง สามารถสังเกตเห็นแฉกโอลขนาดใหญ่ไม่ติดสี ทำให้สังเกตเห็นเซลล์ปรสิตมีช่องว่างอยู่บริเวณกลางเซลล์ทำให้มีลักษณะคล้ายวงแหวน (signet ring stage) โดยที่นิวเคลียสอยู่ทางด้านหน้าคล้ายตัวเรือนของแหวน ที่มีตัววงแหวนเป็นไซโตพลาซึมที่ขอบไม่เรียบ ล้อมรอบแฉกโอลเอาไว้ หลายเซลล์มีการเจริญเติบโตที่มีรูปร่างคล้ายอมีบา (amoeboid trophozoites) ขึ้นออกไปทางขั้วใดขั้วหนึ่งของเซลล์เม็ดเลือดแดง มักพบนิวเคลียสอยู่ด้านตรงข้ามกับการเจริญที่มีรูปร่างคล้ายอมีบา (ภาพที่ 17)

Schizonts: ในระยะนี้ trophozoites เริ่มมีการแบ่งนิวเคลียส สามารถสังเกตเห็นได้จากรูปร่างของนิวเคลียสมีลักษณะที่เปลี่ยนแปลงไป ก่อนแบ่งไซโตพลาซึมสามารถสังเกตเห็นนิวเคลียสได้ ตั้งแต่ 2 4 และ 6 นิวเคลียส การแบ่งนิวเคลียสเกิดตามแนวยาวของเม็ดเลือดแดง ไซโตพลาซึมมีเส้นขอบไม่เรียบ (irregular outline) แบ่งออกเป็นพูตามจำนวนของนิวเคลียส เม็ดสีสังเกตเห็นได้ยาก ในระยะนี้บริเวณกลางเซลล์ปรสิตไม่ติดสี (colorless) ทำให้สังเกตเห็นนิวเคลียสและไซโตพลาซึมได้อย่างชัดเจน จนไม่สามารถสังเกตเห็นขอบเซลล์ปรสิตได้อย่างชัดเจน (ภาพที่ 18)

Merozoites: เมื่อระยะ schizonts ปรสิตแยกออกจากกันสำเร็จ ในเซลล์เม็ดเลือดแดงหนึ่งเซลล์สามารถสังเกตเห็นเป็นหน่วยย่อยๆ จำนวน 4 ถึง 6 merozoites แต่ละ merozoite มีรูปร่างลักษณะคล้ายหยดน้ำ ด้านหนึ่งปลายมนขนาดใหญ่กว่าปลายด้านตรงกันข้ามที่มีลักษณะเรียวแหลม โดยที่ปลายเรียวแหลมนี้ชี้เข้าหาจุดเดียวกัน มักพบบริเวณที่ชี้นี้อยู่ด้านตรงกันข้ามกับนิวเคลียสของเม็ดเลือดแดง ส่วนด้านมนอยู่ด้านใกล้นิวเคลียสของเม็ดเลือดแดง และภายในบริเวณปลายด้านมนนี้พบนิวเคลียสติดสีชมพูแดงสว่างทุกๆ merozoite ด้านตรงข้ามเป็นส่วนของไซโตพลาซึม มักพบเม็ดสีน้ำตาลเหลืองหรือดำ (yellow-brownish) อาจพบลักษณะและขนาดแตกต่างกัน หรือรูปร่างและขนาดใกล้เคียงกัน แต่เม็ดสีดังกล่าวอยู่ใกล้ชิดกัน บริเวณโดยรอบของแต่ละ merozoite ไม่พบการติดสี ทำให้ยังคงเห็นรูปร่างปรสิตเป็นลักษณะคล้ายระยะ trophozoite อย่างชัดเจน (ภาพที่ 19)

Gametocytes: ปรสิตในระยะนี้มีรูปร่างคล้ายปรสิตในสกุล *Haemoproteus* การเจริญของ gametocyte อยู่ทางด้านใดด้านหนึ่งของนิวเคลียสของเซลล์เม็ดเลือดแดงของตัวให้อาศัย รูปร่างยาว ปลายมนทั้งสองด้านลักษณะคล้ายซิกการ์ โครงสร้างเซลล์ปรสิตเรียบ แต่ในบางเซลล์อาจมีรูปร่างคล้ายอมิบา ปรสิตอยู่ภายในไซโตพลาซึมของเซลล์เม็ดเลือดแดงสังเกตเห็นได้ชัดเจน เซลล์ปรสิตติดสีเข้มส่วนไซโตพลาซึมติดสีน้ำเงิน นิวเคลียสติดสีชมพู รูปร่างกลมรี อยู่บริเวณกลางเยื้องทางด้านใดด้านหนึ่งของเซลล์ปรสิตตามแนวยาวของปรสิต ทั้ง macrogametocyte และ microgametocyte ในปรสิตบางเซลล์สามารถพบแวคิวโอลรูปร่างกลมเล็ก อยู่ภายในไซโตพลาซึม (ภาพที่ 19)

ผลของปรสิตที่ส่งผลต่อเซลล์เม็ดเลือดแดงของนกตัวให้อาศัย เมื่อเปรียบเทียบกับเซลล์เม็ดเลือดแดงปกติและเซลล์เม็ดเลือดแดงที่มีการติดเชื้อปรสิตพบว่าทั้ง macrogametocyte และ microgametocyte ไม่ส่งผลต่อความยาวของเซลล์เม็ดเลือดแดง และนิวเคลียสของเซลล์ตัวให้อาศัย แต่จะส่งผลต่อความกว้างและพื้นที่ของเซลล์เม็ดเลือดแดง นั่นคือ gametocyte ทั้งสองชนิด ทำให้เม็ดเลือดแดงมีความกว้างและมีพื้นที่เพิ่มมากขึ้น นอกจากนี้ผลต่อเซลล์ตัวให้อาศัยระหว่าง gametocyte ทั้งสองชนิดไม่มีความแตกต่างอย่างมีนัยสำคัญ แม้เซลล์ปรสิตที่มีการติดเชื้อ microgametocyte จะทำให้พื้นที่ของนิวเคลียสลดลงในทางสถิติ (ตารางที่ 10)

ตารางที่ 10 เปรียบเทียบ morphometric parameter ของเซลล์เม็ดเลือดแดงปกติและเม็ดเลือดแดงที่มีการติดเชื้อและ morphometric parameter ของ *Plasmodium elongatum* ในนกยางไฟหัวดำ (*Ixobrychus sinensis*) โดยการวัดเม็ดเลือดแดงปกติ เม็ดเลือดแดงที่มีการติดเชื้อจำนวน 10 เม็ดเลือดแดงของแต่ละชนิด (ค่าเฉลี่ยมีหน่วยเป็นไมโครเมตร หรือตารางไมโครเมตร และส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน)

Morphometric parameter	Measurement (μm)			P-value		
	RBC	Infected RBC		RBC*/Ma*	RBC*/Mi*	Ma*/Mi*
		Ma*	Mi*			
	20	20	20			
RBC* length	13.47 $\pm$ 0.66	13.50 $\pm$ 1.88	13.34 $\pm$ 1.21	0.95	0.67	0.75
RBC* width	7.53 $\pm$ 0.47	8.38 $\pm$ 0.60	8.28 $\pm$ 0.78	0.00	0.00	0.65
Area of RBC*	79.21 $\pm$ 6.60	-	-	0.02	0.02	-
Area of HPC*	-	87.60 $\pm$ 13.5	84.74 $\pm$ 7.77	-	-	0.42
RBC* nucleus length	6.68 $\pm$ 0.38	6.82 $\pm$ 0.75	6.62 $\pm$ 0.55	0.47	0.66	0.33
RBC* nucleus width	3.13 $\pm$ 0.32	2.80 $\pm$ 0.23	2.92 $\pm$ 0.25	0.00	0.03	0.11
Area of RBC* nucleus	16.70 $\pm$ 1.91	15.53 $\pm$ 2.16	15.43 $\pm$ 1.72	0.08	0.03	0.88
Parasite length	-	10.30 $\pm$ 1.04	9.88 $\pm$ 0.76	-	-	0.16
Parasite width	-	3.56 $\pm$ 0.41	3.37 $\pm$ 0.43	-	-	0.17
Area of Parasite	-	31.83 $\pm$ 4.09	27.61 $\pm$ 3.03	-	-	0.00
Parasite nucleus length	-	5.25 $\pm$ 1.86	3.18 $\pm$ 0.42	-	-	0.00
Parasite nucleus width	-	2.51 $\pm$ 0.47	2.22 $\pm$ 0.31	-	-	0.02
Area of nucleus Parasite	-	10.66 $\pm$ 4.90	7.34 $\pm$ 10.19	-	-	0.20
NDR*	-	0.58 $\pm$ 0.12	0.61 $\pm$ 0.11	-	-	0.48

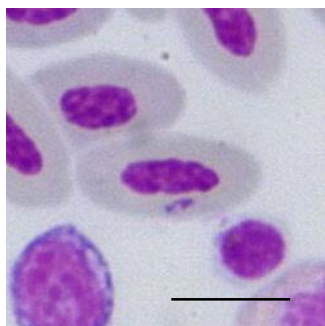
หมายเหตุ* RBC คือ เม็ดเลือดแดง

Mi คือ Microgametocyte

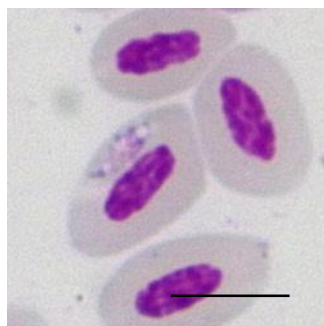
Ma คือ Macrogametocyte

NDR คือ ค่าสัดส่วนการกระจายของนิวเคลียสเซลล์ตัวให้อาศัย

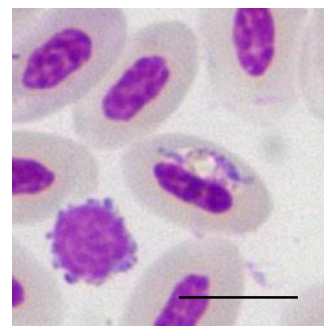
HPC คือ พื้นที่ทับซ้อนระหว่างตัวให้อาศัยและปรสิต (host-parasite complex)



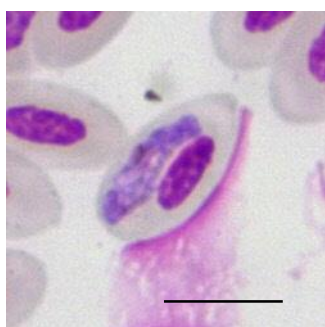
17.1



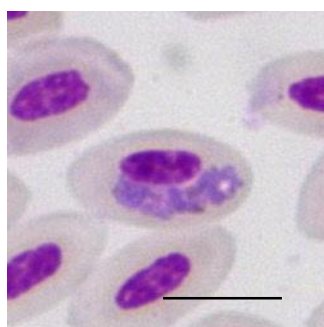
17.2



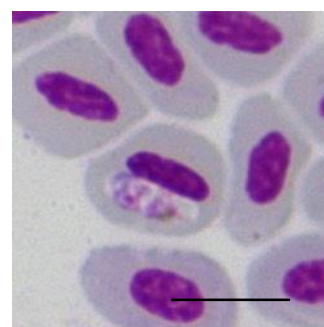
17.3



17.4



17.5

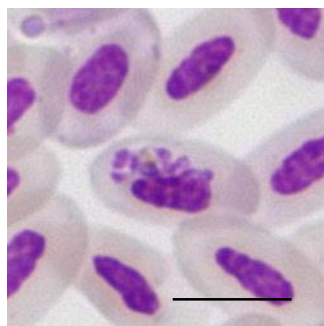


17.6

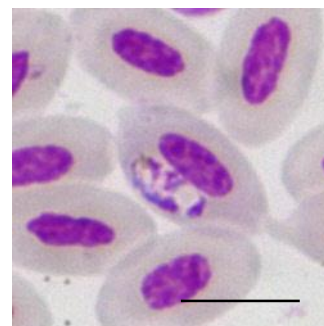
ภาพที่ 17 ปรสิต *Plasmodium elongatum* ในระยะ trophozoites ในนกยางไฟหัวดำ (*Ixobrychus sinensis*) (17.1 ถึง 17.6) ปรสิตเข้าเซลล์เม็ดเลือดแดงปรสิตมีรูปร่างกลมรี (17.1) การเจริญพัฒนาเพิ่มมากขึ้นรูปร่างยังคงกลมรี และเริ่มมีการสร้างแวคิวโอล (17.2) ระยะวงแหวนมีการสร้างแวคิวโอลขนาดใหญ่กินพื้นที่บริเวณกลางเซลล์ (17.3) การเจริญพัฒนาเพิ่มมากขึ้นทำให้เซลล์ปรสิตภายในเม็ดเลือดแดงมีรูปร่างคล้ายยอมีบา สามารถสังเกตเห็นเม็ดสีน้ำตาลเหลืองเกาะกลุ่มอยู่ที่กลางเซลล์ และเริ่มเข้าสู่ระยะ schizont เมื่อนิวเคลียสเริ่มมีขนาดเพิ่มมากขึ้นจากการจำลองเส้นใยโครมาติน (17.4, 17.5 และ 17.6 ตามลำดับ (scale bar = 10 μ m)



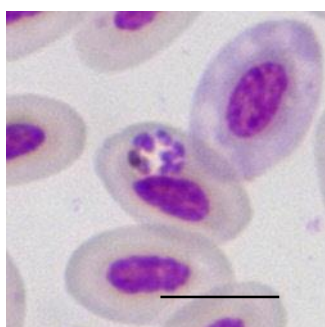
18.1



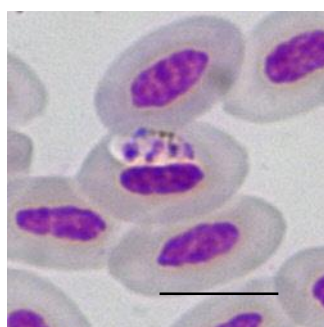
18.2



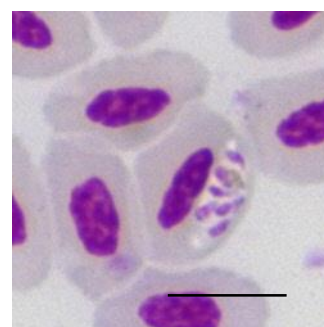
18.3



18.4

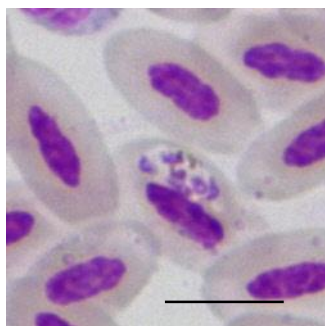


18.5

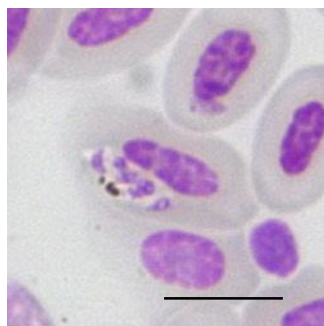


18.6

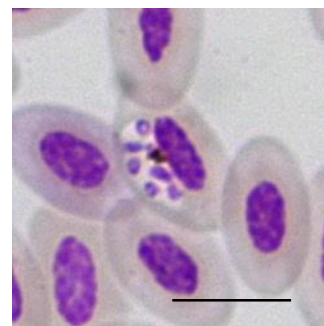
ภาพที่ 18 ปรสิต *Plasmodium elongatum* ในระยะ schizont ในนกยางไฟหัวดำ (*Ixobrychus sinensis*) (18.1 ถึง 18.3); ปรสิตเมื่อเข้าสู่ระยะ schizont เกิดกระบวนการแบ่งนิวเคลียสและไซโตพลาซึม (18.1, 18.2 และ 18.3) ปรสิต *Plasmodium elongatum* ในระยะ merozoites (18.4 ถึง 18.6) ปรสิตในระยะ merozoites มีการแบ่งทั้งนิวเคลียสและไซโตพลาซึมอย่างสมบูรณ์ ทำให้ได้ meront ที่มีรูปร่างคล้ายหยดน้ำ จำนวน 6 meront และยังคงสังเกตเห็นกลุ่มของเม็ดสีได้อย่างชัดเจน การจัดวางตัวของปรสิตในระยะนี้แตกต่างกันทำให้สังเกตเห็น meront หลายลักษณะ (18.4 ถึง 18.6) (scale bar = 10 μ m)



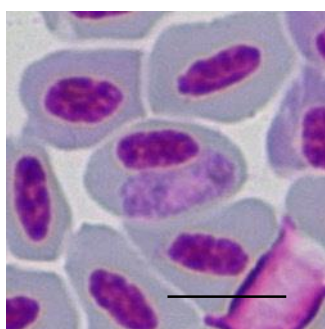
19.1



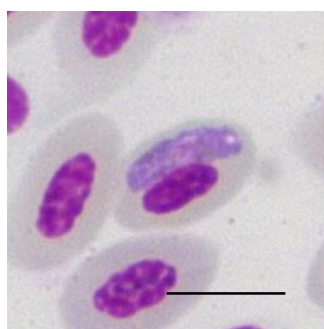
19.2



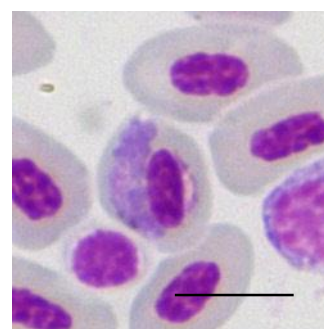
19.3



19.4



19.5



19.6

ภาพที่ 19 ปรสิต *Plasmodium elongatum* ในระยะ merozoites ในนกยางไฟหัวดำ (*Ixobrychus sinensis*) (19.1 ถึง 19.3) และ gametocyte (19.4 ถึง 19.6); ปรสิตในระยะ merozoites มีการแบ่งทั้งนิวเคลียสและไซโทพลาซึมอย่างสมบูรณ์ ทำให้ได้ meront ที่มีรูปร่างคล้ายหยดน้ำ จำนวน 6 meront และยังคงสังเกตเห็นกลุ่มของเม็ดสีได้อย่างชัดเจน การจัดวางตัวของปรสิตในระยะนี้แตกต่างกันทำให้สังเกตเห็น meront หลายลักษณะ (19.1 ถึง 19.3) gametocyte มีลักษณะคล้าย gametocyte ของปรสิตในสกุล *Haemoproteus* รูปร่างคล้ายแท่งซิกกา แต่ไม่โอบล้อมหัวของนิวเคลียสของเซลล์ตัวให้อาศัย (19.4 ถึง 19.6) (scale bar = 10 μ m)

1.10 *Plasmodium (Giovannolaia) circumflexum* (Kikuth, 1931)

ชื่อพ้อง (synonym):

Proteosoma circumflexum Kikuth, 1931;

Plasmodium circumflexum Coatney and Roundabush, 1936;

P. heroni Basu, 1938;

P. circumflexum 1966 (= *P. heroni*)

ชนิดตัวให้อาศัยมีกระดูกสันหลังต้นแบบ (type vertebrate host):

Turdus pilaris L. (Passeriformes)

ตัวให้อาศัยมีกระดูกสันหลังที่ทำการศึกษาค้นคว้า (investigational vertebrate host):

นกกระดี่เขียว (Lonchura punctulata)

แหล่งที่พบปรสิตต้นแบบ (type locality):

ประเทศเยอรมัน (Germany)

การเจริญเติบโตของ *Plasmodium circumflexum* (Kikuth, 1931)

Trophozoites: สามารถพบปรสิตในระยะ trophozoites ทั้งในเม็ดเลือดแดงที่เจริญเต็มที่และเม็ดเลือดแดงที่เจริญไม่เต็มที่ (polychromatic erythrocytes) การติดเชื้อจะปรากฏทั้งด้านข้างและบริเวณขั้วของนิวเคลียสเซลล์เม็ดเลือดแดง ปรสิตมีรูปร่างหลากหลายรูปแบบ โดยทั่วไปปรสิตมีรูปร่างกลมรีคล้ายเม็ดถั่ว กลมรี และเส้นขอบของ trophozoites ไม่เรียบ ปรสิตที่มีขนาดเล็กบริเวณกลางเซลล์ไม่ติดสี (colorless) ทำให้สังเกตเห็นเซลล์ปรสิตคล้ายวงแหวน พบนิวเคลียสติดสีชมพูสว่างอยู่ที่ขอบของขั้วเซลล์ปรสิตเชื่อมต่อกับไซโทพลาซึมที่ติดสีน้ำเงินเข้มจนครบวง บางเซลล์มีเส้นขอบแสดงลักษณะคล้ายอัมบา การเจริญของปรสิตมีตำแหน่งอยู่ติดกับนิวเคลียสของเซลล์เม็ดเลือดแดงพร้อมสำหรับการพัฒนาไปเป็น schizonts อยู่ภายในเม็ดเลือดแดงต่อไป ปรสิตในระยะ trophozoites นี้ไม่สามารถสังเกตเห็นเม็ดสีได้ และการติดเชื้อในระยะนี้การกระจายตัวของนิวเคลียสของเซลล์เม็ดเลือดแดงของตัวให้อาศัยยังคงไม่สามารถสังเกตเห็นได้อย่างชัดเจน สามารถพบเห็นการติดเชื้อภายในเม็ดเลือดแดงได้โดยทั่วไป (ภาพที่ 20)

Schizonts: นิวเคลียสของปรสิตมีรูปร่างไม่เป็นปกติ มักเกิดการไม่ติดสีโดยรอบระหว่างนิวเคลียสและไซโตพลาซึมของปรสิต ภายในนิวเคลียสสามารถสังเกตเห็นเส้นใยโครมาตินติดสีชมพูสว่าง พร้อมสำหรับการแบ่งเซลล์ของปรสิต ในระยะนี้ปรสิตสามารถพบที่บริเวณด้านข้างของนิวเคลียส หรือขั้วเซลล์ของเม็ดเลือดแดงก็ได้ ต่อมาไซโตพลาซึมมีเส้นขอบที่ลักษณะเป็นลอนด้านที่เว้าเข้าภายในเซลล์ปรสิตเจริญรูกเข้ามาเชื่อมต่อกับไซโตพลาซึมที่อยู่ด้านตรงกันข้ามของเซลล์ปรสิตทำให้แต่ละลอนมีนิวเคลียสของปรสิตอยู่ภายใน และไซโตพลาซึมคั่นกลางระหว่างนิวเคลียส เมื่อกระบวนการแบ่งนิวเคลียสเสร็จสิ้นลง ส่วนปลายทั้งสองด้านของเซลล์ปรสิตพร้อมที่จะพัฒนาเข้าสู่ระยะ merozoites ต่อไป (ภาพที่ 21)

Merozoites: การเกิด merozoites เริ่มพบที่บริเวณปลายตามแนวยาวทั้งสองด้านของเซลล์ปรสิต แล้วจึงแบ่งเข้ามาสู่บริเวณกลางเซลล์ ในเม็ดเลือดแดงที่ติดเชื้อสามารถพบปรสิตในระยะนี้ได้ 2 หรือ 3 merozoites ขนาดของแต่ละ merozoite อาจแตกต่างกัน หรืออาจใกล้เคียงกันได้ มักพบ merozoite อยู่บริเวณขั้วของนิวเคลียสเม็ดเลือดแดง อาจพบ merozoite อยู่บริเวณด้านข้างของนิวเคลียสของเซลล์เม็ดเลือดแดง แต่ละ merozoite มีลักษณะคล้ายวงแหวน (ring stage) ในระยะ trophozoites (ภาพที่ 22)

Gametocytes: พบในเม็ดเลือดแดงทั้งที่เจริญเติบโตไม่เต็มที่และมีการเจริญเติบโตเต็มที่ gametocyte มีรูปร่างกลมรี เจริญทางด้านข้างของนิวเคลียสเม็ดเลือดแดง และเจริญยืดยาวไปตามขั้วของนิวเคลียสของเม็ดเลือดแดงทั้งสองด้านจนล้อมรอบนิวเคลียสเม็ดเลือดแดง พบเม็ดสีเกาะกลุ่มอยู่ภายในไซโตพลาซึมบริเวณขอบของเซลล์ปรสิต แต่ละเม็ดสีมีรูปร่างกลม ขนาดใกล้เคียงกัน พบแวคิวโอลกระจายทั่วไปในไซโตพลาซึม (ภาพที่ 22) โดยทั่วไปพบ 2 แวกิวโอล มีรูปร่างใกล้เคียงกัน มีเส้นผ่านศูนย์กลางไม่เกิน 1 ไมโครเมตร เมื่อเปรียบเทียบระหว่าง microgamete และ macrogamete พบว่ารูปร่างของ gametocyte ทั้งสองชนิดไม่แตกต่างกัน ทั้งความกว้างและความยาวของเซลล์ปรสิต แต่พื้นที่ของเซลล์ปรสิตชนิด microgametocyte มีพื้นที่มากกว่า macrogametocyte แต่ความยาวและพื้นที่ของนิวเคลียสของ macrogametocyte มีค่าเฉลี่ยมากกว่าอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ แม้ความกว้างของนิวเคลียสปรสิตไม่พบความแตกต่างกัน นอกจากนี้การกระจายนิวเคลียสเม็ดเลือดแดงของปรสิตไม่แตกต่างกัน ($P\text{-value} = 0.91$) ในลักษณะที่ไม่สามารถเห็นการกระจายนิวเคลียสของเม็ดเลือดแดงได้อย่างชัดเจน (ตารางที่ 11)

ผลของปรสิตที่ส่งผลต่อเซลล์เม็ดเลือดแดงของนกตัวให้อาศัย โดยทั่วไปปรสิตทำให้เม็ดเลือดแดงมีขนาดเพิ่มมากขึ้นทั้งความกว้าง ความยาว และพื้นที่ของเซลล์เม็ดเลือดแดง และไม่พบความแตกต่างระหว่างเซลล์เม็ดเลือดแดงที่มีการติดเชื้อทั้ง microgametocyte และ macrogametocyte ส่วนผลของการติดเชื้อต่อนิวเคลียสของเซลล์เม็ดเลือดแดงพบการเปลี่ยนแปลงที่ไม่ชัดเจน ไม่พบค่าเฉลี่ยที่แตกต่างระหว่างนิวเคลียสที่ติดเชื้อด้วย microgametocyte และเม็ดเลือดแดงปกติ แต่ในการติดเชื้อด้วย macrogametocyte พบว่าปรสิตทำให้ความยาวและพื้นที่ของนิวเคลียสเม็ดเลือดแดงมีค่าเฉลี่ยเพิ่มมากขึ้น

ตารางที่ 11 เปรียบเทียบ morphometric parameter ของเซลล์เม็ดเลือดแดงปกติและเม็ดเลือดแดงที่มีการติดเชื้อและ morphometric parameter ของ *Plasmodium circumflexum* ในนกกระตักจี่หนู (*Lonchura punctulata*) โดยการวัดเม็ดเลือดแดงปกติ เม็ดเลือดแดงที่มีการติดเชื้อจำนวน 10 เม็ดเลือดแดงของแต่ละชนิด (ค่าเฉลี่ยมีหน่วยเป็นไมโครเมตร หรือ ตารางไมโครเมตร และส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน)

Morphometric parameter	Measurement (μm)			P-value		
	RBC	Infected RBC		RBC*/Ma*	RBC*/Mi*	Ma*/Mi*
		Ma*	Mi*			
	n=10	n=10	n=10			
RBC* length	11.46 $\pm$ 0.64	12.19 $\pm$ 0.50	12.32 $\pm$ 0.65	0.01	0.01	0.61
RBC* width	6.36 $\pm$ 0.41	7.26 $\pm$ 0.49	7.20 $\pm$ 0.26	0.00	0.00	0.73
Area of RBC*	57.95 $\pm$ 2.71	-	-	0.00	0.00	-
Area of HPC*	-	70.96 $\pm$ 4.14	69.38 $\pm$ 4.53	-	-	0.43
RBC* nucleus length	5.53 $\pm$ 0.45	6.02 $\pm$ 0.41	5.75 $\pm$ 0.48	0.02	0.30	0.19
RBC* nucleus width	2.67 $\pm$ 0.18	2.63 $\pm$ 0.16	2.63 $\pm$ 0.21	0.59	0.60	0.94
Area of RBC* nucleus	11.81 $\pm$ 1.09	13.03 $\pm$ 1.05	11.77 $\pm$ 0.92	0.02	0.93	0.01
Parasite length	-	8.15 $\pm$ 0.96	8.95 $\pm$ 0.94	-	-	0.08
Parasite width	-	3.31 $\pm$ 0.23	3.29 $\pm$ 0.35	-	-	0.91
Area of Parasite	-	24.63 $\pm$ 3.70	29.06 $\pm$ 5.08	-	-	0.04
Parasite nucleus length	-	3.96 $\pm$ 0.58	2.91 $\pm$ 0.39	-	-	0.00
Parasite nucleus width	-	2.24 $\pm$ 0.33	1.94 $\pm$ 0.34	-	-	0.05
Area of nucleus Parasite	-	6.87 $\pm$ 1.55	4.26 $\pm$ 1.02	-	-	0.00
NDR*	-	0.69 $\pm$ 0.11	0.69 $\pm$ 0.17	-	-	0.91

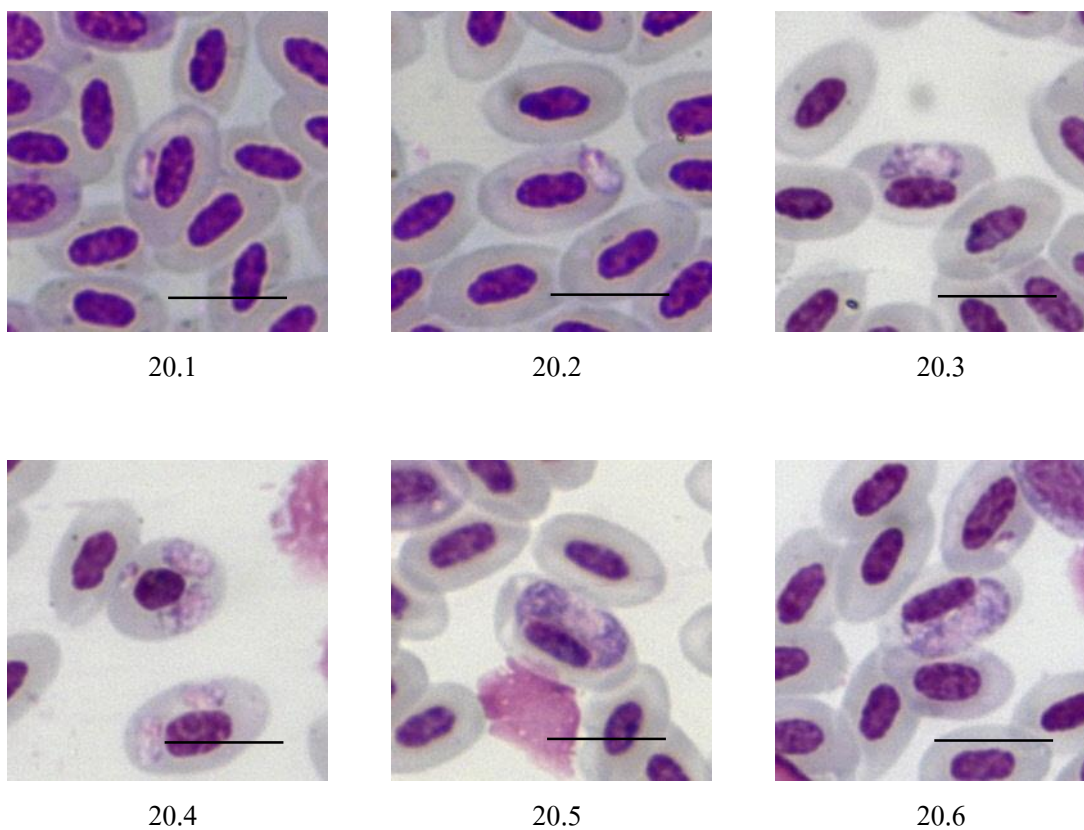
หมายเหตุ* RBC คือ เม็ดเลือดแดง

Mi คือ Microgametocyte

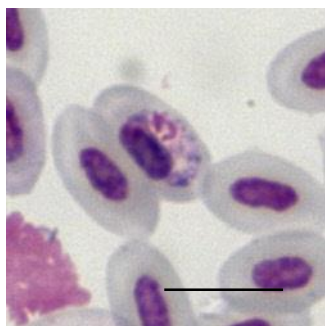
Ma คือ Macrogametocyte

NDR คือ ค่าสัดส่วนการกระจายของนิวเคลียสเซลล์ตัวให้อาศัย

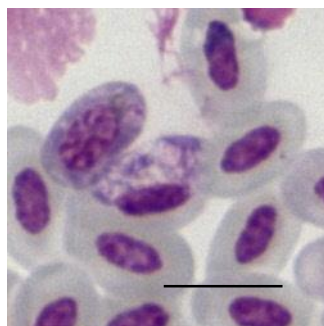
HPC คือ พื้นที่ทับซ้อนระหว่างตัวให้อาศัยและปรสิต (host-parasite complex)



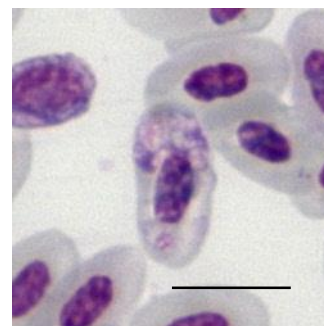
ภาพที่ 20 ปรสิต *Plasmodium circumflexum* ในระยะ trophozoites (20.1 ถึง 20.6) ในระยะแรกของ การรุกรานเข้าเซลล์เม็ดเลือดแดงปรสิตมีรูปร่างกลมรี การเจริญพัฒนาเพิ่มมากขึ้นอย่าง รวดเร็วมีแวคิวโอลขนาดใหญ่อยู่กลางเซลล์ไซโตพลาซึมล้อมรอบคล้ายวงแหวน (20.1 และ 20.2) trophozoite เจริญพัฒนาขึ้น (20.3) ปรสิตสามารถเข้ารุกรานร่วมในเซลล์ เดียวกันได้ (20.1 ถึง 20.4) เมื่อเข้าสู่ระยะเริ่มแรกของระยะ schizont รูปร่างของ นิวเคลียสไม่คงที่ (20.5 และ 20.6) (scale bar = 10 μm)



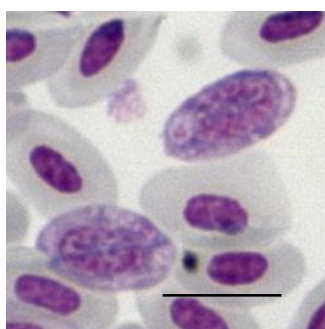
21.1



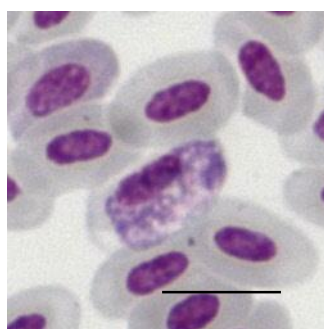
21.2



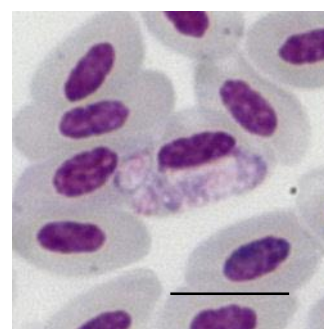
21.3



21.4

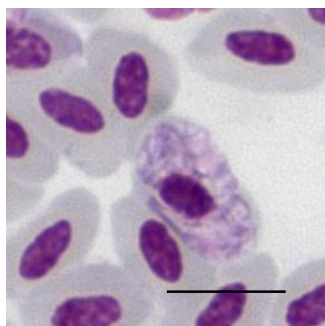


21.5

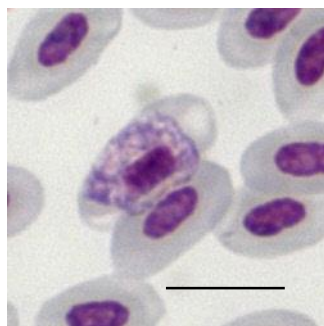


21.6

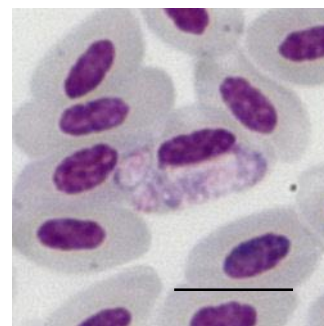
ภาพที่ 21 ปรสิต *Plasmodium circumflexum* ในระยะ schizont (21.1 ถึง 21.3) ก่อนจะแบ่งนิวเคลียสออกเป็นสองนิวเคลียส (21.1) และทวีคูณเพิ่มมากขึ้น (21.2 และ 21.3) การติดเชื้อในเม็ดเลือดแดงที่เจริญไม่เต็มที่ปรสิตจะมีการเชื่อมต่อกับโครมาตินของเซลล์ตัวให้อาศัย (21.1 ถึง 21.2) ระยะ merozoites (21.4 ถึง 21.6) ปรสิตเข้าแทรกภายในนิวเคลียสของปรสิต (21.4) ระยะเริ่มแรกของ merozoite เริ่มแบ่งออกจากกันตามแนวยาวของเซลล์ตัวให้อาศัย (21.5) โดยที่ปลายสุดเริ่มแบ่งทั้งนิวเคลียสและไซโทพลาซึมบางส่วนออกจากเซลล์ปรสิต (21.6) (scale bar = 10 μ m)



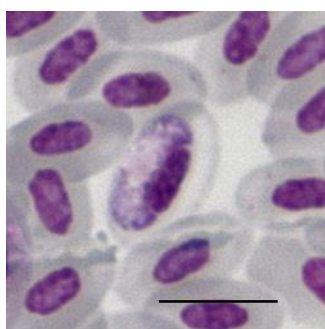
22.1



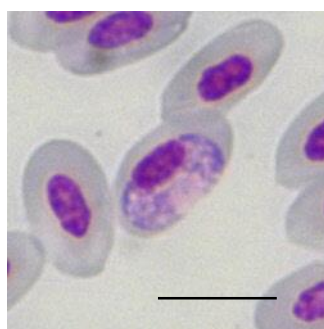
22.2



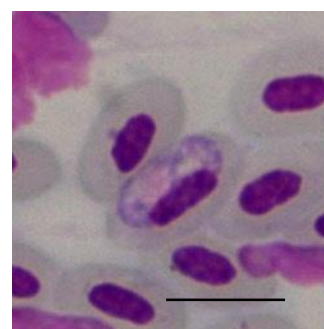
22.3



22.4



22.5



22.6

ภาพที่ 22 ปรสิต *Plasmodium circumflexum* ในระยะ merozoites (22.1 ถึง 22.3) และ gametocyte (22.4 ถึง 22.6); ในบางเซลล์ที่มีการเจริญได้ดีปรสิตในระยะนี้สามารถโอบล้อมนิวเคลียสของเซลล์ตัวให้อาศัยได้ (22.1 และ 22.2) โดยที่ปลายสุดเริ่มแบ่งทั้งนิวเคลียสและไซโตพลาซึมบางส่วนออกจากเซลล์ปรสิต (22.3) gametocyte เจริญทางด้านข้างของนิวเคลียสตัวให้อาศัยเข้าโอบล้อมหัวของนิวเคลียสทั้งสองด้านแต่ไม่โอบล้อมด้านตรงข้าม การกระจัดนิวเคลียสของเซลล์ตัวให้อาศัยเกิดขึ้นเพียงเล็กน้อยเท่านั้น (22.4 ถึง 22.6) (scale bar = 10 μ m)

1.11 *Plasmodium (Giovannolaia) lophurae* Coggeshall, 1938

ชนิดตัวให้อาศัยมีกระดูกสันหลังต้นแบบ (type vertebrate host):

Lophura igniti igniti (Shaw and Nodd) (Galliformes)

ตัวให้อาศัยมีกระดูกสันหลังที่ทำการศึกษา (investigational vertebrate host):

นกเอี้ยงดำ (*Sturnus contra*)

แหล่งที่พบปรสิติดั้งเดิม (type locality):

Zoological Gardens, Borneo, นีวออร์ก ประเทศสหรัฐอเมริกา (USA)

การเจริญเติบโตของ *Plasmodium lophurae* Coggeshall, 1938

Trophozoites: พบการติดเชื้อปรสิตในเม็ดเลือดแดงที่เจริญเต็มที่ trophozoite ในระยะแรกอยู่ที่ขั้วนิวเคลียสของเซลล์เม็ดเลือดแดงที่เจริญไม่เต็มที่ โดยทั่วไปมีรูปร่างคล้ายอัมบา นิวเคลียสอยู่กลางเซลล์ของปรสิต ขนาดเล็ก ดิสซึมพวงาง ส่วนไซโตพลาซึมติดสีน้ำเงินเข้ม ต่อมาปรสิตมีการเจริญเพิ่มขนาดเซลล์แต่ยังคงรูปร่างคล้ายอัมบาเช่นเดิม นิวเคลียสยังคงติดสีชมพูจากแต่มีตำแหน่งอยู่ที่ขอบเซลล์ด้านห่างจากนิวเคลียสของเซลล์เม็ดเลือดแดง ไซโตพลาซึมยังคงติดสีน้ำเงินเข้มแสดงขอบเขตของเซลล์ปรสิตที่มีบริเวณกลางเซลล์ไม่ติดสี ในระยะท้ายของ trophozoite ปรสิตมีการเจริญไปทางด้านข้างของนิวเคลียสของเซลล์เม็ดเลือดแดง พบเม็ดสีน้ำตาลดำอยู่ที่บริเวณหัวของนิวเคลียสของเซลล์ตัวให้อาศัย อยู่รวมกันเป็นกลุ่มขนาดแตกต่างกันจำนวน 3 ถึง 4 เม็ด บางเม็ดอาจอยู่อย่างอิสระ แต่ยังคงอยู่บริเวณใกล้เคียงกัน นิวเคลียสในระยะท้ายของ trophozoite นี้ มีการสร้างเส้นใยโครมาตินเพิ่มมากขึ้น ดิสซึมพวงเข้ม และเริ่มสังเกตเห็นการแบ่งนิวเคลียสออกเป็น 2 nuclei แต่ยังคงอยู่ภายในเซลล์ปรสิตเซลล์เดียวกัน (ภาพที่ 23)

Schizonts: แต่ละเซลล์ของปรสิตมีการแบ่งนิวเคลียสออกจากกันได้อย่างสมบูรณ์ โดยทั่วไปจะพบ 3 nuclei ในบางเซลล์อาจพบถึง 4 nuclei ในระยะนี้แต่ละนิวเคลียสยังคงสังเกตเห็นเส้นใยโครมาติน แต่เริ่มหดเข้าหากันที่บริเวณจุดศูนย์กลางของนิวเคลียสสามารถสังเกตเห็นจากการติดสีชมพูเข้ม ส่วนด้านขอบของแต่ละนิวเคลียสยังคงไม่พบการติดสี ไซโตพลาซึมติดสีน้ำเงินเข้ม แบ่งนิวเคลียสที่แยกตัวออกจากกันอย่างสมบูรณ์แล้ว ทำให้สามารถสังเกตเห็นนิวเคลียสเรียงตัวตามแนวยาวของเซลล์เม็ดเลือดแดง มักพบเม็ดสีน้ำตาลดำอยู่ที่ปลายเซลล์ปรสิตทางด้านที่อยู่ใกล้ขั้วเซลล์ของนิวเคลียสเม็ดเลือดแดง (ภาพที่ 23)

Merozoites: เมื่อเซลล์ปรสิตแยกตัวออกจากกันอย่างอิสระ ในเม็ดเลือดแดงของตัวให้อาศัยหนึ่งๆ มักพบ 3 ถึง 4 merozoites แต่ละ merozoite มีรูปร่างคล้ายอมีบาพบนิวเคลียสติดสีชมพูเข้มอยู่ที่บริเวณขอบของ merozoite คล้ายปรสิตในระยะ trophozoite แต่พบได้หลายเซลล์ในหนึ่งเซลล์เม็ดเลือดแดงของตัวให้อาศัย บริเวณกลางเซลล์ติดสีจางหรือไม่ติดสี ไซโตพลาซึมอยู่ที่บริเวณขอบเซลล์ที่มีรูปร่างของเส้นขอบแสดงลักษณะไม่ปกติ ติดสีน้ำเงินเข้มเชื่อมต่อกับนิวเคลียสของปรสิต ทำให้สังเกตเห็น merozoite มีลักษณะเป็นวงปิด (close cycle) (ภาพที่ 24)

Gametocytes: การศึกษาปรสิตโปรโตซัวในครั้งนี้พบเพียง macrogametocyte ของปรสิตชนิดนี้ โดยทั่วไป gametocyte มีรูปร่างคล้ายอมีบา เส้นขอบเซลล์มีรูปร่างไม่ปกติ ภายในไซโตพลาซึมติดสีน้ำเงินเข้ม พบแวคิวโอลขนาดเล็ก 2 ถึง 3 แวคิวโอล นิวเคลียสติดสีชมพูจาง อยู่กลางเซลล์เยื้องไปทางปลายเซลล์เล็กน้อย ในบางเซลล์สามารถสังเกตเห็นเม็ดสีน้ำตาลดำหรือสีน้ำเงินเข้มได้อย่างชัดเจน รวมกันอยู่ที่ขอบเซลล์บริเวณปลายทั้งสองด้าน และบางเม็ดอยู่อย่างอิสระบริเวณกลางเซลล์ โดยทั่วไปปรสิตมักสัมผัสส่วนใดส่วนหนึ่งของนิวเคลียสของเซลล์ตัวให้อาศัย ปรสิตที่เจริญเต็มที่จะเปิดนิวเคลียสของเซลล์เม็ดเลือดแดง (ภาพที่ 24)

ผลของปรสิตที่ส่งผลต่อเซลล์เม็ดเลือดแดงของนกตัวให้อาศัย ปรสิตในระยะ gametocyte ส่งผลต่อความกว้างของเซลล์เม็ดเลือดแดงที่มีการติดเชื้อปรสิต โดยทำให้ความกว้างของเม็ดเลือดแดงมีความกว้างมากขึ้น จากค่าความกว้างเฉลี่ย 6.45 ± 0.41 ไมโครเมตร เพิ่มขึ้นเป็น 7.24 ± 1.00 ไมโครเมตร แต่ปรสิตในระยะ gametocyte นี้ไม่ส่งผลต่อความยาวและพื้นที่ของเซลล์เม็ดเลือดแดงของตัวให้อาศัย เมื่อพิจารณาที่นิวเคลียสของเม็ดเลือดแดงพบว่าเซลล์ที่มีการติดเชื้อปรสิตมีนิวเคลียสที่บวมมากขึ้น ซึ่งส่งผลพื้นที่ของนิวเคลียสอย่างมีนัยสำคัญ จากการเพิ่มขึ้นของความยาว และความกว้างของนิวเคลียสที่มีของเซลล์ที่มีการติดเชื้อปรสิต (ตารางที่ 12)

ตารางที่ 12 เปรียบเทียบ morphometric parameter ของเซลล์เม็ดเลือดแดงปกติและเม็ดเลือดแดงที่มีการติดเชื้อและ morphometric parameter ของ *Plasmodium lophurae* ในนกเอี้ยงดำ (*Sturnus contra*) โดยการวัดเม็ดเลือดแดงปกติ เม็ดเลือดแดงที่มีการติดเชื้อจำนวน 10 เม็ดเลือดแดงของแต่ละชนิด (ค่าเฉลี่ยมีหน่วยเป็นไมโครเมตร หรือ ตารางไมโครเมตร และส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน)

Morphometric parameter	Measurement (μm)			P-value		
	RBC	Infected RBC		RBC*/Ma*	RBC*/Mi*	Ma*/Mi*
		Ma*	Mi*			
	n=10	n=7				
RBC* length	12.11 $\pm$ 0.62	13.23 $\pm$ 0.94	-	0.01	-	-
RBC* width	6.45 $\pm$ 0.41	7.24 $\pm$ 1.00	-	0.08	-	-
Area of RBC*	61.95 $\pm$ 3.58	-	-	-0.01	-	-
Area of HPC*	-	74.82 $\pm$ 12.90	-	-	-	-
RBC* nucleus length	6.14 $\pm$ 0.35	6.26 $\pm$ 0.72	-	0.66	-	-
RBC* nucleus width	2.70 $\pm$ 0.27	2.78 $\pm$ 0.36	-	0.63	-	-
Area of RBC* nucleus	13.23 $\pm$ 1.62	14.22 $\pm$ 3.36	-	0.43	-	-
Parasite length	-	11.70 $\pm$ 1.79	-	-	-	-
Parasite width	-	2.92 $\pm$ 0.91	-	-	-	-
Area of Parasite	-	41.01 $\pm$ 13.91	-	-	-	-
Parasite nucleus length	-	3.38 $\pm$ 0.48	-	-	-	-
Parasite nucleus width	-	2.54 $\pm$ 0.68	-	-	-	-
Area of nucleus Parasite	-	6.29 $\pm$ 2.46	-	-	-	-
NDR*	-	0.61 $\pm$ 0.12	-	-	-	-

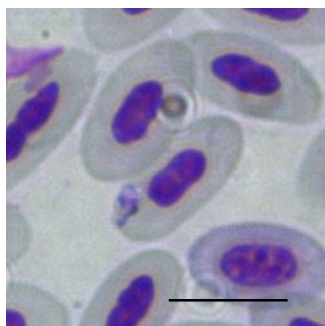
หมายเหตุ* RBC คือ เม็ดเลือดแดง

Mi คือ Microgametocyte

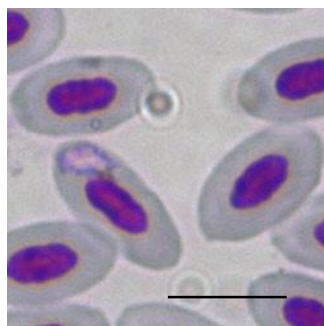
Ma คือ Macrogametocyte

NDR คือ ค่าสัดส่วนการกระจายของนิวเคลียสเซลล์ตัวให้อาศัย

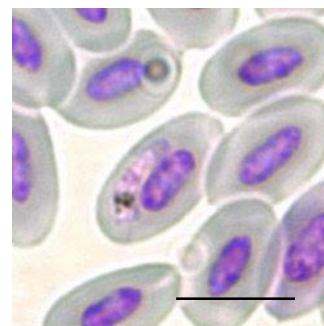
HPC คือ พื้นที่ทับซ้อนระหว่างตัวให้อาศัยและปรสิต (host-parasite complex)



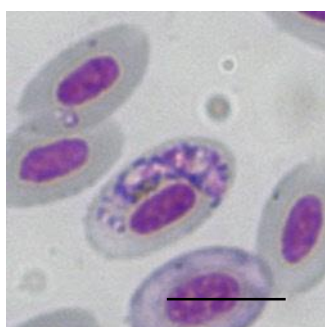
23.1



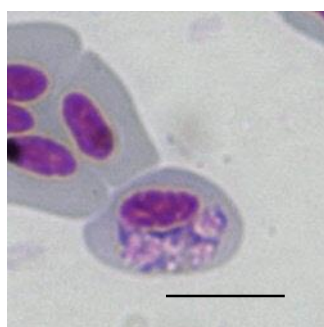
23.2



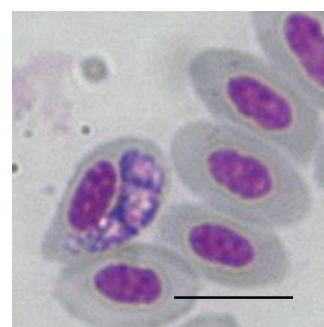
23.3



23.4

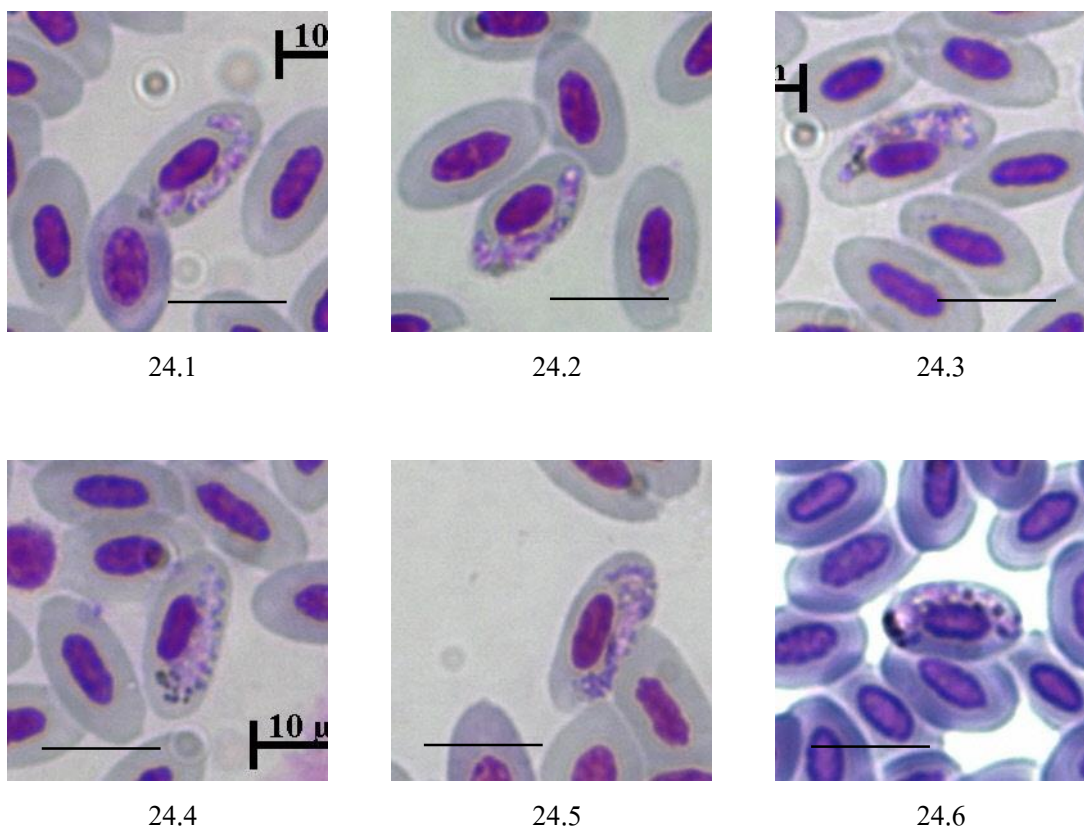


23.5



23.6

ภาพที่ 23 ปรสิต *Plasmodium lophurae* ในระยะ trophozoites และ schizonts ในนกเอี้ยงต่าง (*Sturnus contra*); ปรสิตในระยะ trophozoites เริ่มการรุกรานเม็ดเลือดแดงทางด้านข้างของขั้วนิวเคลียสเม็ดเลือดแดง (23.1) เมื่อปรสิตมีการเจริญมากขึ้น สามารถสังเกตเม็ดสีสีน้ำตาลเหลืองมีขนาดใหญ่ขึ้น (23.2 และ 23.3) ปรสิตในระยะ schizonts (23.4 ถึง 23.6) (scale bar = 10 μ m)



ภาพที่ 24 ปรสิต *Plasmodium lophurae* ในระยะ merozoites และ ระยะ gametocyte ในนกเอี้ยงค่าง (*Sturnus contra*); แบ่งนิวเคลียสออกจากกันอย่างชัดเจน แต่ยังคงไม่แบ่งไซโทพลาซึม ในระยะ merozoites นิวเคลียสและไซโทพลาซึมแบ่งออกจากเซลล์ปรสิตอย่างอิสระ ปรสิตทั้งในระยะ trophozoite schizont และ merozoites แสดงลักษณะคล้ายมีบาอย่างชัดเจน ซึ่งเป็นลักษณะเด่นของปรสิตชนิดนี้ (24.1 ถึง 24.3) ระยะ gametocyte นี้ ยังคงแสดงลักษณะคล้ายมีบาอย่างชัดเจนเช่นเดียวกับปรสิตในระยะอื่นภายในเม็ดเลือดแดง ของนกตัวให้อาศัย พบเม็ดสีสีน้ำตาลเหลืองขนาดเล็กเคียงกันอยู่อย่างกระจายอยู่ ด้านข้างของขั้วนิวเคลียสเม็ดเลือดแดง นิวเคลียสปรสิตรูปร่างไม่แน่นอนอยู่ด้านใกล้ เม็ดสี ปรสิตในระยะ gametocyte นี้สังเกตเห็นแวคิวโอลได้ยาก เบียดนิวเคลียสของเม็ด เลือดแดงเพียงเล็กน้อยเท่านั้น (24.4 ถึง 24.6) (scale bar = 10 μ m)

1.12 *Plasmodium (Navyella) vauhani* Novy and MacNeal, 1904

ชื่อพ้อง (synonym):

Plasmodium vauhani (nom. Praeocc., Navy and MacNeal, 1904)

Haemamoeba tenuis Laveran and Manrullaz, 1914;

P. tumbayaensis Mazza and Fiara, 1930

P. tenuis Manwell 1935b (= *P. tumbayaensis*)

P. merulae Corradetti and Scanga, 1973 (emend. pro. *P. vauhani merulae*)

P. vauhani Valkiunas 1997 (= *P. merulae*)

ชนิดตัวให้อาศัยมีกระดูกสันหลังต้นแบบ (type vertebrate host):

Turdus migratorius (L) (Passeriformes)

ตัวให้อาศัยมีกระดูกสันหลังที่ทำการศึกษา (investigational vertebrate host):

นกพงปากหนา (*Acrocephalus aedon*)

แหล่งที่พบปรสิตต้นแบบ (type locality):

Ann Arbor, รัฐมิชิแกน ประเทศสหรัฐอเมริกา (USA)

การเจริญเติบโตของ *Plasmodium vauhani* Novy and MacNeal, 1904

Trophozoites: ปรสิตเริ่มติดเชื้อที่ด้านข้างทางด้านข้างของนิวเคลียสเซลล์เม็ดเลือดแดง ที่มีการเจริญเติบโตเต็มที่ ระยะแรกปรสิตมีรูปร่างคล้ายรูปไข่ กลมรี สามารถสังเกตเห็นนิวเคลียส ติดสีชมพูได้อย่างชัดเจน อยู่บริเวณกลางเซลล์ของปรสิต โดยรอบมีไซโตพลาซึมติดสีเข้ม ในระยะเริ่มติดเชื้อมีไม่พบการสร้างเม็ดสีภายในเซลล์ปรสิต ต่อมาปรสิตมีการเจริญของไซโตพลาซึมขึ้น ขาวออกไปทางด้านข้างของนิวเคลียสของเซลล์เม็ดเลือดแดง ทำให้สังเกตเห็นปรสิตในระยะนี้มี รูปร่างคล้ายอมีบา นิวเคลียสของปรสิตยังคงอยู่บริเวณกลางเซลล์ปรสิต และอยู่ด้านข้าง ใกล้เคียง นิวเคลียสของเซลล์เม็ดเลือดแดง ปรสิตในระยะท้ายของ trophozoite รูปร่างเซลล์ยังคงแสดง ลักษณะของอมีบา ภายในนิวเคลียสมีการสร้างเส้นใยโครมาติน สามารถสังเกตจากการโดยรอบ ของนิวเคลียสของปรสิตไม่พบการติดสี ภายในนิวเคลียสติดสีชมพูเข้ม ส่วนไซโตพลาซึมยังคงติดสี น้ำเงินเข้ม (ภาพที่ 25)

Schizonts: สามารถสังเกตที่บริเวณเหนือขั้วของนิวเคลียสเม็ดเลือดแดง การแบ่งเซลล์ผลิตสามารถแบ่งออกเป็นสองหรือสามส่วน จากนั้นแต่ละส่วนจึงแบ่งอีกครั้ง ทำให้มีลักษณะเป็นลอน เชื่อมต่อกันจำนวนสามและสองลอนตามลำดับ schizonts ดัดสีน้ำเงินเข้ม เชื่อมต่อกันด้วยโคมาตินที่ดัดสีชมพูสว่าง สามารถสังเกตเห็นได้ที่บริเวณกลางเซลล์ผลิต ผลิตในระยะ schizonts นี้ไม่พบการสร้างเม็ดสี และบริเวณที่ไม่เกิดการดัดสี (ภาพที่ 25)

Merozoites: เมื่อการแบ่งเซลล์เกิดอย่างสมบูรณ์ อยู่ที่บริเวณขั้วหรือทางด้านข้างเกือบถึงบริเวณขั้วของนิวเคลียสของเซลล์เม็ดเลือดแดง เมื่อกระบวนการแบ่งเซลล์แล้วเสร็จ ทำให้ได้ merozoites ทั้งหมดจำนวน 5 merozoites แต่ละ merozoites จะมีลักษณะกลมดัดสีเข้มเรียงตัวในแนวโค้งทำให้มีลักษณะคล้ายพัด (fan-like) ด้านในของกลุ่มของ merozoites นี้อาจพบการสร้างเม็ดสีที่ดัดสีเข้ม หรือร่องรอยการแบ่งนิวเคลียสที่ยังคงดัดสีชมพูจาง (ภาพที่ 25 และ 26)

Gametocytes: มีรูปร่างคล้ายผลิตในสกุล *Haemoproteus* ผลิตในระยะ gametocyte นี้เจริญเติบโตภายในเม็ดเลือดแดงที่ติดเชื้อมีได้ มีรูปร่างจัดเป็นแบบ halteridial haemoproteid เมื่อผลิตเป็น gametocyte ที่เจริญเต็มที่จะเบียดนิวเคลียสของเม็ดเลือดแดงเกือบติดผนังเซลล์อีกด้านหนึ่ง macrogametocyte ดัดสีจางกว่า microgametocyte โดยเฉพาะที่เป็นพื้นที่ของนิวเคลียส ซึ่งดัดสีชมพูสว่าง สามารถสังเกตเห็นการสร้างเม็ดสีได้อย่างชัดเจน เม็ดสีดัดสีน้ำเงินเข้ม จำนวน 8 ถึง 10 เม็ด กระจายโดยรอบนิวเคลียสและภายในไซโตพลาซึม ซึ่งดัดสีน้ำเงินเข้ม ทำให้การสังเกตเม็ดสีของ microgametocyte ทำได้ยากกว่า การเจริญของ gametocyte ทั้งสองชนิดนี้ไม่โอบล้อมนิวเคลียสของเซลล์ตัวให้อาศัย (ภาพที่ 25)

ผลของผลิตที่ส่งผลต่อเซลล์เม็ดเลือดแดงของนกตัวให้อาศัย การเปรียบเทียบผลของการติดเชื้อผลิตในระยะ gametocyte ต่อลักษณะทางกายภาพของเซลล์เม็ดเลือดแดงที่มีการติดเชื้อกับเซลล์เม็ดเลือดแดงปกติ พบว่า gametocyte ทั้งสองชนิดไม่มีผลต่อนิวเคลียสของเซลล์ตัวให้อาศัย แต่มีผลต่อความยาว และพื้นที่ของเซลล์เม็ดเลือดแดงที่มีการติดเชื้อในระยะ gametocyte นี้ ส่วนความกว้างของเซลล์เม็ดเลือดแดงมีค่าเพิ่มมากขึ้นเฉพาะเซลล์ที่ติดเชื้อชนิด macrogametocyte ในขณะที่ microgametocyte ไม่พบความแตกต่าง เมื่อเทียบกับเซลล์เม็ดเลือดแดงปกติ เมื่อเปรียบเทียบระหว่าง gametocyte พบว่า การกระตุ้นนิวเคลียสของเซลล์เม็ดเลือดแดงแตกต่างกัน

โดย macrogametocyte มีค่าอัตราการกระจัคนิวเคลียสเม็ดเลือดแดงเพียง 0.60 ± 0.19 ส่วน microgametocyte มีค่าอัตราการกระจัคนิวเคลียสเม็ดเลือดแดงถึง 0.82 ± 0.14 หรือ macrogametocyte ทำให้นิวเคลียสเม็ดเลือดแดงเข้าไปกีดขวางเซลล์เม็ดเลือดแดงมากกว่าอย่างมีนัยสำคัญ (ตารางที่ 13)

ตารางที่ 13 เปรียบเทียบ morphometric parameter ของเซลล์เม็ดเลือดแดงปกติและเม็ดเลือดแดงที่มีการติดเชื้อและ morphometric parameter ของ *Plasmodium vaughani* ในนกพงปากหนา (*Acrocephalus aedon*) โดยการวัดเม็ดเลือดแดงปกติ เม็ดเลือดแดงที่มีการติดเชื้อ จำนวน 10 เม็ดเลือดแดงของแต่ละชนิด (ค่าเฉลี่ยมีหน่วยเป็นไมโครเมตร หรือ ตารางไมโครเมตร และส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน)

Morphometric parameter	Measurement (μm)			P-value		
	RBC	Infected RBC		RBC*/Ma*	RBC*/Mi*	Ma*/Mi*
		Ma*	Mi*			
	n=10	n=10	n=10			
RBC* length	12.51 $\pm$ 0.70	13.51 $\pm$ 0.79	13.66 $\pm$ 1.10	0.01	0.01	0.74
RBC* width	6.81 $\pm$ 0.13	7.53 $\pm$ 0.88	6.71 $\pm$ 0.80	0.02	0.71	0.04
Area of RBC*	65.79 $\pm$ 4.23	-	-	0.00	0.06	-
Area of HPC*	-	78.48 $\pm$ 10.3	73.43 $\pm$ 11.3	-	-	0.31
RBC* nucleus length	6.36 $\pm$ 0.49	6.30 $\pm$ 0.36	6.00 $\pm$ 0.32	0.74	0.07	0.07
RBC* nucleus width	3.00 $\pm$ 0.32	3.11 $\pm$ 0.29	2.99 $\pm$ 0.32	0.42	0.96	0.39
Area of RBC* nucleus	15.12 $\pm$ 0.87	15.43 $\pm$ 1.52	14.38 $\pm$ 1.16	0.59	0.13	0.10
Parasite length	-	10.72 $\pm$ 1.08	11.65 $\pm$ 1.40	-	-	0.11
Parasite width	-	2.75 $\pm$ 0.51	2.53 $\pm$ 0.38	-	-	0.29
Area of Parasite	-	29.45 $\pm$ 4.34	29.10 $\pm$ 6.52	-	-	0.89
Parasite nucleus length	-	4.31 $\pm$ 0.86	3.97 $\pm$ 1.10	-	-	0.46
Parasite nucleus width	-	2.07 $\pm$ 0.34	2.01 $\pm$ 0.39	-	-	0.74
Area of nucleus Parasite	-	7.08 $\pm$ 2.13	5.97 $\pm$ 1.73	-	-	0.21
NDR*	-	0.60 $\pm$ 0.19	0.82 $\pm$ 0.14	-	-	0.01

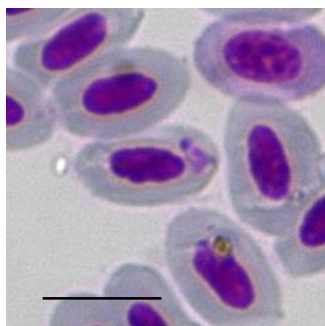
หมายเหตุ* RBC คือ เม็ดเลือดแดง

Mi คือ Microgametocyte

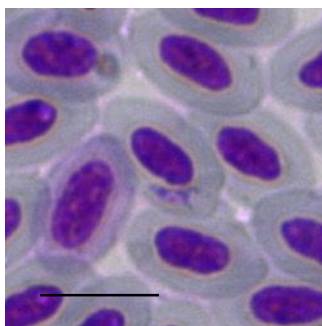
Ma คือ Macrogametocyte

NDR คือ ค่าสัดส่วนการกระจายของนิวเคลียสเซลล์ตัวให้อาศัย

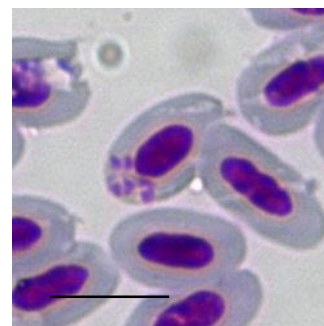
HPC คือ พื้นที่ทับซ้อนระหว่างตัวให้อาศัยและปรสิต (host-parasite complex)



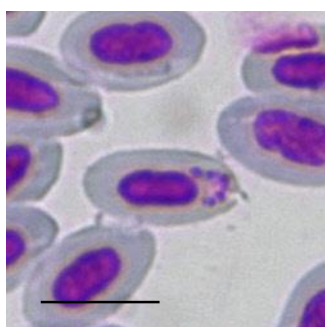
25.1



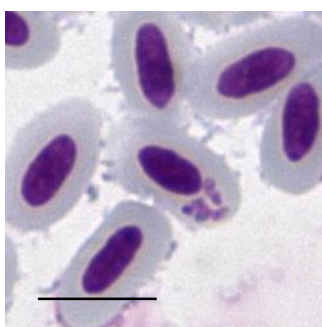
25.2



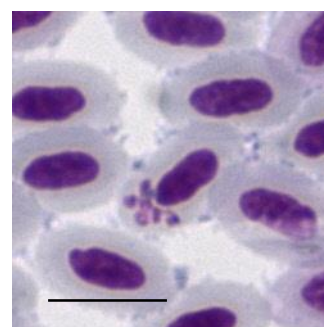
25.3



25.4

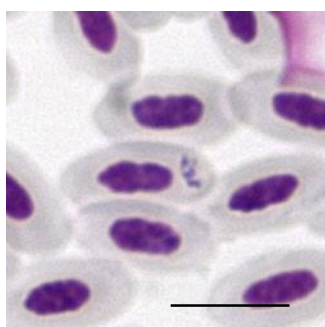


25.5

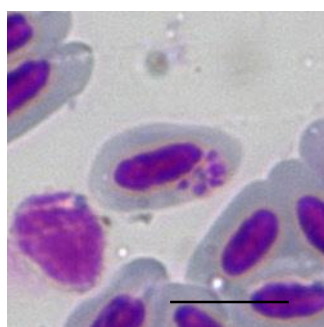


25.6

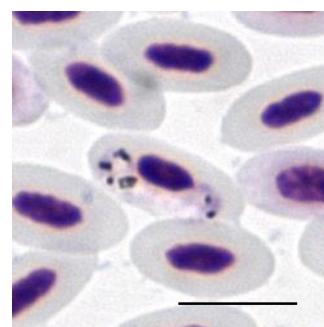
ภาพที่ 25 ปรสิต *Plasmodium vaughani* ในระยะ trophozoites schizonts และ merozoites ในนกพงปากหนา (*Acrocephalus aedon*); ปรสิตในระยะรูกรานเซลล์ตัวให้อาศัยเริ่มที่บริเวณด้านข้างของขั้วเซลล์ ปรสิตนี้แสดงลักษณะคล้ายอมิบา ปรสิตในระยะ trophozoites นี้ไม่พบแวคิวโอล (25.1 ถึง 25.2) ต่อมาปรสิตในระยะ schizonts เริ่มกระบวนการ schizogony (25.3) แบ่งนิวเคลียสปรสิตออกจากกันทำให้ได้นิวเคลียส 4 ถึง 8 นิวเคลียส โดยมากพบ 6 นิวเคลียส ปรสิตในระยะ merozoites (25.4 ถึง 25.6) นิวเคลียสที่ได้จากการแบ่งนิวเคลียสจัดเรียงตัวด้านห่างจากขั้วนิวเคลียสของตัวให้อาศัยมีลักษณะคล้ายพัด ในระยะ merozoites นี้ปรสิตอยู่ห่างจากนิวเคลียส แต่ละ merozoite มักพบ 6 meront (scale bar = 10 μ m)



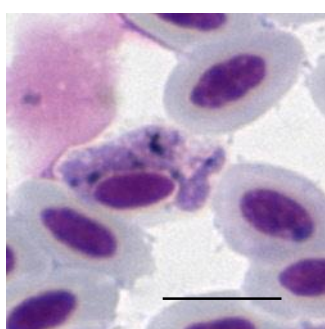
26.1



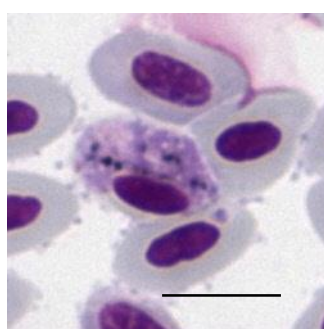
26.2



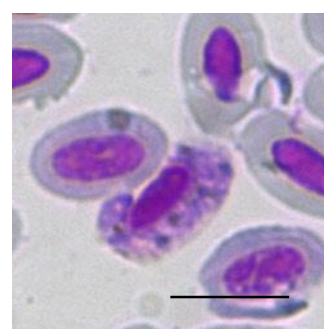
26.3



26.4



26.5



26.6

ภาพที่ 26 ปรสิต *Plasmodium vaughani* ในระยะ merozoites และ gametocyte ในนกพงปากหนา (*Acrocephalus aedon*); ปรสิตในระยะ merozoites (26.1 และ 26.2) ในมุมมองที่แตกต่างกัน ปรสิตในระยะ gametocyte (26.3 ถึง 26.6) พบเม็ดสีกระจายทั่วไปภายในไซโตพลาซึม gametocyte ที่เจริญเต็มที่โอบล้อมขั้วนิวเคลียสทั้งสองด้าน แต่ไม่โอบล้อมโดยรอบ นิวเคลียสของเซลล์เม็ดเลือดแดง ลักษณะโดยทั่วไปของ gametocyte คล้ายคลึงกับ ปรสิตในสกุล *Haemoprotues* (scale bar = 10 μ m)

1.13 *Trypanosoma avium*

ชนิดตัวให้อาศัย (type host):

กระตีดสีอิฐ (*Lonchura malacca*) นกเอี้ยงดำ (*Sturnus contra*) และนกกระจาบอก
ลาย (*Ploceus manyar*)

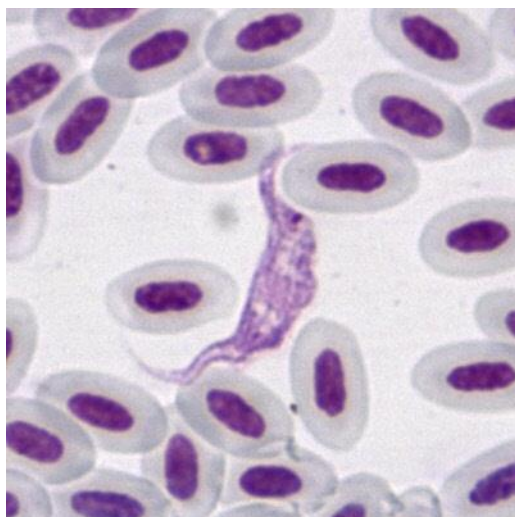
Trypomastigote Form: ปรสิตรูปร่างเรียวยาวตอนปลายทั้งด้านหน้า (anterior) และ
ด้านหลัง (posterior) ส่วนบริเวณกลางตัวเซลล์กว้างกว่าส่วนที่ถักออกมาทางด้านหน้าและด้านหลัง
รูปร่างของปรสิตรูปร่างคล้ายคลึงกับกระสวยทอผ้า (spindle) โดยค่า slenderness (Sle) มีค่าเท่ากับ
 9.34 ± 1.05 (เมื่อค่า Sle มีค่ามากขึ้น แสดงว่าเซลล์ปรสิตรูปร่างเรียวยาวมากขึ้น) โดยค่าเฉลี่ยของ
ความกว้าง (mean body width; mBW) มีค่า 3.32 ± 0.29 ไมโครเมตร เมื่อเปรียบเทียบกับ *T. avium* ที่พบ
ในตัวให้อาศัยทั้งสามชนิด พบว่าค่าความกว้างเฉลี่ยของปรสิตรูปร่างไม่มีความแตกต่างอย่างมีนัยสำคัญ
ในทางสถิติ (P-value = 0.32) เช่นเดียวกับ ค่าเฉลี่ยของความกว้างด้านหน้า (body width - anterior;
BWA) บริเวณนิวเคลียส (body width - at nucleus; BWN) และด้านหลัง (body width - posterior;
BWP) ของเซลล์ปรสิตรูปร่าง โดยมีความแตกต่างอย่างมีนัยสำคัญ (P-value เท่ากับ 0.91 0.05 และ 0.95 ตามลำดับ เมื่อพิจารณาตาม
แนวยาวพบว่า ค่าความยาวเฉลี่ยไม่รวมความยาวของแส้ (flagella free body length; BL) มีค่าเท่ากับ
 30.81 ± 2.82 ไมโครเมตร ในการศึกษาครั้งนี้ไม่พบความแตกต่างอย่างมีนัยสำคัญในทางสถิติของ
ความยาวเฉลี่ยของเซลล์ปรสิตรูปร่างที่พบในตัวให้อาศัย แม้ว่าค่าเฉลี่ยของระยะห่างระหว่าง kinetoplast
และ nucleus (KN) มีความแตกต่างอย่างมีนัยสำคัญ (P-value=0.01) ซึ่งปรสิตรูปร่างที่พบในกระตีดสีอิฐ
(*L. malacca*) มีค่าเฉลี่ยของ KN มากที่สุด รองลงมาคือ ปรสิตรูปร่างที่พบในนกเอี้ยงดำ (*S. contra*) และ
นกกระจาบอกลาย (*P. manyar*) ตามลำดับ ส่วนค่าเฉลี่ยของระยะห่างระหว่าง anterior และ nucleus
(NA) posterior และ nucleus (PN) และ posterior และ kinetoplast (PK) ไม่พบความแตกต่างในทาง
สถิติ ค่าเฉลี่ยของความยาวของบริเวณที่ติดสีจางของส่วนท้ายของเซลล์ปรสิตรูปร่าง (posterior pale
region; PPR) มีค่าเท่ากับ 5.66 ± 1.24 ไมโครเมตร และค่าความยาวเฉลี่ยของแส้ (flagella; Flg) มีค่า
เท่ากับ 28.01 ± 2.92 ไมโครเมตร ตามแนวยาวของปรสิตรูปร่างสามารถสังเกตเห็นเส้นแนวยาวตามลำตัว
(striae หรือ myonema line) จำนวน 4-5 เส้น ติดสีน้ำเงินเข้มสามารถสังเกตเห็นได้อย่างชัดเจน โดย
ที่ kinetoplast อยู่กึ่งกลางระหว่างปลายสุดทางด้าน posterior และ nucleus อยู่ทางด้านใกล้ไปทาง
นิวเคลียส โดยค่าดัชนีที่แสดงตำแหน่งของ kinetoplast หรือ kinetoplast index (KI) มีค่าเท่ากับ

2.68±0.38 (เมื่อค่า KI เท่ากับ 2 เมื่อตำแหน่งของ kinetoplast อยู่กึ่งกลางระหว่างปลายสุดทางด้าน posterior และ nucleus หากมีค่าน้อยกว่า 2 ตำแหน่งของ kinetoplast เข้าใกล้ปลายสุดด้าน posterior แต่ถ้าค่า KI มากกว่า 2 ตำแหน่งของ kinetoplast เข้าใกล้นิวเคลียส) kinetoplast ติดสีชมพูเข้ม อยู่ใกล้นิวเคลียสมากกว่าปลายสุดทางด้าน posterior โดยที่ kinetoplast เป็นจุดเริ่มของแส้ (flagellum) ที่ทอดตัวตามแนวยาวไปทางด้าน anterior พบเยื่อ undulating เชื่อมระหว่างแส้และตัวเซลล์ของปรสิต เป็นบริเวณปรากฏการติดสีจางมาก โดยเยื่อนี้มีความยาวมากที่สุดที่บริเวณกลางตัวแนวเดียวกับนิวเคลียสของเซลล์ปรสิต สามารถสังเกตการเคลื่อนที่ของแส้มีลักษณะคล้ายคลื่นที่ครบรอบประมาณ 2 ถึง 2 รอบครึ่ง ก่อนจะมีการโบกสะบัดอย่างอิสระทางด้าน anterior ของเซลล์ปรสิต ส่วนนิวเคลียสอยู่บริเวณกึ่งกลางของเซลล์ปรสิต จากค่าดัชนีที่แสดงตำแหน่งของนิวเคลียส หรือ nucleus index (NI) โดยใช้ระยะห่างจากปลายสุดทางด้าน anterior และ posterior เป็นตำแหน่งอ้างอิงมีค่าเท่ากับ 0.99±0.15 (เมื่อนิวเคลียสอยู่ตำแหน่งกลางเซลล์ ค่าของ NI เท่ากับ 1 หากน้อยกว่า 1 นิวเคลียสมีตำแหน่งเข้าใกล้ปลายสุดทางด้าน posterior แต่ถ้ามีค่ามากกว่า 1 แสดงว่าตำแหน่งของนิวเคลียสเข้าใกล้ปลายสุดทางด้าน anterior) มีรูปร่างกลมรี ติดสีชมพูจาง อยู่ที่ตำแหน่งกึ่งกลางระหว่างปลายสุดทางด้าน anterior และ posterior ของ Trypomastigote form (ภาพที่ 27) โดยค่าการตรวจวัดทางกายภาพของนิวเคลียส ทั้งค่าเฉลี่ยของความยาว (nucleus length; NuL) ความกว้าง (nucleus width; NuW) และพื้นที่ (nucleus area; NuA) ของนิวเคลียสปรสิต มีค่าเท่ากับ 4.40±0.55 2.85±0.33 ไมโครเมตร และ 9.58±1.53 ตารางไมโครเมตร ตามลำดับ (โดยค่าการตรวจวัดทางกายภาพในรายละเอียด และการเปรียบเทียบค่าต่างๆ ของปรสิตที่พบในตัวให้อาศัยต่างชนิดกัน แสดงในตารางที่ 14)

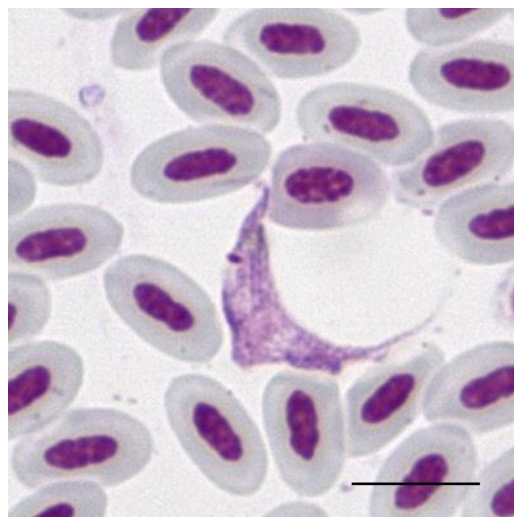
ตารางที่ 14 เปรียบเทียบ morphometric parameter ของ *Trypanosoma avium* ในระยะ Trypomastigote form ที่พบในนกทั้ง 3 ชนิด โดยการวัดค่า morphometric parameter จากปริมาตรจำนวน 10 ตัว ของนกแต่ละชนิด (ค่าเฉลี่ย และค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานมีหน่วยเป็นไมโครเมตร)

morphometric parameter r	<i>T. avium</i>	Host type			pool-SEM	P-value
		t1*	t2*	t3*		
PK	9.48±1.39	9.07±1.08	9.33±1.65	10.06±1.34	0.43	0.26
KN	5.77±0.77	6.33±0.73	5.41±0.74	5.56±0.56	0.22	0.01
NA	15.56±2.10	14.99±1.68	15.48±1.46	16.20±2.90	0.67	0.44
PN	15.25±1.43	15.40±1.33	14.74±1.48	15.61±1.48	0.45	0.38
BL	30.81±2.82	30.38±2.29	30.22±2.19	31.82±3.72	0.89	0.39
BWA	2.52±0.25	2.49±0.36	2.54±0.19	2.52±0.18	0.08	0.91
BWN	4.70±0.63	5.09±0.64	4.56±0.42	4.45±0.66	0.18	0.05
BWP	2.72±0.38	2.70±0.33	2.73±0.32	2.75±0.50	0.12	0.95
mBW	3.32±0.29	3.43±0.24	3.28±0.21	3.24±0.38	0.09	0.32
NuL	4.40±0.55	4.44±0.52	4.68±0.49	4.09±0.51	0.16	0.05
NuW	2.85±0.33	2.79±0.39	2.90±0.39	2.85±0.20	0.11	0.78
NuA	9.58±1.53	9.49±1.53	10.42±1.00	8.83±1.66	0.45	0.06
PPR	5.66±1.24	4.91±1.41	6.11±1.21	5.97±0.76	0.37	0.06
Flg	28.01±2.92	28.91±3.61	26.66±2.33	28.46±2.42	0.90	0.19
KI	2.68±0.38	2.45±0.23	2.77±0.49	2.83±0.29	0.11	0.05
NI	0.99±0.15	1.04±0.15	0.96±0.12	0.99±0.17	0.05	0.49
Sle	9.34±1.05	8.88±0.45	9.26±1.05	9.89±1.30	0.32	0.09

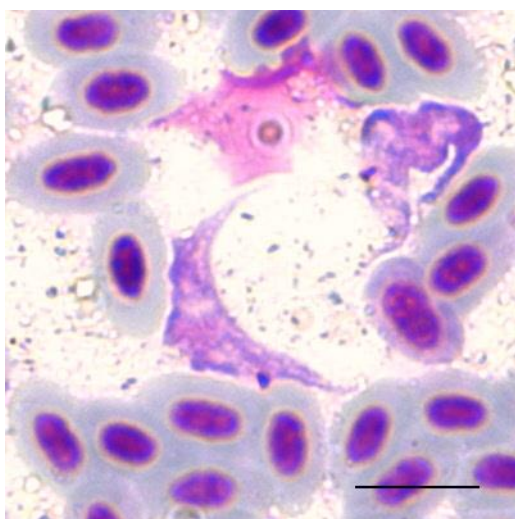
หมายเหตุ* t1, t2 และ t3 คือ ปริมาตรที่พบในกระดิดสีอิฐ (*Lonchura malacca*) นกเอี้ยงต่าง (*Sturnus contra*) และนกกระจาบบอกลาย (*Ploceus manyar*) ตามลำดับ



27.1



27.2



27.3



27.4

ภาพที่ 27 *Trypanosoma avium* ระยะ trypomastigote ในกระต๊ดสีอิฐ (*Lonchura malacca*) นกเอี้ยง
 ดำ (*Sturnus contra*) และนกกระจาบอกลาย (*Ploceus manyar*); (27.1 และ 27.2)
 trypomastigote จากนกกระต๊ดสีอิฐ (27.3) trypomastigote จากนกเอี้ยงดำ (27.4)
 trypomastigote จากนกกระจาบอกลาย (scale bar = 10 μ m)

ในประเทศไทยพบการแพร่ระบาดของปรสิตโปรโตซัวในเลือดในสกุล *Trypanosoma* ทั้งในสัตว์เลี้ยง และสัตว์เศรษฐกิจ ได้แก่ ม้า วัว และสุกร การติดเชื้อปรสิตชนิดนี้มีแมลงดูดเลือดในอันดับ Diptera โดยเฉพาะแมลงในสกุล *Tabanus* ที่สามารถพบได้ทั่วไปคือ เหลือบ ซึ่งมีสมาชิกในสกุลนี้นับพันชนิด มักมีแหล่งที่อยู่อาศัยใกล้บริเวณที่มีปศุสัตว์ เป็นสาเหตุที่ทำให้ปรสิต *trypanosome* นี้ มีการติดเชื้อในวัว รวมทั้งสามารถพบการแพร่ระบาดของปรสิตชนิดนี้ในสุกร ซึ่งทำให้เกิดปัญหาอีกประการหนึ่งทางด้านสุขภาพของปศุสัตว์ และการสัตว์บาล จนอาจจัดเป็นโรคอุบัติใหม่ (emerging disease) จึงมีการศึกษาวิจัยในหลากหลายด้านที่เกี่ยวข้องกับปรสิตในสกุลนี้ ทั้งพยาธิสภาพต่อสัตว์ที่ติดเชื้อ การแพร่ระบาดของเชื้อในปศุสัตว์ รวมทั้งการศึกษาทางพันธุกรรม ในการตรวจระบุชนิด และการวิเคราะห์สายสัมพันธ์ของปรสิตในสกุลนี้ที่พบต่างตัวให้อาศัยกัน การศึกษาในครั้งนี้ใช้การตรวจวัดทางกายภาพ เพื่อใช้ประกอบการบรรยายลักษณะของปรสิตเป็นหลัก จึงทำการเปรียบเทียบรูปร่างลักษณะของปรสิตในระยะ Trypomastigote ในสกุล *Trypanosoma* ต่างชนิดและต่างตัวให้อาศัย เพื่อเป็นข้อมูลพื้นฐานในการเปรียบเทียบลักษณะทางกายภาพในการตรวจระบุชนิดในการศึกษาครั้งต่อไป

การเปรียบเทียบรูปร่างลักษณะของ Trypomastigote ของ *T. avium* และ *T. evansi* พบว่า ปรสิตทั้งสองชนิดมีรูปร่างคล้ายกระสวย ไซโตพลาซึมติดสีน้ำเงินเข้ม แม้ *T. evansi* มีรูปร่างเรียวยาวมากกว่า เนื่องจาก *T. avium* มีการเจริญในแนวกว้างมากกว่า โดยพบว่าค่า BWN และ BWP มีค่ามากกว่า แม้ความยาวของเซลล์ปรสิตของ *T. avium* จะยังคงมีค่ามากกว่าอย่างมีนัยสำคัญก็ตาม ส่งผลให้ค่าดัชนีของความเรียวยาวของ *T. avium* มีค่าเท่ากับ 9.34 ± 1.05 ซึ่งน้อยกว่าอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติยิ่ง (P-value = 0.00) โดยค่าดัชนีเดียวกันนี้ของ *T. evansi* ที่มีค่ามากถึง 11.68 ± 1.38 เมื่อพิจารณาที่นิวเคลียส พบว่านิวเคลียสติดสีชมพูเข้ม มีรูปร่างกลมรีคล้ายไข่ อยู่ระหว่างด้าน anterior และ posterior โดยพื้นที่นิวเคลียสของ *T. avium* มีขนาดที่มากกว่าในทางสถิติ ส่วนค่าดัชนีของนิวเคลียส (NI) ของ *T. evansi* มีค่ามากกว่า (P-value = 0.00) ค่าของ *T. avium* ซึ่งมีค่าดัชนีของนิวเคลียสเท่ากับ 1.00 ± 0.15 แสดงว่า นิวเคลียสของ *T. evansi* มีตำแหน่งใกล้บริเวณปลายสุดทางด้าน anterior ในขณะที่ *T. avium* มีนิวเคลียสที่อยู่บริเวณกึ่งกลางระหว่างปลายสุดทางด้าน anterior และ posterior ของเซลล์ปรสิต ส่วน kinetoplast ของปรสิต *T. avium* และ *T. evansi* มีลักษณะกลมรีคล้ายรูปไข่ อยู่ระหว่างนิวเคลียสและปลายทางด้าน posterior ของปรสิต เป็นจุดเริ่มของเส้นที่ทอดตัวตามแนวยาวของเซลล์ปรสิตไปทางปลายสุดด้าน anterior พบเยื่อ undulating เชื่อมระหว่างเซลล์ปรสิตและเส้น

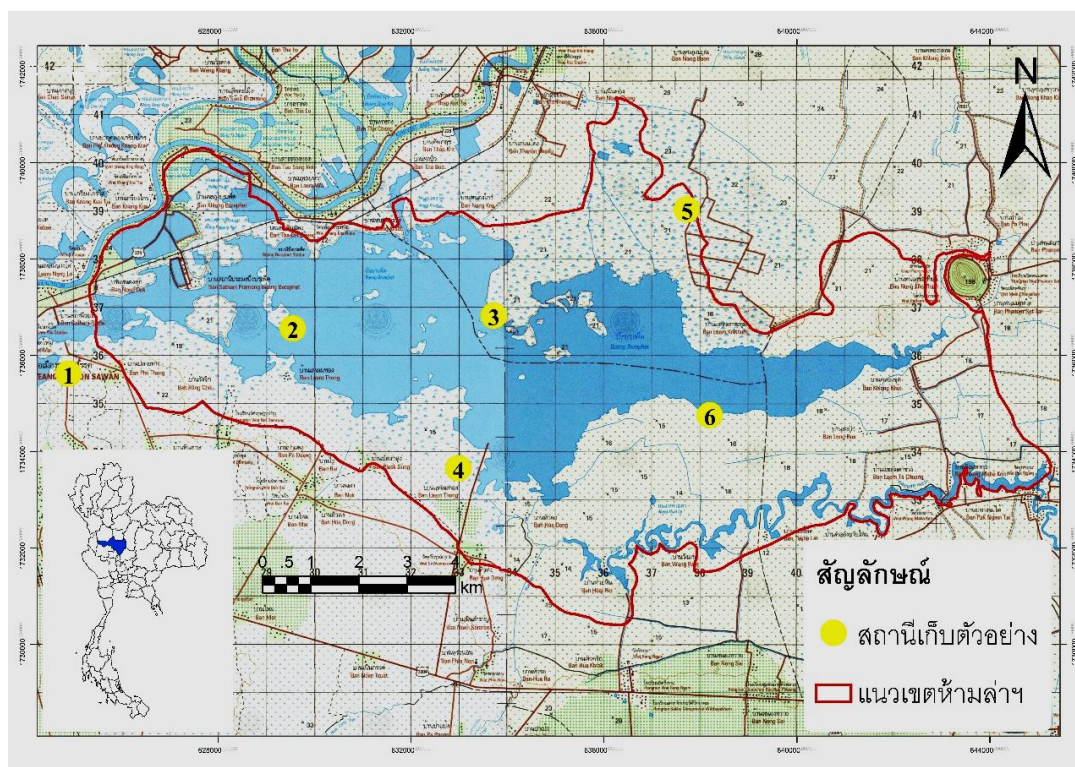
จนถึงปลายสุดทางด้าน anterior การสะบัดของแส้มีลักษณะคล้ายถูกคลื่นทางด้านใดด้านหนึ่งตามแนวยาวของเซลล์ปรสิต ไม่พบความแตกต่างระหว่างปรสิตทั้งสองชนิด ส่วนตำแหน่งของ kinetoplast ของปรสิตทั้งสองชนิดนี้มีความแตกต่างอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง (P-value =0.00) จากค่าดัชนีของ kinetoplast (KI) ของ *T. avium* เท่ากับ 2.68 ± 0.38 ส่วน *T. evansi* เท่ากับ 1.40 ± 0.13 แสดงให้เห็นว่า kinetoplast ของ *T. avium* อยู่ใกล้นิวเคลียสมากกว่า หรือ kinetoplast อยู่ห่างจากปลายทางด้าน posterior มากกว่า *T. evansi* (การเปรียบเทียบค่าการตรวจวัด แสดงในตารางที่ 15)

ตารางที่ 15 เปรียบเทียบ morphometric parameter ระหว่าง *Trypanosoma avium* และ *T. evansi* ในระยะ Trypomastigote form โดยการวัดค่า morphometric parameter จากปรสิตจำนวน 30 ตัว (ค่าเฉลี่ย และค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานมีหน่วยเป็นไมโครเมตร)

morphometric parameter	Trypanosome		P-value
	<i>T. avium</i>	<i>T. evansi</i>	
PK	9.48 ± 1.39	3.06 ± 0.99	0.00
KN	5.77 ± 0.77	7.60 ± 0.99	0.00
NA	15.56 ± 2.10	7.55 ± 1.58	0.00
PN	15.25 ± 1.43	10.66 ± 1.58	0.00
BL	30.81 ± 2.82	18.20 ± 2.40	0.00
BWN	4.70 ± 0.63	2.12 ± 0.32	0.00
BWP	2.72 ± 0.38	1.39 ± 0.29	0.00
NuL	4.40 ± 0.55	3.02 ± 0.43	0.00
NuW	2.85 ± 0.33	1.51 ± 0.26	0.00
NuA	9.58 ± 1.53	3.54 ± 0.98	0.00
PPR	5.66 ± 1.24	5.17 ± 0.89	0.13
Flg	28.01 ± 2.92	31.72 ± 4.10	0.00
KI	2.68 ± 0.38	1.40 ± 0.13	0.00
NI	1.00 ± 0.15	1.46 ± 0.32	0.00
Sle	9.34 ± 1.05	11.68 ± 1.38	0.00

2. การศึกษาการติดเชื่อปรสิตโปรโตซัวในเลือดนกตัวให้อาศัยในเขตพื้นที่บึงบอระเพ็ด

การศึกษาปรสิตโปรโตซัวในเลือดของนกตัวให้อาศัยโดยการดักจับนกด้วยตาข่ายดักนก (mist net) ในปี พ.ศ. 2552 ถึง 2553 ภายในพื้นที่เขตบึงบอระเพ็ดตามสถานีดักจับนกตัวอย่างจำนวน 6 สถานี (ภาพที่ 28) พบนกจำนวน 6 อันดับ 15 วงศ์ 35 ชนิด ประกอบด้วยนกอพยพ (migratory birds) และนกประจำถิ่น (resident birds) จำนวนทั้งสิ้น 633 ตัว พบนกที่ติดเชื่อปรสิตโปรโตซัวในเลือดจำนวนเพียง 2 อันดับ 6 วงศ์ ได้แก่ อันดับ Ciconiiformes พบปรสิตโปรโตซัวในเลือดเฉพาะนกในวงศ์ Ardeidae คือ นกยางไฟหัวดำ (*Ixobrychus sinensis*) พบการติดเชื่อปรสิตโปรโตซัวในเลือดจำนวน 2 สกุล และอันดับ Passeriformes ซึ่งนกกลุ่มหลักที่พบในการศึกษานี้ พบนกที่ติดเชื่อปรสิตโปรโตซัวในเลือดจำนวน 5 วงศ์ จาก 8 วงศ์ โดยที่นกตัวให้อาศัยในวงศ์ Corvidae พบนกที่มีการติดเชื่อปรสิตเพียงสกุลเดียวทั้งในนกอีแรดแถบอกดำ (*Rhipidura javanica*) และ นกแซงแซวหางปลา (*Dicrurus macrocerus*) นกในวงศ์ Sturnidae พบปรสิตโปรโตซัวในเลือดจำนวน 2 สกุลจากนกเอี้ยงดำ (*Sturnus contra*) ส่วนนกในวงศ์ Pycnonotidae พบปรสิตในนกตัวให้อาศัยสองชนิด โดยพบปรสิตเพียงสกุลเดียว ส่วนวงศ์ Sylviidae พบปรสิตโปรโตซัวในเลือดสองสกุล และหนอนพยาธิตัวกลม Microfilaria เฉพาะในนกสกุล *Acrocephalus* ทั้งสามชนิดเท่านั้น ในขณะที่นกในวงศ์ Passeridae พบนกที่ติดเชื่อปรสิตโปรโตซัวถึง 4 ชนิดจากนกที่ใช้ศึกษาจำนวน 5 ชนิด และพบปรสิตโปรโตซัวทั้ง 3 สกุล และเป็นที่น่าสังเกตว่า นกกระต๊าก (*Lonchura punctulata*) มีความชุกของการติดเชื่อปรสิตที่สูง พบนกที่ติดเชื่อปรสิตโปรโตซัวในเลือดถึง 42 ตัว จากจำนวนนกที่นำมาศึกษา 62 ตัว (ตารางที่ 16)



ภาพที่ 28 แผนที่เขตห้ามล่าสัตว์ป่าบึงบอระเพ็ด และสถานที่เก็บตัวอย่างทั้ง 6 สถานที่ ดังนี้

สถานที่ที่ 1 ชื่อ อนุสาวรีย์นกเจ้าฟ้าหญิงสิรินธร

สถานที่ที่ 2 ชื่อ โครงการศึกษาการพัฒนาการเพาะเลี้ยงประมงน้ำจืดเชิงพาณิชย์

สถานที่ที่ 3 ชื่อ เกาะวัด

สถานที่ที่ 4 ชื่อ หน่วยพิทักษ์ป่า (ชั่วคราว) แหลมตาเล็ง

สถานที่ที่ 5 ชื่อ ฝ่ายท่อน้ำ กรมประมง

สถานที่ที่ 6 ชื่อ หน่วยพิทักษ์ป่าเนินระฆัง

ตารางที่ 16 ผลการศึกษาปรสิตโปรโตซัวในเลือดในสกุล *Haemoproteus Plasmodium Trypanosoma avium* และปรสิตหนอนตัวกลม *Microfilaria* ในตัวให้อาศัยแต่ละชนิด เมื่อ N คือ จำนวนนกตัวอย่าง (Number of birds, examined)

วงศ์ของตัวให้อาศัย (อันดับ)	ชนิดตัวให้อาศัย	N*	จำนวนนกตัวให้อาศัยที่ติดเชื้อปรสิต			
			H ¹	P ²	T ³	M ⁴
Alcedinidae (Coraciiformes)	<i>Alcedo atthis</i>	3	-	-	-	-
Meropidae (Coraciiformes)	<i>Merops philippinus</i>	1	-	-	-	-
Cuculidae (Cuculiformes)	<i>Cacomantis merulinus</i>	16	-	-	-	-
Columbidae (Columbiformes)	<i>Geopelia striata</i>	9	-	-	-	-
Rallidae (Gruiformes)	<i>Porzana fusca</i>	1	-	-	-	-
Rostratulidae (Ciconiformes)	<i>Rostratula benghalensis</i>	2	-	-	-	-
Ardeidae (Ciconiformes)	<i>Ixobrychus sinensis</i>	28	1	5	-	-
	<i>Ixobrychus cinnamomeus</i>	1	-	-	-	-
Laniidae (Passeriformes)	<i>Lanius cristatus</i>	1	-	-	-	-
	<i>Lanius schach</i>	19	-	-	-	-
Corvidae (Passeriformes)	<i>Rhipidura javanica</i>	38	1	-	-	-
	<i>Dicrurus macrocercus</i>	28	28	-	-	-
	<i>Hypothymis azurea</i>	1	-	-	-	-
	<i>Aegithina tiphia</i>	2	-	-	-	-
Musicapidae (Passeriformes)	<i>Ficedula zanthopygia</i>	1	-	-	-	-
	<i>Ficedula parva</i>	5	-	-	-	-
	<i>Luscinia calliope</i>	2	-	-	-	-
	<i>Copsychus saularis</i>	10	-	-	-	-
Sturnidae (Passeriformes)	<i>Sturnia malabarica</i>	3	-	-	-	-
	<i>Sturnus contra</i>	43	-	9	1	-
	<i>Acridotheres grandis</i>	2	-	-	-	-
Pycnonotidae (Passeriformes)	<i>Pycnonotus goiavier</i>	5	1	-	-	-
	<i>Pycnonotus blanfordi</i>	41	11	-	-	-
Cisticolidae (Passeriformes)	<i>Prinia inornata</i>	37	-	-	-	-

ตารางที่ 16 (ต่อ)

วงศ์ของตัวให้อาศัย (อันดับ)	ชนิดตัวให้อาศัย	N*	จำนวนนกตัวให้อาศัยที่ติดเชื้อปรสิต			
			H ¹	P ²	T ³	M ⁴
Sylviidae (Passeriformes)	<i>Acrocephalus bistrigiceps</i>	6	1	-	-	1
	<i>Acrocephalus orientalis</i>	87	12	-	-	2
	<i>Acrocephalus aedon</i>	6	-	2	-	-
	<i>Phylloscopus fuscatus</i>	12	-	-	-	-
	<i>Megalurus palustris</i>	30	-	-	-	-
	<i>Timalia pileata</i>	3	-	-	-	-
Passeridae (Passeriformes)	<i>Ploceus manyar</i>	40	-	-	1	-
	<i>Ploceus philippinus</i>	51	5	-	-	-
	<i>Ploceus hypoxanthus</i>	30	-	-	-	-
	<i>Lonchura punctulata</i>	62	41	1	-	-
	<i>Lonchura malacca</i>	7	-	-	1	-

หมายเหตุ* ¹H คือ *Haemoproteus*., ²P คือ *Plasmodium*, ³T คือ *Trypanosoma avium*, และ ⁴M คือ ปรสิตหนอนตัวกลม microfilaria

2.1 การศึกษาค่าความชุกของการติดเชื้อปรสิตโปรโตซัวในเลือดนกตัวให้อาศัยแต่ละชนิด

ค่าความชุก (prevalence) ของการติดเชื้อปรสิตโปรโตซัวในเลือดในกลุ่มประชากรนกในพื้นที่บึงบอระเพ็ดจากการศึกษาในครั้งนี้จำนวนทั้งสิ้น 633 ตัว พบปรสิตโปรโตซัวในเลือดจำนวน 99 ตัว โดยมีค่าความชุกของการติดเชื้อคิดเป็นร้อยละ 15.64 ± 0.60 ที่ช่วงเชื่อมั่นที่ร้อยละ 95 อยู่ระหว่าง 14.46 และ 16.82 พบการติดเชื้อปรสิตโปรโตซัวในเลือดจากปรสิต 4 กลุ่มคือ ปรสิตโปรโตซัวในเลือดสกุล *Haemoproteus*, *Plasmodium* และ *Trypanosoma* และปรสิตโปรโตซัวในเลือดกลุ่ม ปรสิตหนอนตัวกลม microfilaria พบการติดเชื้อทั้งในนกตัวให้อาศัยชนิดเดียวกันและต่างชนิดกัน โดยที่ค่า $\chi^2 = 70.421$, $df = 12$, $P\text{-value} = 0.00$ หรือชนิดของนกที่ติดเชื้อปรสิตมีอิทธิพลต่อการติดเชื้อปรสิตแต่ละสกุลมีความแตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญยิ่งทางสถิติ โดยพบการติดเชื้อปรสิตในสกุล *Haemoproteus* มีค่าความชุกสูงสุดคิดเป็นร้อยละ 12.01 ± 0.46 ที่ช่วงเชื่อมั่นที่ร้อยละ 95 (95% CI) อยู่ระหว่าง 11.11 และ 12.90 ปรสิตสกุลที่มีค่าความชุกรองลงมาก็คือ *Plasmodium* คิดเป็น

ร้อยละ 2.69 ± 0.08 (95% CI, 2.52-2.85) ในขณะที่ค่าความชุกของการติดเชื้อของปรสิตสกุล *Trypanosoma* และกลุ่ม ปรสิตหนอนตัวกลม *microfilaria* มีค่าเท่ากันคิดเป็นร้อยละ 0.47 ± 0.02 (95%, 0.44-0.51) (ตารางที่ 17)

ค่าความชุกของปรสิตโปรโตซัวแต่ละชนิดที่พบในนกตัวให้อาศัยชนิดต่างๆ โดยนกตัวให้อาศัยต่างชนิดกันที่พบการติดเชื้อปรสิตโปรโตซัวในเลือดในสกุล *Haemoproteus* โดยที่ค่า $\chi^2 = 0.85$, $df = 8$ P-value = 0.99 แสดงว่าชนิดของนกตัวให้อาศัยแต่ละชนิดไม่มีอิทธิพลต่อความแตกต่างต่อค่าความชุกและความหนาแน่นของการติดเชื้อปรสิตสกุล *Haemoproteus* โดยที่ *Haemoproteus orizivora* พบในนกกระตักขี้หนู (*Lonchura punctulata*) ซึ่งพบนกตัวให้อาศัยที่มีการติดเชื้อปรสิตชนิดนี้ถึง 41 ตัว จากนกตัวให้อาศัยทั้งหมด 62 ตัว คิดค่าความชุกของการติดเชื้อปรสิตชนิดนี้เป็นร้อยละ 66.13 ± 2.61 (95% CI, 61.02-71.24) ซึ่งเป็นค่าความชุกสูงสุดในการศึกษาในครั้งนี้ รองลงมาคือ *H. otocompsae* ที่พบในนกปรอดสวน (*Pycnonotus blanfordi*) และ *H. sanguinis* ซึ่งเป็นปรสิตที่พบในนกหน้าवल (*Pycnonotus goiavier*) ที่มีค่าความชุกของการติดเชื้อคิดเป็นร้อยละ 26.83 ± 1.05 (95% CI, 24.78-28.88) และ 20.00 ± 0.77 (95% CI, 18.48-21.52) ตามลำดับ ในขณะที่ *H. fallisi*, *H. herodiadis* และ *H. passeris* ที่พบในนกตัวให้อาศัยคือ นกอีแพรดแถบอกดำ (*Rhipidura javanica*) นกยางไฟหัวดำ (*Ixobrychus sinensis*) และ นกกระจาบธรรมดา (*Ploceus philippinus*) เป็นปรสิตที่มีค่าความชุกน้อยที่สุดตามลำดับ และเป็นที่น่าสังเกตว่า *H. payevski* สามารถพบได้ในนกตัวให้อาศัยสกุล *Acrocephalus* ถึง 2 ชนิด คือ นกพงกั่วดำ (*A. bistrigiceps*) และ นกพงใหญ่พันธุ์ญี่ปุ่น (*A. orientalis*) ที่มีค่าความชุกของการติดเชื้อคิดเป็นร้อยละ 16.67 ± 0.64 (95% CI, 15.41-17.93) และ 13.79 ± 0.53 (95% CI, 12.76-14.83) ตามลำดับ (ตารางที่ 17)

การศึกษาในครั้งนี้พบนกที่ติดเชื้อปรสิตในสกุล *Plasmodium* จำนวน 4 ชนิด คือ นกยางไฟหัวดำ (*Ixobrychus sinensis*) นกเอี้ยงดำ (*Sturnus contra*) นกพงกั่วดำ (*Acrocephalus aedon*) และ นกกระตักขี้หนู (*Lonchura punctulata*) ที่ติดเชื้อปรสิต *P. elongatum*, *P. lophurae*, *P. vaughani* และ *P. circumflexum* ตามลำดับ ค่าความชุกของปรสิตสกุล *Plasmodium* แต่ละชนิดที่พบในนกตัวให้อาศัยชนิดต่างๆ มีค่า $\chi^2 = 0.00$, $df = 3$, P-value = 1.00 แสดงว่าชนิดของนกตัวให้อาศัยแต่ละชนิดไม่มีอิทธิพลต่อความแตกต่างต่อค่าความชุกและความหนาแน่นการติดเชื้อปรสิตสกุล *Plasmodium* โดยที่ความชุกของการติดเชื้อปรสิต *P. vaughani* มีค่ามากที่สุด รองลงมาคือ *P.*

lophurae, *P. elongatum* และ *P. circumflexum* โดยมีค่าความชุกคิดเป็นร้อยละ 33.33 ± 1.30 (95% CI, 30.78-35.89), 20.93 ± 0.81 (95% CI, 19.34-22.52), 17.86 ± 0.69 (95% CI, 16.51-19.21) และ 1.61 ± 0.04 (95% CI, 1.54-1.69) ตามลำดับ ส่วนปรสิตในสกุล *Trypanosoma* ในการศึกษาในครั้งนี้ พบเพียงชนิดเดียวคือ *Trypanosoma avium* ($\chi^2 = 2.00$, df = 2, P-value = 0.37)

ตารางที่ 17 ค่าความชุก (Prevalence) ของการติดเชื้อปรสิตโปรโตซัวในเลือด และเชื้อพยาธิ *Microfilaria* แต่ละชนิด ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน และช่วงเชื่อมั่น (CI) ที่ร้อยละ 95 ของตัวให้อาศัยแต่ละชนิด

ชนิดตัวให้อาศัย	ชนิดของปรสิต	N*	n**	%	95% CI	
นกตัวให้อาศัยทั้งหมด	<i>Haemoproteus</i> spp.	633	76	12.01 ± 0.46	12.90	11.11
	<i>Plasmodium</i> spp.		17	2.69 ± 0.08	2.85	2.52
	<i>Trypanosoma avium</i>		3	0.47 ± 0.02	0.51	0.44
	<i>Microfilaria</i>		3	0.47 ± 0.02	0.51	0.44
	ปรสิตทุกชนิด		99	15.64 ± 0.60	16.82	14.46
ตัวให้อาศัยที่ติดเชื้อปรสิตสกุล <i>Haemoproteus</i>						
<i>Ixobrychus sinensis</i>	<i>Haemoproteus herodiadis</i>	28	1	3.57 ± 0.12	3.81	3.34
<i>Rhipidura javanica</i>	<i>Haemoproteus fallisi</i>	38	1	2.63 ± 0.08	2.79	2.47
<i>Dicrurus macrocercus</i>	<i>Haemoproteus dicruri</i>	28	3	10.71 ± 0.41	11.51	9.92
<i>Pycnonotus goiavier</i>	<i>Haemoproteus sanguinis</i>	5	1	20.00 ± 0.77	21.52	18.48
<i>Pycnonotus blanfordi</i>	<i>Haemoproteus otocompsae</i>	41	11	26.83 ± 1.05	28.88	24.78
<i>Acrocephalus bistrigiceps</i>	<i>Haemoproteus payevski</i>	6	1	16.67 ± 0.64	17.93	15.41
<i>Acrocephalus orientalis</i>	<i>Haemoproteus payevski</i>	87	12	13.79 ± 0.53	14.83	12.76
<i>Ploceus philippinus</i>	<i>Haemoproteus paseris</i>	51	5	9.80 ± 0.37	10.53	9.08
<i>Lonchura punctulata</i>	<i>Haemoproteus orizivora</i>	62	41	66.13 ± 2.61	71.24	61.02
ตัวให้อาศัยที่ติดเชื้อปรสิตสกุล <i>Plasmodium</i>						
<i>Ixobrychus sinensis</i>	<i>Plasmodium elongatum</i>	28	5	17.86 ± 0.69	19.21	16.51
<i>Sturnus contra</i>	<i>Plasmodium lophurae</i>	43	9	20.93 ± 0.81	22.52	19.34
<i>Acrocephalus aedon</i>	<i>Plasmodium vauhani</i>	6	2	33.33 ± 1.30	35.89	30.78
<i>Lonchura punctulata</i>	<i>Plasmodium circumflexum</i>	62	1	1.61 ± 0.04	1.69	1.54

ตารางที่ 17 (ต่อ)

ชนิดตัวให้อาศัย	ชนิดของปรสิต	N*	n**	%	95% CI	
ตัวให้อาศัยที่ติดเชื้อปรสิตสกุล <i>Trypanosoma</i>						
<i>Sturnus contra</i>	<i>Trypanosoma avium</i>	43	1	2.33±0.07	2.46	2.19
<i>Ploceus manyar</i>	<i>Trypanosoma avium</i>	40	1	2.50±0.08	2.65	2.35
<i>Lonchura malacca</i>	<i>Trypanosoma avium</i>	7	1	14.29±0.55	15.36	13.21
ตัวให้อาศัยที่ติดเชื้อปรสิต <i>Microfilaria</i>						
<i>Acrocephalus bistrigiceps</i>	<i>Microfilaria</i>	6	1	16.67±0.64	17.93	15.41
<i>Acrocephalus orientalis</i>	<i>Microfilaria</i>	87	2	2.30±0.07	2.43	2.16

หมายเหตุ* N คือ จำนวนนกตัวอย่าง (Number of birds, examined)

**n คือ จำนวนนกตัวอย่างตัวให้อาศัยที่ติดเชื้อปรสิตแต่ละชนิด (Number of birds, infected)

พบในตัวให้อาศัย 3 ชนิดคือ นกกระตีดสีอิฐ (*Lonchura malacca*) นกกระจาบอกลาย (*Ploceus manyar*) และนกเอี้ยงด่าง (*Sturnus contra*) โดยมีค่าความชุกของการติดเชื้อปรสิตคิดเป็นร้อยละ 14.29±0.55 (95% CI, 13.21-15.36) 2.50±0.08 (95% CI, 2.35-2.65) และ 2.33±0.07 (95% CI, 2.19-2.46) ตามลำดับ ปรสิตโปรโตซัวในเลือดอีกกลุ่มที่พบในการศึกษาค้างนี้คือ ปรสิตหนอนตัวกลม *microfilaria* พบปรสิตในกลุ่มนี้เฉพาะในตัวให้อาศัยในสกุล *Acrocephalus* เท่านั้น โดยมีค่าความชุกของการติดเชื้อปรสิตหนอนตัวกลม *Microfilaria* ($\chi^2 = 0.50$, $df = 1$, $P\text{-value} = 0.48$) คิดเป็นร้อยละ 16.67±0.64 (95% CI, 15.41-17.93) ในนกพังก้าวดำ (*A. bistrigiceps*) ส่วนในนกพังก้าวใหญ่พันธุ์ญี่ปุ่น (*A. orientalis*) ที่มีค่าความชุกของการติดเชื้อปรสิตนี้เพียงร้อยละ 2.30±0.07 (95% CI, 2.16-2.43) เท่านั้น (ตารางที่ 17)

2.2 การศึกษาความหนาแน่นของการติดเชื้อปรสิต (intensity of infection) และระดับความหนาแน่นของการติดเชื้อปรสิต

ความหนาแน่นของการติดเชื้อปรสิตใน 10,000 เซลล์เม็ดเลือดแดง พบว่า *Haemoproteus orizivora* ที่พบในนกกระต่ายหูหนู (*Lonchura punctulata*) ที่มีความหนาแน่นของการติดเชื้อมากถึง 61.33 ± 77.31 เซลล์ใน 10,000 เซลล์เม็ดเลือดแดง พบจำนวนเซลล์เม็ดเลือดแดงที่ติดเชื้อโดยเฉลี่ย 45.42 ± 44.15 เซลล์ในผู้ที่ติดเชื้อจำนวน 26 ตัว รองลงมาคือ *H. sanguinis* ที่พบการติดเชื้อในนกปรอดสวน (*Pycnonotus blanfordi*) ใน 10,000 เซลล์เม็ดเลือดแดงของนกชนิดนี้พบการติดเชื้อของปรสิต *H. sanguinis* โดยเฉลี่ย 10.29 ± 21.73 เซลล์ แต่โดยทั่วไปแล้วความหนาแน่นของการติดเชื้อของปรสิตในสกุล *Haemoproteus* เมื่อพิจารณาตามเกณฑ์ของ Ashford หรือ Ashford's scale พบว่าระดับความหนาแน่นของการติดเชื้อของปรสิตสกุลนี้สามารถพบได้ในทุกระดับการติดเชื้อ โดยพบความหนาแน่นของการติดเชื้อในระดับที่ 1 เป็นระดับที่พบความหนาแน่นของการติดเชื้อสูงที่สุดอย่างมีนัยสำคัญยิ่ง ($P\text{-value} < 0.00$) คิดเป็นร้อยละ 4.05 ของประชากรนกทั้งหมด รองลงมาเป็นความหนาแน่นที่ระดับ 2, 3, และ 4 ตามลำดับ ส่วนความหนาแน่นของการติดเชื้อปรสิตในสกุล *Plasmodium* พบการติดเชื้อในนกตัวให้อาศัยในระดับที่ต่ำ โดยพบการติดเชื้อระดับที่ 1 คิดเป็นร้อยละ 1.78 ของประชากรนกทั้งหมดในการศึกษานี้ และนกตัวให้อาศัยที่ติดเชื้อปรสิตสกุล *Plasmodium* นี้มีความหนาแน่นของการติดเชื้อในระดับที่ 1 นี้เป็นส่วนใหญ่ ($P\text{-value} < 0.00$) แต่สามารถพบความหนาแน่นของการติดเชื้อได้ทั้งในระดับ 2, 3 และ 4 ได้ตามลำดับ เมื่อเปรียบเทียบการติดเชื้อปรสิตต่อจำนวนเซลล์เม็ดเลือดแดง พบว่า *Plasmodium circumflexum* มีความหนาแน่นมากกว่า การติดเชื้อปรสิต *Plasmodium* สำหรับการศึกษานี้ ซึ่งสามารถพบการติดเชื้อ *P. circumflexum* ได้ถึง 5.85 เซลล์เม็ดเลือดแดงใน 10,000 เซลล์ รองลงมา คือ *P. vaughani*, *P. elongatum* และ *P. lophurae* ตามลำดับ ในขณะที่ความหนาแน่นของการติดเชื้อปรสิต *Trypanosoma avium* ในนกกระต่ายหูหนู (*L. punctulata*) สามารถพบได้ถึง 109.5 เซลล์ในจำนวนเม็ดเลือดแดงที่ใช้พิจารณาเท่านั้น ส่วนระดับความหนาแน่นของการติดเชื้ออยู่ในระดับปานกลาง (ระดับ 1 และ 2) เท่านั้น แต่การติดเชื้อปรสิตหนอนพยาธิตัวกลม *Microfilaria* สามารถพบปรสิตได้เพียง 0.72 เซลล์เท่านั้น เมื่อเทียบกับจำนวนเซลล์เม็ดเลือดแดงที่พิจารณา และมีการติดเชื้อปรสิตชนิดนี้ในระดับที่ 1 เท่านั้น ดังรายละเอียดในตารางที่ 18 และ 19

ตารางที่ 18 ความหนาแน่นของการติดเชื้อปรสิต (intensity of infection) ของเชื้อปรสิตโปรโตซัวในเลือดนกตัวให้อาศัยแต่ละชนิด ใน 10,000 เซลล์เม็ดเลือดแดง และค่าเฉลี่ยจำนวนเซลล์เม็ดเลือดแดงที่ติดเชื้อปรสิตแต่ละชนิด และที่มีการติดเชื้อในตัวให้อาศัยชนิดเดียวกัน

ชนิดตัวให้อาศัย	ชนิดปรสิต	ความหนาแน่นของการติดเชื้อปรสิต	
		จำนวนเซลล์ติดเชื้อปรสิต (n)	จำนวนเซลล์ที่ติดเชื้อใน 10000 RBCs
<i>Ixobrychus sinensis</i>	<i>Haemoproteus herodiadis</i>	12 (1)	2.63
	<i>Plasmodium elongatum</i>	3.40±3.78 (5)	0.79±0.78
	รวมปรสิตทุกชนิด	4.83±4.88 (6)	1.09±1.03
<i>Rhipidura javanica</i>	<i>Haemoproteus fallisi</i>	5 (1)	0.52
<i>Dicrurus macrocercus</i>	<i>Haemoproteus dicruri</i>	23.33±9.07 (3)	2.24±1.29
<i>Sturnus contra</i>	<i>Plasmodium lophurae</i>	5.89±16.56 (9)	0.50±1.37
<i>Pycnonotus blanfordi</i>	<i>Haemoproteus otocopsae</i>	8 (1)	1.11
<i>Pycnonotus goiavier</i>	<i>Haemoproteus sanguinis</i>	21.82±38.85 (11)	10.29±21.73
<i>Acrocephalus bistrigiceps</i>	<i>Haemoproteus payevski</i>	9.92±27.22 (13)	4.76±16.12
	Microfilaria	6 (1)	0.72
	รวมปรสิตทุกชนิด	9.64±26.18 (14)	4.47±15.53
<i>Acrocephalus aedon</i>	<i>Plasmodium vauhani</i>	5.00±1.41 (2)	1.52±0.49
<i>Ploceus philippinus</i>	<i>Haemoproteus paseris</i>	13.20±9.28 (5)	5.91±5.32
<i>Lonchura punctulata</i>	<i>Haemoproteus orizivora</i>	45.42±44.15 (26)	61.33±77.31
	<i>Plasmodium circumflexum</i>	9 (1)	5.85
	<i>Trypanosoma avium</i>	100 (1)	109.05
	รวมปรสิตทุกชนิด	46.07±44.32 (28)	61.05±75.71
<i>Lonchura malacca</i>	<i>Trypanosoma avium</i>	6 (1)	3.91
ตัวให้อาศัยที่ติดเชื้อปรสิต	รวมปรสิตทั้งหมด	23.60±36.03 (81)	23.96±52.71

หมายเหตุ n คือ จำนวนนกตัวให้อาศัยที่ติดเชื้อปรสิต

ตารางที่ 19 สถานภาพการติดเชื้อปรสิตของนกตัวให้อาศัยทั้งสกุล *Haemoproteus Plasmodium Trypanosoma avium* และปรสิตหนอนพยาธิตัวกลม *Microfilaria* และระดับการติดเชื้อของ Ashford (Ashford's scale) ของปรสิตแต่ละสกุล โดยแสดงค่าร้อยละ และจำนวนนกในแต่ละระดับของการติดเชื้อในเครื่องหมายวงเล็บ

สถานภาพการติดเชื้อ	ร้อยละของการติดเชื้อปรสิตในแต่ละระดับการติดเชื้อของ Ashford				
	%LV-0 (n)	%LV-1 (n)	%LV-2 (n)	%LV-3 (n)	%LV-4 (n)
ไม่ติดเชื้อ	87.03 (537)	0.00 (0)	0.00 (0)	0.00 (0)	0.00 (0)
<i>Haemoproteus</i>	0.00 (0)	4.05 (25)	2.43 (15)	2.11 (13)	1.13 (7)
<i>Plasmodium</i>	0.00 (0)	1.78 (11)	0.65 (4)	0.16 (1)	0.16 (1)
<i>Trypanosoma avium</i>	0.00 (0)	0.16 (1)	0.16 (1)	0.00 (0)	0.00 (0)
<i>Microfilaria</i>	0.00 (0)	0.00 (0)	0.16 (1)	0.00 (0)	0.00 (0)
ทั้งหมด	87.03 (537)	5.99 (37)	3.40 (21)	2.27 (14)	1.29 (8)

หมายเหตุ เมื่อ LV-0 คือ การติดเชื้อระดับที่ 0 ไม่พบการติดเชื้อที่กำลังขยาย 1,000 เท่า

LV-1 คือ การติดเชื้อระดับที่ 1 พบการติดเชื้อน้อยกว่า 1 เซลล์ จากการสังเกตจำนวน 100 พื้นที่ศึกษาที่กำลังขยาย 400 เท่า

LV-2 คือ การติดเชื้อระดับที่ 2 พบการติดเชื้อ พบการติดเชื้อ 1-10 เซลล์ ที่กำลังขยาย 400 เท่า

LV-3 คือ การติดเชื้อระดับที่ 3 พบการติดเชื้อ พบการติดเชื้อ 11-100 เซลล์ ที่กำลังขยาย 400 เท่า

LV-4 คือ การติดเชื้อระดับที่ 4 พบการติดเชื้อ พบการติดเชื้อมากกว่า 100 เซลล์ ที่กำลังขยาย 400 เท่า

n คือ จำนวนนกตัวอย่างที่สังเกตการติดเชื้อในแต่ละระดับ

3. การศึกษาความหลากหลาย (diversity) ของปรสิตโปรโตซัวในเลือดของนกตัวให้อาศัยในเขตพื้นที่บึงบอระเพ็ด

การศึกษาการแพร่กระจาย (distribution) ของชนิดสิ่งมีชีวิตที่อาศัยภายในสังคมสิ่งมีชีวิต (community) เดียวกัน มีหลากหลายค่าดัชนีที่สามารถศึกษาได้ ค่าความหลากหลายทางชนิดของสิ่งมีชีวิต (species diversity; H') ความสม่ำเสมอของชนิดสิ่งมีชีวิต (species evenness; J') และค่าความกว้างของแหล่งที่อยู่อาศัย (niche breadth; B) ใช้เป็นค่าดัชนีที่ใช้ในการศึกษาการแพร่กระจายตัวของปรสิตทั้งด้านความหลากหลายทางชนิด (H') ของกลุ่มปรสิต ความสม่ำเสมอ (J') การพบการติดเชื้อของปรสิตชนิดต่างๆ และความสามารถในการยอมรับการติดเชื้อปรสิตในตัวให้อาศัยชนิดหรือกลุ่มหนึ่งๆ ในทำนองเดียวกันสามารถใช้การกระจายตัวของตัวให้อาศัยจากการศึกษาความหลากหลายทางชนิดของกลุ่มตัวให้อาศัย ความสม่ำเสมอของการติดเชื้อของนกตัวให้อาศัยต่างชนิดกัน และการแพร่กระจายตัวของการติดเชื้อของปรสิตชนิดหรือกลุ่มหนึ่งๆ เช่นกัน

การศึกษาการกระจายตัวของปรสิตในสกุล *Haemoproteus* *Plasmodium* *Trypanosoma* และปรสิตหนอนพยาธิตัวกลม *Microfilaria* ในนกตัวให้อาศัยแต่ละชนิด พบนกตัวให้อาศัยที่มีการติดเชื้อปรสิตมากกว่า 1 สกุล เพียง 5 ชนิดเท่านั้น คือ นกยางไฟหัวดำ (*Ixobrychus sinensis*) นกเอี้ยงด่าง (*Sturnus contra*) นกพงคิ้วดำ (*Acrocephalus bistrigiceps*) นกพงใหญ่พันธุ์ญี่ปุ่น (*Acrocephalus orientalis*) และนกกระต๊อหัวดำ (*Lonchura punctulata*) เมื่อพิจารณาจากค่าดัชนีแสดงการแพร่กระจายของปรสิตทั้ง 4 สกุลในนกตัวให้อาศัยแต่ละชนิด โดยค่าดัชนีความหลากหลายทางชนิดของปรสิต (H') ทั้ง 4 สกุลนี้ ค่าความสม่ำเสมอในการพบการติดเชื้อปรสิตในนกตัวให้อาศัย (J') แต่ละชนิด และค่าดัชนีการแพร่กระจายการติดเชื้อปรสิตแต่ละสกุลในตัวให้อาศัยหนึ่งๆ (B) ในนกพงคิ้วดำมีค่ามากที่สุดเท่ากับ ($H'=0.693$, $J'=1.00$ และ $B=0.50$) รองลงมาคือ นกยางไฟหัวดำ ($H'=0.451$, $J'=0.650$ และ $B=0.341$) นกพงใหญ่พันธุ์ญี่ปุ่น ($H'=0.410$, $J'=0.592$ และ $B=0.331$) นกเอี้ยงด่าง ($H'=0.325$, $J'=0.469$ และ $B=0.305$) และนกกระต๊อหัวดำ ($H'=0.113$, $J'=0.162$ และ $B=0.262$) โดยแสดงค่าส่วนเบี่ยงเบนของค่าดัชนีความหลากหลายทางชนิดและความสม่ำเสมอของชนิด รวมทั้งค่าช่วงเชื่อมั่นที่ร้อยละ 95 (ตารางที่ 20)

ตารางที่ 20 ค่าความหลากหลายของชนิดปรสิต ค่าความสม่ำเสมอของชนิดปรสิต และค่าความกว้างของแหล่งอาศัยของปรสิตในเลือดทั้งสกุล *Haemoproteus* *Plasmodium* *Trypanosoma* และปรสิตหนอนพยาธิตัวกลม *Microfilaria* ของนกตัวให้อาศัยที่พบปรสิตโปรโตซัวในเลือดที่พบการติดเชื้อมากกว่า 1 ชนิด

ชนิดของตัวให้อาศัย	n(N)*	Species Diversity (H')			Species Evenness (J')			Niche Breadth (B)
		H'	95%CI		J'	95%CI		
<i>Ixobrychus sinensis</i>	6(28)	0.451±0.074	0.983	-0.082	0.650±0.154	1.418	-0.118	0.346
<i>Sturnus contra</i>	10(43)	0.325±0.048	0.757	-0.106	0.469±0.101	1.091	-0.153	0.305
<i>Acrocephalus bistrigiceps</i>	2(6)	0.693±0.125	1.386	0.000	1.000±0.260	2.000	0.000	0.500
<i>Acrocephalus orientalis</i>	14(87)	0.410±0.031	0.753	0.067	0.592±0.064	1.087	0.097	0.331
<i>Lonchura punctulata</i>	42(62)	0.113±0.008	0.287	-0.062	0.162±0.016	0.414	-0.089	0.262

หมายเหตุ *n(N) คือ จำนวนที่ติดเชื้อปรสิต และจำนวนนกตัวอย่างที่ตรวจวินิจฉัยการติดเชื้อปรสิตแสดงภายในเครื่องหมายวงเล็บ

การกระจายตัวของนกตัวให้อาศัยที่พบการติดเชื้อปรสิตสกุล *Haemoproteus* *Plasmodium* *Trypanosoma* และปรสิตหนอนพยาธิตัวกลม *microfilaria* โดยที่ค่าดัชนีความหลากหลายทางชนิด (H') ของปรสิตที่สามารถตรวจพบการติดเชื้อสกุลหนึ่งภายในนกตัวให้อาศัยต่างชนิด หรือเป็นความสัมพันธ์ระหว่างจำนวนชนิดของนกตัวให้อาศัยที่พบการติดเชื้อปรสิตแต่ละสกุลในสังคมนกตัวให้อาศัยชนิดหนึ่ง ขณะที่นกตัวให้อาศัยที่พบการติดเชื้อปรสิตสกุลหนึ่งสามารถพบได้บ่อยครั้งหรือไม่ สามารถตรวจวัดได้จากค่าดัชนีความสม่ำเสมอของชนิดตัวให้อาศัย (J') ส่วนการติดเชื้อปรสิตโปรโตซัวในเลือดแต่ละกลุ่มหรือแต่ละสกุลมีความสามารถติดเชื้อในนกตัวให้อาศัยชนิดใดชนิดหนึ่งได้ ถูกตรวจวัดจากค่าความกว้างของแหล่งที่อยู่อาศัย (B) ในการศึกษาการติดเชื้อของปรสิตในประชากรนกตัวให้อาศัยทั้งหมด พบว่าปรสิตในสกุล *Haemoproteus* เป็นปรสิตที่มีจำนวนชนิดนกตัวให้อาศัยมากกว่าปรสิตชนิดอื่นที่พบการติดเชื้อในการศึกษารั้งนี้ โดยที่ $H'=1.439$ รองลงมาคือ ความหลากหลายของนกตัวให้อาศัยที่ติดเชื้อปรสิตสกุล *Plasmodium* *Trypanosoma* และปรสิตหนอนพยาธิตัวกลม *microfilaria* โดยที่ $H'=1.115$, 1.099 และ 0.637 ตามลำดับ ดังตารางที่ 21

เมื่อจำแนกตัวให้อาศัยออกเป็นกลุ่มตามสถานภาพของการอพยพ มีเพียงปรสิตในสกุล *Haemoproteus* เท่านั้นที่สามารถพบการติดเชื้อทั้งในนกนกอพยพ (migratory birds) และนกประจำถิ่น (resident birds) โดยที่ค่าดัชนีความหลากหลายของจำนวนชนิดของนกประจำถิ่นที่ติดเชื้อ ($H'=1.128$) มีค่าที่สูงกว่าของนกอพยพที่มีการติดเชื้อปรสิตในสกุลนี้ ($H'=0.271$) ส่วนปรสิตในสกุล *Trypanosoma* ($H'=1.099$) และ *Plasmodium* ($H'=0.853$) พบการติดเชื้อเฉพาะในนกประจำถิ่นเท่านั้น และค่าดัชนีความหลากหลายของชนิดตัวให้อาศัยมีค่ารองลงมาตามลำดับ ในขณะที่ปรสิตกลุ่มปรสิตหนอนตัวกลม *microfilaria* พบการติดเชื้อเฉพาะในนกอพยพเท่านั้นเช่นกัน แต่ค่าดัชนีความหลากหลายของชนิดนกตัวให้อาศัยสูงกว่าตัวให้อาศัยที่พบการติดเชื้อปรสิตสกุล *Haemoproteus* โดยมี $H'=0.637$ รายละเอียดของค่าความหลากหลายของชนิดตัวให้อาศัยต่อการติดเชื้อของปรสิตสกุลต่างๆ ทั้งค่าส่วนเบี่ยงเบน และค่าช่วงเชื่อมั่นที่ร้อยละ 95 แสดงในตารางที่ 21

การตรวจวัดความสม่ำเสมอหรือความเท่าเทียมกันของนกตัวให้อาศัยต่อการติดเชื้อปรสิตแต่ละกลุ่มหรือสกุล เมื่อศึกษาในกลุ่มประชากรนกทั้งหมดพบว่า ปรสิต *Trypanosoma* สามารถติดเชื้อในนกตัวให้อาศัยอย่างสม่ำเสมอ ($J'=1.00$) รองลงมาคือปรสิตกลุ่ม *Microfilaria* ปรสิตโปรโต

ชีวในเลือดในสกุล *Plasmodium* และ *Haemoproteus* ที่มีค่าดัชนีความสม่ำเสมอของชนิดนกตัวให้อาศัยเป็น 0.918, 0.804 และ 0.655 ตามลำดับ เมื่อพิจารณาสถานภาพการอพยพของนกตัวให้อาศัยพบว่า ในกลุ่มนกประจำถิ่นมีนกที่พบการติดเชื้อในสกุล *Haemoproteus Plasmodium* และ *Trypanosoma* ในนกตัวให้อาศัยที่ติดเชื้อปรสิต *Trypanosoma* สามารถพบการติดเชื้อได้เท่ากัน ($J'=1.00$) รองลงมาคือการติดเชื้อปรสิตในสกุล *Plasmodium* และ *Haemoproteus* ที่มีค่าดัชนีความสม่ำเสมอของชนิดนกตัวให้อาศัยเท่ากับ 0.777 และ 0.579 ตามลำดับ ส่วนในกลุ่มนกอพยพพบนกตัวให้อาศัยที่ติดเชื้อปรสิตมากกว่า 1 ชนิด เพียงการติดเชื้อปรสิต *Haemoproteus* และปรสิต *Microfilaria* เท่านั้น ค่าดัชนีความสม่ำเสมอของชนิดนกตัวให้อาศัยของปรสิตทั้งสองชนิดเท่ากับ 0.076 และ 0.190 ตามลำดับ เมื่อเปรียบเทียบความสม่ำเสมอของชนิดตัวให้อาศัยที่ติดเชื้อปรสิต *Haemoproteus* ระหว่างนกประจำถิ่น และนกอพยพ พบว่าค่าดัชนีความสม่ำเสมอของชนิดนกตัวให้อาศัยในนกประจำถิ่นมีค่าสูงกว่าค่าดัชนีของนกอพยพ ดังตารางที่ 22

การติดเชื้อปรสิตในนกตัวให้อาศัยแต่ละชนิดมีโอกาสดังเกิดขึ้นได้แตกต่างกัน ในนกแต่ละชนิด ค่าดัชนีความกว้างของแหล่งอาศัย หรือการติดเชื้อปรสิตสกุลหนึ่งในนกตัวให้อาศัยแต่ละชนิดแสดงรูปแบบของการติดเชื้อปรสิตสกุลนั้นที่สามารถเกิดการติดเชื้อได้โดยทั่วไป หรือมีการแพร่กระจายเชื้อได้อย่างกว้างขวาง หรือแสดงรูปแบบของการติดเชื้อปรสิตสกุลนั้นอย่างจำเพาะหรือพบการติดเชื้อเฉพาะนกตัวให้อาศัยบางชนิดเท่านั้น ค่าดัชนีความกว้างของการติดเชื้อของปรสิตโปรโตซัวในเลือดกลุ่มหรือสกุลต่างๆ ไม่มีความแตกต่างในทางสถิติ ($\chi^2=0.0099$, $df=3$, $P\text{-value} < 0.01$) ปรสิตสกุล *microfilaria* มีแหล่งอาศัยแคบที่สุด หรือมีความจำเพาะต่อการติดเชื้อในชนิดนกตัวให้อาศัยสูงกว่าปรสิตสกุลอื่น ($B=0.051$) ในขณะที่ *Trypanosoma* ($B=0.086$) เป็นปรสิตโปรโตซัวในเลือดที่สามารถพบการติดเชื้อได้กว้างมากกว่า แม้จะพบได้ในนกบางชนิดเท่านั้น รองลงมาเป็นปรสิตในสกุล *Haemoproteus* ($B=0.083$) และ *Plasmodium* ($B=0.074$) ที่มีความจำเพาะของการติดเชื้อต่อชนิดนกตัวให้อาศัยสูงกว่าตามลำดับ เมื่อพิจารณาเฉพาะในนกประจำถิ่นที่มีการติดเชื้อเฉพาะปรสิตสกุล *Haemoproteus Plasmodium* และ *Trypanosoma* ปรสิตที่มีแนวโน้มต่อความจำเพาะต่อชนิดของนกตัวให้อาศัยน้อยที่สุดคือ ปรสิตสกุล *Trypanosoma* ($B=0.1364$) ส่วน *Haemoproteus* และ *Plasmodium* มีค่าความกว้างของแหล่งอาศัยน้อยกว่า โดยมีค่าเท่ากับ 0.0981 และ 0.0956 ทำให้มีความจำเพาะต่อชนิดตัวให้อาศัยสูงกว่าตามลำดับ แม้ความจำเพาะของติดเชื้อของปรสิตแต่ละสกุลไม่มีความแตกต่างในทางสถิติ ($\chi^2=0.0095$, $df=2$, $P\text{-value} < 0.01$) เช่นเดียวกับ

ความจำเพาะในนกอพยพ ($\chi^2 = 0.021$, $df = 2$, $P\text{-value} < 0.01$) การติดเชื้อปรสิตโปรโตซัวในเลือดที่มีแนวโน้มความจำเพาะต่อชนิดนกสูงสุดในปรสิตกลุ่ม *Plasmodium* ($B=0.077$) รองลงมาเป็นปรสิตในสกุล *Haemoproteus* และ ปรสิตหนอนตัวกลม *microfilaria* ตามลำดับ

ตารางที่ 21 ค่าความหลากหลายทางชนิด (species diversity; H') ของตัวให้อาศัยต่อการติดเชื้อปรสิตทั้งสกุล *Haemoproteus* *Plasmodium* *Trypanosoma* และปรสิตหนอนพยาธิตัวกลม *Microfilaria* ที่พบการติดเชื้อปรสิตในตัวให้อาศัยมากกว่า 1 ชนิด ทั้งในนกอพยพและนกประจำถิ่น

ตัวให้อาศัย	N*	Species Diversity(H')	var(H')	95% CI	
ชนิดของปรสิตในตัวให้อาศัยทั้งหมด					
Haemoproteus.	76	1.439	0.015	1.680	1.197
Plasmodium	17	1.115	0.030	1.455	0.775
Trypanosoma avium	3	1.099	0.111	1.752	0.445
Microfilaria	3	0.637	0.091	1.228	0.045
ชนิดของปรสิตในตัวให้อาศัยที่เป็นนกประจำถิ่น					
Haemoproteus	63	1.128	0.019	1.398	0.858
Plasmodium	15	0.853	0.026	1.168	0.539
Trypanosoma avium	3	1.099	0.111	1.752	0.445
ชนิดของปรสิตในตัวให้อาศัยที่เป็นนกอพยพ					
Haemoproteus	13	0.271	0.037	0.647	-0.104
Microfilaria	3	0.637	0.091	1.228	0.045

หมายเหตุ *N คือ จำนวนนกที่ติดเชื้อปรสิต

ตารางที่ 22 ค่าความสม่ำเสมอทางชนิดของตัวให้อาศัย (species evenness; J') ต่อการติดเชื้อปรสิตทั้งสกุล *Haemoproteus* *Plasmodium* *Trypanosoma* และปรสิตหนอนพยาธิตัวกลม *Microfilaria* ที่พบการติดเชื้อปรสิตในตัวให้อาศัยมากกว่า 1 ชนิด ทั้งในนกอพยพ และนกประจำถิ่น

ตัวให้อาศัย	N*	s	Species Evenness(J')	var(J')	95%CI	
ชนิดของปรสิตในตัวให้อาศัยทั้งหมด						
Haemoproteus	76	9	0.655	0.003	0.765	0.545
Plasmodium	17	4	0.804	0.016	1.049	0.559
Trypanosoma avium	3	3	1.000	0.092	1.595	0.405
Microfilaria	3	2	0.918	0.190	1.772	0.065
ชนิดของปรสิตในตัวให้อาศัยที่เป็นนกประจำถิ่น						
Haemoproteus	63	7	0.579	0.005	0.718	0.441
Plasmodium	15	3	0.777	0.021	1.063	0.490
Trypanosoma avium	3	3	1.000	0.092	1.595	0.405
ชนิดของปรสิตในตัวให้อาศัยที่เป็นนกอพยพ						
Haemoproteus	13	3	0.076	0.933	-0.150	0.076
Microfilaria	3	2	0.190	1.772	0.065	0.190

หมายเหตุ *N คือ จำนวนนกที่ติดเชื้อปรสิต

s คือ จำนวนชนิดของนกที่ติดเชื้อปรสิตโปรโตซัว

ตารางที่ 23 ค่าความกว้างของการติดเชื้อในตัวให้อาศัยต่อการติดเชื้อปรสิตทั้งสกุล *Haemoproteus* *Plasmodium* *Trypanosoma* และปรสิตหนอนพยาธิตัวกลม *Microfilaria* ที่พบการติดเชื้อปรสิตในตัวให้อาศัยมากกว่า 1 ชนิด ทั้งในนกอพยพ และนกประจำถิ่น

ตัวให้อาศัย	N*	Niche Breadth
ชนิดของปรสิตในตัวให้อาศัยทั้งหมด		
<i>Haemoproteus</i>	76	0.083
<i>Plasmodium</i>	17	0.074
<i>Trypanosoma avium</i>	3	0.086
<i>Microfilaria</i>	3	0.051
ชนิดของปรสิตในตัวให้อาศัยที่เป็นนกประจำถิ่น		
<i>Haemoproteus</i>	63	0.0981
<i>Plasmodium</i>	15	0.0956
<i>Trypanosoma avium</i>	3	0.1364
ชนิดของปรสิตในตัวให้อาศัยที่เป็นนกอพยพ		
<i>Haemoproteus</i>	13	0.090
<i>Plasmodium</i>	2	0.077
<i>Microfilaria</i>	3	0.138

หมายเหตุ *N คือ จำนวนนกที่ติดเชื้อปรสิต

4. การศึกษาการติดเชื้อไวรัสไข้สมองอักเสบจากนกตัวให้อาศัยในเขตพื้นที่บึงบอระเพ็ด

โรคไข้สมองอักเสบจัดเป็นโรคจากสัตว์สู่คน (zoonotic disease) ที่มีแมลงเป็นพาหะจึงถูกจัดให้เป็นเชื้อไวรัสในกลุ่ม Arbovirus (Arthropod Borne virus) โดยมียุงในสกุล *Culex* เป็นพาหะที่สำคัญต่อการติดเชื้อไวรัสไข้สมองอักเสบนี้ ในการศึกษาครั้งนี้ เมื่อใช้เทคนิค reverse transcriptase polymerase chain reaction (RT-PCR) ในการตรวจวินิจฉัยการติดเชื้อไข้สมองอักเสบสองชนิดคือ เชื้อไวรัสไข้สมองอักเสบแอฟริกัน หรือ Japanese encephalitis virus (JEV) และเชื้อไวรัสไข้สมอง

อีกเสบเวสต์ไนล์ หรือ west nile virus (WNV) ไม่ปรากฏพบเชื้อไวรัสทั้ง 2 สายพันธุ์ดังกล่าว จึงตรวจหาภูมิคุ้มกันของตัวให้อาศัยด้วยวิธี hemagglutination inhibition (HI) test ต่อเชื้อ JEV สายพันธุ์ JaGAR#01 เท่านั้น และพบนกที่มีภูมิคุ้มกันต่อเชื้อไวรัสไข้สมองอักเสบแอฟริกันเพียงตัวเดียวเท่านั้นจากนกเลี้ยงต่าง (*Sturnus contra*) โดยค่าความชุกของการติดเชื้อมีค่าคิดเป็นร้อยละ 0.2 (ดังตารางที่ 24) แสดงว่าในเขตพื้นที่บึงบอระเพ็ดอาจมีการแพร่ระบาดของเชื้อไวรัสไข้สมองอักเสบชนิดนี้ นกตัวอย่างที่นำมาตรวจวินิจฉัยการติดเชื้อทั้งหมด 35 ชนิด จำนวน 633 ตัว โดยที่นกแต่ละชนิดไม่มีความสัมพันธ์ต่อการติดเชื้อไวรัสไข้สมองอักเสบแอฟริกัน ($\chi^2 = 13.543$ df = 34; P-value = 0.999) หรือกล่าวได้ว่าการติดเชื้อไวรัสไข้สมองอักเสบแอฟริกันในนกแต่ละชนิดเป็นอิสระต่อกัน

ตารางที่ 24 ความชุกของการติดเชื้อไวรัสไข้สมองอักเสบแอฟริกัน โดยการตรวจวินิจฉัยด้วยวิธี Hemagglutination inhibition (HI) test หาระดับภูมิคุ้มกันต่อการติดเชื้อ JEV

	สถานะภาพการได้รับเชื้อ JEV	
	ไม่พบการติดเชื้อ % (N)	พบการติดเชื้อ % (N)
นกตัวให้อาศัยทั้งหมด % (N)	99.8 (632)	0.2 (1)

หมายเหตุ % N คือ ค่าความชุกของการติดเชื้อปรสิตโปรโตซัวในเลือดและเชื้อไวรัสไข้สมองอักเสบแอฟริกัน และจำนวนนกตัวอย่างแสดงภายในเครื่องหมายวงเล็บ

5. การศึกษาความสัมพันธ์ของการติดเชื้อปรสิตโปรโตซัวในเลือดของนกตัวให้อาศัย และการติดเชื้อไวรัสไข้สมองอักเสบในเขตพื้นที่บึงบอระเพ็ด

ปรสิตโปรโตซัวในเลือดนกตัวให้อาศัยเป็นภาวะหนึ่งที่สามารถเกิดขึ้นได้ในระบบนิเวศ โดยที่นกตัวให้อาศัยเป็นผู้เสียประโยชน์ในขณะที่ปรสิตที่เข้าไปอาศัยในเลือดของนกหรือภายในระบบหมุนเวียนเลือดของตัวให้อาศัยทำให้การทำงานของเม็ดเลือดมีประสิทธิภาพลดลง ซึ่งอยู่ภายในระบบหมุนเวียนเลือดของตัวให้อาศัยจนส่งผลกระทบเกิดขึ้นภายในร่างกายของตัวให้อาศัยทั้งทางตรง และทางอ้อม เมื่อการติดเชื้อในตัวให้อาศัยมีระดับหนึ่งอาจเกิดการติดเชื้อซ้ำ (secondary infection) จากเชื้อก่อโรคชนิดอื่นๆ ทั้งเชื้อรา แบคทีเรีย รวมทั้งการติดเชื้อไวรัส ซึ่งอาจเป็นเชื้อที่

สามารถก่อให้เกิดการระบาดของเชื้อดังกล่าวภายในกลุ่มนกตัวให้อาศัย และกลุ่มตัวให้อาศัยต่างชนิดกัน (epizootic disease) และสามารถเกิดการแพร่ระบาดของโรคติดเชื้อข้ามไปยังมนุษย์ (zoonotic disease) ซึ่งมีผลต่อการดำรงชีวิตผู้ที่ได้รับเชื้อนี้ ดังนั้นการหาความสัมพันธ์ของการติดเชื้อปรสิตโปรโตซัวในเลือด และเชื้อไวรัสไข้สมองอักเสบจึงเป็นแนวทางหนึ่งในการเฝ้าระวังการแพร่กระจายของเชื้อที่สามารถส่งผลกระทบต่อสุขภาพทั้งนกตัวให้อาศัยทั้งภายในหรือต่างกลุ่ม เพื่อเป็นข้อมูลในการกำหนดแผนการจัดการปัญหาการแพร่ระบาดตลอดจนการกำจัดเชื้อก่อโรคต่อไป ดังนั้นการหาความสัมพันธ์ของค่าความชุกของการติดเชื้อทั้งปรสิตโปรโตซัวในเลือดและการติดเชื้อไวรัสไข้สมองอักเสบจึงเป็นข้อมูลพื้นฐานของการจัดการและการวางแผนป้องกันการแพร่ระบาดของโรคติดเชื้อภายในสังคมสิ่งมีชีวิต

การหาความสัมพันธ์ของการติดเชื้อปรสิตโปรโตซัวแต่ละสกุลรวมปรสิตโปรโตซัวในเลือดชนิดอื่น กับการติดเชื้อไวรัสไข้สมองอักเสบแอฟริกันไม่พบการติดเชื้อร่วมกัน ระหว่างปรสิตสกุล *Haemoproteus* *Plasmodium* และ *Trypanosoma* รวมทั้งปรสิตหนอนพยาธิตัวกลม *Microfilaria* กับระดับภูมิคุ้มกันต่อการติดเชื้อไวรัสไข้สมองอักเสบแอฟริกัน ดังแสดงค่าความชุกของการติดเชื้อและจำนวนนกที่ใช้ในการทดสอบในตารางที่ 25 ทำให้ความสัมพันธ์ของการติดเชื้อไวรัสไข้สมองอักเสบเป็นอิสระต่อการติดเชื้อปรสิตโปรโตซัวในเลือดแต่ละชนิด ทั้งปรสิตสกุล *Haemoproteus* ($\chi^2=0.137$ df=1 P-value =0.999) *Plasmodium* ($\chi^2=0.028$ df=1 P-value =0.999) *Trypanosoma* ($\chi^2=0.005$ df=1 P-value =0.999) และ ปรสิตหนอนพยาธิตัวกลม *microfilaria* ($\chi^2=0.005$ df=1 P-value =0.999) การติดเชื้อไวรัสไข้สมองอักเสบแอฟริกัน พบในนกเอี้ยงต่าง (*Sturnus contra*) ที่พบว่ามีการติดเชื้อปรสิตโปรโตซัวในเลือดถึงสองชนิดได้แก่ *Plasmodium lophurae* และ *Trypanosoma avium* รวมทั้งยังพบการติดเชื้อปรสิตภายนอก (Ectoparasite) การติดเชื้อทั้งสามชนิดไม่พบการติดเชื้อรวมกับการติดเชื้อไวรัสไข้สมองอักเสบแอฟริกัน ดังนั้นการติดเชื้อปรสิตภายในนกเอี้ยงต่างจึงเป็นอิสระจากการติดเชื้อไวรัสไข้สมองอักเสบ เช่นเดียวกับการศึกษาความสัมพันธ์ของการติดเชื้อในวงศ์ Sturnidae ที่พบการติดเชื้อทั้งสามชนิดเช่นกัน *Plasmodium lophurae* ($\chi^2=0.271$ df=1 P-value =0.999) *Trypanosoma avium* ($\chi^2=0.024$ df=1 P-value =0.999) และปรสิตภายนอก ($\chi^2=0.310$ df=1 P-value =0.999) นกเอี้ยงต่างที่พบการติดเชื้อไวรัสไข้สมองอักเสบแอฟริกันยังอยู่ในวงศ์เดียวกับ *Sturnia malabarica* และ *Acridotheres grandis* พบว่าชนิด

ของตัวให้อาศัยแต่ละชนิดเป็นอิสระจากการติดเชื้อไวรัสไข้สมองอักเสบนี้ ($\chi^2=0.119$ df=1, P-value =0.948)

ตารางที่ 25 ค่าความสัมพันธ์ระหว่างการติดเชื้อปรสิตโปรโตซัวในสกุล *Haemoproteus* *Plasmodium* *Trypanosoma* และปรสิตหนอนตัวกลม *Microfilaria* แต่ละชนิด ต่อการติดเชื้อไวรัสไข้สมองอักเสบแอฟริกัน (Japanese Encephalitis Virus) ของนกตัวให้อาศัย

ตัวให้อาศัย	ปรสิต	สถานะภาพการติดเชื้อ	สถานภาพ		
			ไม่ติดเชื้อ	ติดเชื้อ	
			% (n)	% (n)	
นกตัวให้อาศัยทั้งหมด					
	Haemoproteus	ไม่ติดเชื้อ	% (n)	87.84 (556)	0.16 (1)
		ติดเชื้อ	% (n)	12.01 (76)	0.00 (0)
	Plasmodium	ไม่ติดเชื้อ	% (n)	97.16 (615)	0.16 (1)
		ติดเชื้อ	% (n)	2.69 (17)	0.00 (0)
	Trypanosoma avium	ไม่ติดเชื้อ	% (n)	99.37 (629)	0.16 (1)
		ติดเชื้อ	% (n)	0.47 (3)	0.00 (0)
	Microfilaria	ไม่ติดเชื้อ	% (n)	99.37 (629)	0.16 (1)
		ติดเชื้อ	% (n)	0.47 (3)	0.00 (0)
การติดเชื้อปรสิตในตัวให้อาศัยวงศ์ Sturnidae					
	Plasmodium lophurae	ไม่ติดเชื้อ	% (n)	79.17 (38)	2.08 (1)
		ติดเชื้อ	% (n)	18.75 (9)	0.00 (0)
	Trypanosoma avium	ไม่ติดเชื้อ	% (n)	95.83 (46)	2.08 (1)
		ติดเชื้อ	% (n)	2.08 (1)	0.00 (0)
	Ectoparasite	ไม่ติดเชื้อ	% (n)	77.08 (37)	2.08 (1)
		ติดเชื้อ	% (n)	20.83 (10)	0.00 (0)

ตารางที่ 25 (ต่อ)

ตัวให้อาศัย	ปรสิต	สถานะภาพการติดเชื้อ	สถานภาพ		
			ไม่ติดเชื้อ % (n)	ติดเชื้อ % (n)	
การติดเชื้อปรสิตในตัวให้อาศัย <i>Sturnus contra</i>					
	<i>Plasmodium lophurae</i>	ไม่ติดเชื้อ	% (n)	76.74 (33)	2.33 (1)
		ติดเชื้อ	% (n)	20.93 (9)	0.00 (0)
	<i>Trypanosoma avium</i>	ไม่ติดเชื้อ	% (n)	95.35 (41)	2.33 (1)
		ติดเชื้อ	% (n)	2.33 (1)	0.00 (0)
	Ectoparasite	ไม่ติดเชื้อ	% (n)	74.42 (32)	2.33 (1)
		ติดเชื้อ	% (n)	23.26 (10)	0.00 (0)
ตัวให้อาศัยในวงศ์ Sturnidae					
	<i>Sturnia malabarica</i>		% (n)	6.25 (3)	0.00 (0)
	<i>Sturnus contra</i>		% (n)	87.50 (42)	2.08 (1)
	<i>Acridotheres grandis</i>		% (n)	4.17 (2)	0.00 (0)

หมายเหตุ % N คือ ค่าความชุกของการติดเชื้อปรสิตโปรโตซัวในเลือดและเชื้อไวรัสใช้สมอง
อีกเสบแฉแปนนิช และจำนวนนกตัวอย่างแสดงภายในเครื่องหมายวงเล็บ

6. การศึกษาความสัมพันธ์ระหว่างการติดเชื้อปรสิตโปรโตซัวในเลือดและการติดเชื้อปรสิต ภายนอกในเขตพื้นที่บึงบอระเพ็ด

ภาวะปรสิต (parasitism) เป็นรูปแบบหนึ่งของความสัมพันธ์ระหว่างสิ่งมีชีวิตโดยที่ตัวให้อาศัยเป็นผู้เสียประโยชน์ กับปรสิตที่เป็นผู้ได้รับผลประโยชน์ การศึกษาค่าความเสี่ยงต่อการติดเชื้อปรสิตโปรโตซัวในเลือดต่อปัจจัยของค่าความเสี่ยงคือ การติดเชื้อปรสิตภายนอก ค่าความชุกของการติดเชื้อนำมาใช้ในการหาค่าความเสี่ยงของการติดเชื้อปรสิตโปรโตซัวในเลือด พบว่านกตัวให้อาศัยทั้งหมด (633 ตัว) พบการติดเชื้อปรสิตโปรโตซัวในเลือดและปรสิตภายนอกร่วมกันจำนวน 36 ตัว โดยการติดเชื้อปรสิตภายนอกพร้อมกับปรสิตสกุล *Haemoproteus* คิดเป็นร้อยละ 5.06 (32 ตัว) *Plasmodium* คิดเป็นร้อยละ 0.47 (3 ตัว) และ ปรสิตหนอนพยาธิตัวกลม microfilaria คิดเป็นร้อยละ

0.16 (1 ตัว) ส่วนปรสิตในสกุล *Trypanosoma* ไม่พบนกตัวให้อาศัยที่มีการติดเชื้อร่วมกัน รายละเอียดดังตารางที่ 26 เมื่อหาค่าความสัมพันธ์ของการติดเชื้อปรสิตทั้งสองชนิดพบว่า การติดเชื้อปรสิตภายนอกมีความสัมพันธ์ต่อการติดเชื้อปรสิตในสกุล *Haemoproteus* ($\chi^2=12.08$ df=1, P-value =0.001) อย่างมีนัยสำคัญยิ่ง สอดคล้องกับอัตราเสี่ยงหรืออัตราความชุกของการติดเชื้อที่มีค่าเท่ากับ 1.79 ± 0.15 หรือการติดเชื้อปรสิตภายนอกในนกตัวให้อาศัยมีโอกาหรือความเสี่ยงต่อการติดเชื้อปรสิต *Haemoproteus* มากกว่านกที่ไม่ติดเชื้อปรสิตภายนอกเกือบ 1.8 เท่า ส่วนอัตราอุบัติการณ์มีค่าเท่ากับ 2.37 ± 0.25 หรือการติดเชื้อปรสิต *Haemoproteus* ในนกตัวให้อาศัยมีค่าเป็น 2.37 เท่าของนกที่ไม่พบการติดเชื้อปรสิตภายนอก ส่วนปรสิตสกุลอื่นๆ มีการติดเชื้อที่เป็นอิสระต่อการติดเชื้อปรสิตภายนอก ดังตารางที่ 26 การติดเชื้อปรสิตโปรโตซัวในเลือดสกุล *Haemoproteus* แต่ละชนิด พบนกตัวให้อาศัยที่มีการติดเชื้อทั้งปรสิต *Haemoproteus* และปรสิตภายนอกเพียงสามชนิดเท่านั้น ได้แก่ นกปรอดสวน (*Pycnonotus blanfordi*) นกพงใหญ่พันธุ์ญี่ปุ่น (*Acrocephalus orientalis*) และนกกระดัดจี๋หนู (*Lonchura punctulata*) มีจำนวนนกที่ติดเชื้อปรสิตทั้งสองชนิดเป็น 1 ตัว 7 ตัว และ 24 ตัว ตามลำดับ แต่นกปรอดหน้าवलไม่พบนกที่ติดเชื้อปรสิต *Plasmodium* และไม่ติดเชื้อปรสิตภายนอกจึงไม่สามารถหาค่าความสัมพันธ์ได้ อัตราความชุกของการติดเชื้อและมีอัตราอุบัติการณ์ของนกพงใหญ่พันธุ์ญี่ปุ่นและนกกระดัดจี๋หนูมีค่าดังนี้ 1.02 ± 0.26 และ 1.04 ± 0.63 ($\chi^2=0.004$ df=1, P-value =0.999) และ 1.23 ± 0.26 และ 1.55 ± 0.54 ($\chi^2=0.668$ df=1, P-value =0.434) ตามลำดับ ความสัมพันธ์ของการติดเชื้อปรสิตทั้งชนิดจึงเป็นอิสระต่อกัน

ตารางที่ 26 ค่าความสัมพันธ์ระหว่างการติดเชื้อปรสิตโปรโตซัวในสกุล *Haemoproteus*, *Plasmodium*, *Trypanosoma* และปรสิตหนอนตัวกลม *Microfilaria* แต่ละชนิดต่อการติดเชื้อปรสิตภายนอก (Ectoparasite) ในนกตัวให้อาศัยในแต่ละชนิด

ผู้ให้อาศัย	ปรสิต	สถานะภาพการติดเชื้อ		ปรสิตภายนอก	
				ไม่ติดเชื้อ	ติดเชื้อ
นกผู้ให้อาศัยทั้งหมด					
	Haemoproteus	ไม่ติดเชื้อ	% (n)	67.30 (426)	20.70 (131)
		ติดเชื้อ	% (n)	6.95 (44)	5.06 (32)
	Plasmodium	ไม่ติดเชื้อ	% (n)	72.04 (456)	25.28 (160)
		ติดเชื้อ	% (n)	2.21 (14)	0.47 (3)
	Trypanosoma avium	ไม่ติดเชื้อ	% (n)	73.78 (467)	25.75 (163)
		ติดเชื้อ	% (n)	0.47 (3)	0.00 (0)
	Microfilaria	ไม่ติดเชื้อ	% (n)	73.93 (468)	25.59 (162)
		ติดเชื้อ	% (n)	0.32 (2)	0.16 (1)
ติดเชื้อปรสิต Haemoproteus					
Ixobrychus sinensis	Haemoproteus herodiadis	ไม่ติดเชื้อ	% (n)	89.29 (25)	7.14 (2)
		ติดเชื้อ	% (n)	3.57 (1)	0.00 (0)
Rhipidura javanica	Haemoproteus fallisi	ไม่ติดเชื้อ	% (n)	26.32 (10)	71.05 (27)
		ติดเชื้อ	% (n)	2.63 (1)	0.00 (0)
Dicrurus macrocercus	Haemoproteus dicruri	ไม่ติดเชื้อ	% (n)	71.43 (20)	17.86 (5)
		ติดเชื้อ	% (n)	10.71 (3)	0.00 (0)
Pycnonotus blanfordi	Haemoproteus otocompsae	ไม่ติดเชื้อ	% (n)	73.17 (30)	0.00 (0)
		ติดเชื้อ	% (n)	24.39 (10)	2.44 (1)
Acrocephalus orientalis	Haemoproteus payevski	ไม่ติดเชื้อ	% (n)	36.78 (32)	49.43 (43)
		ติดเชื้อ	% (n)	5.75 (5)	8.05 (7)
Ploceus philippinus	Haemoproteus paseris	ไม่ติดเชื้อ	% (n)	72.55 (37)	17.65 (9)
		ติดเชื้อ	% (n)	9.80 (5)	0.00 (0)
Lonchura punctulata	Haemoproteus orizivorae	ไม่ติดเชื้อ	% (n)	17.74 (11)	16.13 (10)
		ติดเชื้อ	% (n)	27.42 (17)	38.71 (24)

ตารางที่ 26 (ต่อ)

ผู้ให้อาศัย	ปรสิต	สถานะภาพการติดเชื้อ		ปรสิตภายนอก	
				ไม่ติดเชื้อ % (n)	ติดเชื้อ % (n)
ติดเชื้อปรสิต <i>Plasmodium</i>					
<i>Ixobrychus sinensis</i>	<i>Plasmodium elongatum</i>	ไม่ติดเชื้อ	% (n)	78.57 (22)	3.57 (1)
		ติดเชื้อ	% (n)	14.29 (4)	3.57 (1)
<i>Sturnus contra</i>	<i>Plasmodium lophurae</i>	ไม่ติดเชื้อ	% (n)	60.47 (26)	18.60 (8)
		ติดเชื้อ	% (n)	16.28 (7)	4.65 (2)
<i>Acrocephalus aedon</i>	<i>Plasmodium vaughani</i>	ไม่ติดเชื้อ	% (n)	50.00 (3)	16.67 (1)
		ติดเชื้อ	% (n)	33.33 (2)	0.00 (0)
<i>Lonchura punctulata</i>	<i>Plasmodium circumflexum</i>	ไม่ติดเชื้อ	% (n)	43.55 (27)	54.84 (34)
		ติดเชื้อ	% (n)	1.61 (1)	0.00 (0)
ติดเชื้อปรสิต <i>Trypanosoma avium</i>					
<i>Sturnus contra</i>	<i>Trypanosoma avium</i>	ไม่ติดเชื้อ	% (n)	74.42 (32)	23.26 (10)
		ติดเชื้อ	% (n)	2.33 (1)	0.00 (0)
<i>Ploceus manyar</i>	<i>Trypanosoma avium</i>	ไม่ติดเชื้อ	% (n)	90.00 (36)	7.50 (3)
		ติดเชื้อ	% (n)	2.50 (1)	0.00 (0)
<i>Lonchura Malacca</i>	<i>Trypanosoma avium</i>	ไม่ติดเชื้อ	% (n)	42.86 (3)	42.86 (30)
		ติดเชื้อ	% (n)	14.29 (1)	0.00 (0)
ติดเชื้อปรสิตหนอนตัวกลม <i>Microfilaria</i>					
<i>Acrocephalus orientalis</i>	<i>Microfilaria</i>	ไม่ติดเชื้อ	% (n)	41.38 (36)	56.32 (49)
		ติดเชื้อ	% (n)	1.15 (1)	1.15 (1)

หมายเหตุ % N คือ ค่าความชุกของการติดเชื้อปรสิตโปรโตซัวในเลือดและปรสิตภายนอก และ
จำนวนนกตัวอย่างแสดงภายในเครื่องหมายวงเล็บ

การติดเชื้อปรสิตสกุล *Plasmodium* ในนกตัวให้อาศัย แม้จะพบว่าเป็นอิสระต่อการติดเชื้อปรสิตภายนอก ($\chi^2=0.600$ df=1, P-value =0.439) แต่พบนกตัวให้อาศัยที่มีการติดเชื้อร่วมกับการติดเชื้อปรสิตภายนอกถึงสองชนิดได้แก่ นกยางไฟหัวดำ (*Ixobrychus sinensis*) และ นกเอี้ยงค่าง (*Sturnus contra*) ที่ติดเชื้อปรสิต *Plasmodium elongatum* และ *P. lophurae* ตามลำดับ โดยที่การติดเชื้อปรสิตภายนอกมีความเสี่ยงต่อการติดเชื้อ *P. elongatum* สูงกว่า (4.60 ± 1.33) นกที่ไม่ติดเชื้อปรสิตภายนอก ส่วนค่าอัตราอุบัติการณ์ของการติดเชื้อ *P. elongatum* ของนกตัวให้อาศัยที่มีการติดเชื้อปรสิตภายนอกถึง 5.50 ± 1.52 เท่าของตัวให้อาศัยที่ไม่ติดเชื้อปรสิตภายนอก ส่วนความสัมพันธ์ของการติดเชื้อปรสิตในนกเอี้ยงค่างที่พบการติดเชื้อ *P. lophurae* ระหว่างการติดเชื้อและไม่ติดเชื้อปรสิตภายนอก อัตราเสี่ยงของการติดเชื้อปรสิต *P. lophurae* ไม่มีความสัมพันธ์กับการติดเชื้อปรสิตภายนอกของนกตัวให้อาศัย ($PR=0.94 \pm 0.70$) และค่าอุบัติการณ์ของการติดเชื้อ *P. lophurae* เมื่อตัวให้อาศัยติดเชื้อปรสิตภายนอกมีค่าเพียง 0.93 ± 0.90 เท่าของตัวให้อาศัยไม่ติดเชื้อปรสิตภายนอก ซึ่งการติดเชื้อ *P. lophurae* อาจถูกต้านการติดเชื้อเล็กน้อยเมื่อมีการติดเชื้อปรสิตภายนอก เช่นเดียวกับความสัมพันธ์ระหว่างการติดเชื้อปรสิตโปรโตซัวในเลือด รวมทั้งปรสิตหนอนตัวกลม microfilaria และปรสิตภายนอกที่พบในนกพงใหญ่พันธุ์ญี่ปุ่น (*Acrocephalus orientalis*) ที่มีอัตราเสี่ยงเพียง 0.87 ± 0.70 และอุบัติการณ์ของการติดเชื้อปรสิตหนอนตัวกลม microfilaria .ในนกตัวให้อาศัยที่ติดเชื้อปรสิตภายนอกมีอุบัติการณ์เพียง 0.73 ± 1.43 เท่าของตัวให้อาศัยที่ไม่ติดเชื้อปรสิตภายนอก ซึ่งการติดเชื้อปรสิต microfilaria เป็นอิสระจากการติดเชื้อปรสิตภายนอก (ตารางที่ 27)

ตารางที่ 27 การศึกษาความชุกของการติดเชื้อ (Prevalence study) และอัตราอุบัติการณ์ (Incidence rate) ของการติดเชื้อปรสิต ระหว่างการติดเชื้อและไม่ติดเชื้อปรสิต ภายนอก (Ectoparasite)

ตัวให้อาศัย	ปรสิต	อัตราความชุก			อัตราอุบัติการณ์		
		PR	95% CI		OR	95% CI	
ตัวให้อาศัยทั้งหมด							
	<i>Haemoproteus</i>	1.79±0.15	2.09	1.49	2.37±0.25	2.86	1.87
	<i>Plasmodium</i>	0.68±0.58	1.71	-0.36	0.61±0.64	1.87	-0.65
	<i>Microfilaria</i>	1.30±0.82	2.90	-0.31	1.44±1.23	3.85	-0.96
ติดเชื้อปรสิต <i>Haemoproteus</i>							
<i>A. orientalis</i>	<i>Haemoproteus payevski</i>	1.02±0.26	1.53	0.50	1.04±0.63	2.28	-0.19
<i>L. punctulata</i>	<i>Haemoproteus orizivorae</i>	1.23±0.26	1.75	0.71	1.55±0.54	2.61	0.49
ติดเชื้อปรสิต <i>Plasmodium</i>							
<i>I. sinensis</i>	<i>Plasmodium elongatum</i>	4.60±1.33	7.20	2.00	5.50±1.52	8.47	2.53
<i>S. contra</i>	<i>Plasmodium lophurae</i>	0.94±0.70	2.31	-0.42	0.93±0.90	2.69	-0.83
ติดเชื้อปรสิตหนอนตัวกลม <i>Microfilaria</i>							
<i>A. orientalis</i>	<i>Microfilaria</i>	0.87±0.71	2.27	-0.53	0.73±1.43	3.54	-2.07

หมายเหตุ PR คือ อัตราความชุกของการติดเชื้อ (Prevalence Rate หรือ Prevalence Ratio)

OR คือ อัตราอุบัติการณ์ของการติดเชื้อ (Incidence Rate หรือ Odd Ratio)

7. การศึกษาความสัมพันธ์ระหว่างการติดเชื้อปรสิตโปรโตซัวในเลือดและสถานะภาพการอพยพของนกตัวให้อาศัยในเขตพื้นที่บึงบอระเพ็ด

นกตัวให้อาศัยที่ศึกษาการติดเชื้อปรสิตโปรโตซัวในเลือดแบ่งออกเป็นสองกลุ่มใหญ่ตามสถานะภาพการอพยพ (migratory status) คือนกอพยพ (migratory birds) และนกประจำถิ่น (resident birds) ค่าความชุกของการติดเชื้อปรสิตแต่ละกลุ่มถูกนำมาเปรียบเทียบในนกตัวให้อาศัยต่างกลุ่มกัน พบว่ามีปรสิตโปรโตซัวในเลือดเพียงสองสกุลเท่านั้นที่มีการติดเชื้อในนกตัวให้อาศัยทั้งสองกลุ่ม คือ การติดเชื้อปรสิต *Haemoproteus* และ *Plasmodium* โดยการติดเชื้อปรสิต *Haemoproteus* มีค่าความชุกของการติดเชื้อปรสิตนี้คิดเป็นร้อยละ 2.05 และ 9.95 ในตัวให้อาศัยที่เป็นนกอพยพและนกประจำถิ่นตามลำดับ ส่วนปรสิต *Plasmodium* มีค่าความชุกของการติดเชื้อในตัวให้อาศัยที่เป็นนกอพยพและนกประจำถิ่นคิดเป็นร้อยละ 0.32 และ 2.37 ตามลำดับ

ตารางที่ 28 ค่าความสัมพันธ์ระหว่างการติดเชื้อปรสิตโปรโตซัวในสกุล *Haemoproteus*

Plasmodium Trypanosoma และปรสิตหนอนตัวกลม *Microfilaria* แต่ละชนิดต่อสถานะภาพการอพยพของนกตัวให้อาศัย

ปรสิต	สถานะภาพการติดเชื้อ		สถานะภาพ	
			นกอพยพ	นกประจำถิ่น
			% (n)	% (n)
<i>Haemoproteus</i>	ไม่ติดเชื้อ	% (n)	18.80 (119)	69.19 (438)
	ติดเชื้อ	% (n)	2.05 (13)	9.95 (63)
<i>Plasmodium</i>	ไม่ติดเชื้อ	% (n)	20.54 (130)	76.78 (486)
	ติดเชื้อ	% (n)	0.32 (2)	2.37 (15)
<i>Trypanosoma avium</i>	ไม่ติดเชื้อ	% (n)	20.85 (132)	78.67 (498)
	ติดเชื้อ	% (n)	0.00 (0)	0.47 (3)
<i>Microfilaria</i>	ไม่ติดเชื้อ	% (n)	20.38 (129)	79.15 (501)
	ติดเชื้อ	% (n)	0.47 (3)	0.00 (0)

หมายเหตุ % N คือ ค่าความชุกของการติดเชื้อปรสิตในแต่ละสถานะภาพการอพยพของนกตัวให้อาศัย และจำนวนนกตัวอย่างแสดงภายในเครื่องหมายวงเล็บ

ในการศึกษาความสัมพันธ์ของการติดเชื้อปรสิตต่อสถานะภาพการอพยพของนกตัวให้อาศัยพบว่า การติดเชื้อปรสิตทั้งในสกุล *Haemoproteus* ($\chi^2=0.735$ df=1, P-value =0.391) และ *Plasmodium* ($\chi^2=0.874$ df=1, P-value =0.546) เป็นอิสระต่อสถานะภาพการอพยพของนกตัวให้อาศัย (ตารางที่ 28)

แม้การติดเชื้อปรสิต *Haemoproteus* และ *Plasmodium* ระหว่างนกอพยพและนกประจำถิ่น จะอิสระต่อกัน แต่จากการศึกษาอัตราความชุกของการติดเชื้อ พบว่าการติดเชื้อของปรสิตทั้งสอง ชนิดในนกอพยพน้อยกว่าการติดเชื้อของนกประจำถิ่น โดยที่อัตราความชุกการติดเชื้อปรสิตสกุล *Haemoproteus* มีค่ามากกว่าการติดเชื้อปรสิตสกุล *Plasmodium* ซึ่งค่าอัตราความชุกเท่ากับ 0.80 ± 0.27 และ 0.56 ± 0.67 ตามลำดับ ขณะที่การติดเชื้อปรสิต *Haemoproteus* ในตัวให้อาศัยที่เป็น นกอพยพเทียบกับการติดเชื้อในนกประจำถิ่นคิดเป็น 0.76 ± 0.32 เท่า แต่การติดเชื้อ *Plasmodium* พบ การติดเชื้อในนกอพยพเพียง 0.50 ± 0.76 เท่าของนกประจำถิ่นเท่านั้น (ตารางที่ 29)

ตารางที่ 29 การศึกษาความชุกของการติดเชื้อ (Prevalence study) และอัตราอุบัติการณ์ (Incidence rate) ของการติดเชื้อปรสิต ระหว่างนกอพยพตัวให้อาศัย และนก ประจำถิ่น

ปรสิต	อัตราความชุก			อัตราอุบัติการณ์		
	PR	95% CI		OR	95% CI	
<i>Haemoproteus</i>	0.80 ± 0.27	1.32	0.28	0.76 ± 0.32	1.39	0.13
<i>Plasmodium</i>	0.56 ± 0.67	1.87	-0.75	0.5 ± 0.76	1.99	-0.99

หมายเหตุ PR คือ อัตราความชุกของการติดเชื้อ (Prevalence Rate หรือ Prevalence Ratio)

OR คือ อัตราอุบัติการณ์ของการติดเชื้อ (Incidence Rate หรือ Odd Ratio)

วิจารณ์

1. ชนิดปรสิตโปรโตซัวในเลือด

1.1 *Haemoproteus herodiadis* Mello, 1935

H. herodiadis ที่พบในครั้งนี้ มีรูปร่างลักษณะในแต่ละช่วงของการเจริญเติบโตในนกยางไฟหัวดำ (*Ixobrychus sinensis*) เหมือนกับการศึกษาของ Valkiunas (2005) โดยลักษณะหลักที่ใช้ในการตรวจระบุชนิดของปรสิตชนิดนี้คือ ปรสิต *H. herodiadis* สามารถพบในนกอันดับ Ciconiiformes ในระยะที่มีการเจริญเติบโตเต็มที่ที่จะส่งผลกระทบต่อตำแหน่งของนิวเคลียสของเม็ดเลือดแดงที่มีการติดเชื่อปรสิตชนิดนี้เพียงเล็กน้อยเท่านั้น และอาจไม่มีผลต่อตำแหน่งของนิวเคลียสของเม็ดเลือดแดงที่ติดเชื่อบางเซลล์ด้วย ไม่พบว่าปรสิต *H. herodiadis* นี้เข้าโอบล้อมนิวเคลียสของเซลล์เม็ดเลือดแดงที่ติดเชื่ออย่างสมบูรณ์ และการเจริญของปรสิตไม่เข้าไปที่บริเวณขั้วเซลล์ทั้งสองด้านของเซลล์เม็ดเลือดแดง ขอบเขตของปรสิตโปรโตซัวชนิดนี้สามารถสังเกตเห็นได้อย่างชัดเจน ส่วนเม็ดสีมีขนาดเล็กมากๆ (dust-like) กระจายอยู่ภายในไซโตพลาซึมของเซลล์ปรสิต โดยเฉพาะบริเวณเหนือหุ้มเซลล์และโดยรอบนิวเคลียสของปรสิต โดยแต่ละ gametocyte มีจำนวนเม็ดสีเพียง 8-10 เม็ด ในการศึกษาครั้งนี้พบว่า microgametocyte ของ *H. herodiadis* นี้ไม่สามารถสังเกตเห็นเม็ดสีได้อย่างชัดเจน เนื่องจาก gamete ชนิดนี้ cytoplasm สามารถติดสีจิมซ่าได้เข้มกว่าใน macrogametocyte แต่สามารถสังเกตเห็นเม็ดสี volutin ได้อย่างชัดเจน แต่อย่างไรก็ตามเม็ดสี volutin สามารถพบได้มากกว่าร้อยละ 30 (มากกว่า 1 ใน 3) ของปรสิตชนิดเดียวกันนี้ ดังนั้นเม็ดสี volutin จึงไม่นับสำคัญในทางอนุกรมวิธาน (taxonomy) ของปรสิตสกุลนี้ (Forrester *et al.*, 1977b; Valkiunas, 2005)

ปรสิตโปรโตซัวชนิดนี้ พบเป็นครั้งแรกใน *Egretta intermedia* โดย Mello ในปี ค.ศ. 1935 ซึ่งเป็นนกในอันดับ Ciconiiformes เช่นเดียวกับนกตัวให้อาศัย *Ixobrychus sinensis* ในการศึกษาครั้งนี้ แล้วยังสามารถพบปรสิต *H. herodiadis* นี้ได้ใน *Ardea herodias*, *Depetor flavicollis*, *Egretta thula*, *I. minutus*, *Nyctonezza violacea* และ *Nycticorax nycticorax* ต่อมาในปี ค.ศ. 1958 Mohammed พบปรสิตชนิดเดียวกันนี้ใน *I. minutus* จากประเทศอียิปต์ โดยบรรยาย

ลักษณะอย่างละเอียดทำให้ปรสิตที่พบในครั้งนั้น แม้จะยังคงเป็น *H. herodiadis* แต่จากรูปร่าง และการแพร่กระจายของเม็ดสีที่แตกต่างกันเพียงเล็กน้อย จึงกำหนดให้เป็น variety ใหม่ คือ *H. herodiadis* var. *mathislegeri* จากการจัดลำดับใหม่ของ Levine และ Campbell (1972) ได้ปรับเปลี่ยน จาก variety ให้เป็น species แต่เมื่อพิจารณาจากการบรรยายลักษณะของ *H. herodiadis* ฉบับดั้งเดิม ซึ่งยังไม่สมบูรณ์ ทั้งรูปร่างลักษณะ และการเก็บตัวอย่างจากนกที่ตายโดยการยิง จึงเป็นผลให้รูปร่าง ลักษณะของปรสิตมีความแตกต่างกัน เช่นเดียวกับการเปรียบเทียบลักษณะทางกายภาพของ *H. mathislegeri* (Mohammed) ทั้งรูปร่างที่แสดงลักษณะ microhalteridial morph เส้นขอบชัดเจน และมีจำนวนเม็ดสีประมาณ 11 เม็ด ในการจัดอันดับชื่อปรสิตในสกุล *Haemoproteus* และสกุลใกล้เคียง ตามกลุ่มตัวให้อาศัยของ Bennett และคณะในปี 1994 ดังนั้น *Haemoproteus mathislegeri* จึงจัดเป็น ชื่อพ้องของ *H. herodiadis* (Levine and Campbell, 1971; Bennett *et al.*, 1994a; Valkiunas, 2005)

ลักษณะทางกายภาพของปรสิตในสกุล *Haemoproteus* นี้ มีรูปร่าง microhalteridial เป็นลักษณะเฉพาะที่สามารถพบได้ในนกตัวให้อาศัยกลุ่ม non-passerine มากกว่ากลุ่ม passerine จากลักษณะของปรสิตนี้สามารถใช้เป็นหลักฐานทางวิวัฒนาการของตัวให้อาศัยได้ จากการพิจารณาจากความหลากหลายทางชนิดปรสิต (species diversity) และความหลากหลายทางลักษณะทางกายภาพ (morphological diversity) โดยตัวให้อาศัยกลุ่มที่มีวิวัฒนาการต่ำ (primitive) จะมีความหลากหลายทั้งชนิดของปรสิตและลักษณะทางกายภาพสูงกว่าตัวให้อาศัยในกลุ่มที่มีวิวัฒนาการสูง (advance) และจากการทดสอบการติดเชื้อปรสิตในกลุ่ม non-passerine พบการติดเชื้อเพียงร้อยละ 37.7 แต่พบชนิดของปรสิตคิดเป็นร้อยละถึง 55.5 ส่วนใน passerine แม้มีการติดเชื้อปรสิตนี้ถึงร้อยละ 61 แต่ชนิดของปรสิตน้อยกว่า (คิดเป็นร้อยละ 44.5) ส่วนรูปร่างของปรสิตที่สามารถแบ่งออกเป็น 5 ลักษณะ (morph) ได้แก่ halteridial, microhalteridial, circumnuclear, discoid และ rhabdosomal เป็นลักษณะที่พบได้ทั่วไปในนกตัวให้อาศัย แต่ในอันดับ Coraciiformes, Piciformes และ Galliformes ที่เป็นสมาชิกในกลุ่ม non-passerine มีความหลากหลายทางลักษณะทางกายภาพ สูงที่สุด แม้ตัวให้อาศัยในกลุ่ม passerine สามารถพบทุกลักษณะ แต่มีลักษณะ halteridial ถึงร้อยละ 75 จึงเป็นข้อมูลที่สนับสนุน สายวิวัฒนาการของนก *I. sinensis* เป็นกลุ่มตัวให้อาศัยที่เกิดขึ้นมาก่อน หรือมีวิวัฒนาการต่ำ (Bennett and Peirce, 1988; Bennett, 1993)

การแพร่กระจายของปรสิต *H. herodiadis* ขึ้นอยู่กับการแพร่กระจายของนกตัวให้อาศัย ซึ่งเป็นสมาชิกในอันดับนกกระสา (Order Ciconiiformes) ในประเทศไทย มีรายงานถึง 20 วงศ์ จากทั้งหมด 27 วงศ์ สำหรับการศึกษาในครั้งนี้ ตรวจสอบเชื้อปรสิตโปรโตซัวในเลือดเพียง 2 วงศ์ ได้แก่ นกโป่งวิดในวงศ์ Rostratulidae ไม่พบการติดเชื้อปรสิตโปรโตซัวในเลือด และวงศ์นกยาง (Ardeidae) เพียงสกุลเดียวซึ่งมีนกยางไฟหัวดำ (*I. sinensis*) และนกยางธรรมดา (*I. cinnamomeus*) เป็นตัวแทนในการศึกษาการติดเชื้อปรสิตโปรโตซัวในเลือดโดยพบปรสิตเพียงชนิดเดียวเท่านั้นในวงศ์นกยางนี้ แม้ในประเทศไทยมีรายงานถึง 12 สกุลจากทั้งหมด 20 สกุล จากการศึกษาปรสิตโปรโตซัวในเลือดนกชนิดต่างๆ พบว่าปรสิตโปรโตซัวในเลือดสกุล *Haemoproteus* นี้มีความจำเพาะต่อตัวให้อาศัยในระดับวงศ์ (Host familial specificity) ดังนั้นการศึกษาปรสิตในอันดับนกกระสา Ciconiiformes ในวงศ์อื่น เป็นหลักฐานสนับสนุนแนวคิดที่เกี่ยวกับความจำเพาะต่อตัวให้อาศัยในระดับวงศ์ของตัวให้อาศัย รวมทั้งการศึกษาความหลากหลายทางด้านชนิดปรสิตและลักษณะทางกายภาพในตัวให้อาศัยวงศ์นกยางนี้ ซึ่งเป็นข้อมูลพื้นฐานที่สำคัญประกอบการจำแนกชนิดปรสิตสกุลนี้ ร่วมกับข้อมูลความจำเพาะของพาหะ (vector specificity) การแพร่กระจายตามสภาพภูมิศาสตร์ (geographical distribution) ของนกตัวให้อาศัย การแพร่ระบาดของเชื้อ (epizootiology) ระหว่างนกตัวให้อาศัย และปัจจัยที่จำเพาะอื่นๆ เพื่อความชัดเจนในการอ้างอิงจุดกำเนิดของการให้คำจำกัดความของกลุ่มสิ่งมีชีวิต (taxon) ในระดับต่างๆ และยังมีความสำคัญต่อการศึกษาทางด้านวิวัฒนาการร่วมกันระหว่างปรสิตและตัวให้อาศัย และรูปแบบการแพร่เชื้อโดยอาศัยพาหะตามสภาพแวดล้อมของตัวให้อาศัย เพื่อเป็นแนวทางในการจัดการปัญหาการติดเชื้อปรสิตในกลุ่มที่ใกล้เคียงกันทั้งในมนุษย์และสัตว์เศรษฐกิจต่อไป (Bennett *et al.*, 1975)

การพบปรสิต *H. herodiadis* ในครั้งนี้เป็นการพบปรสิตชนิดนี้เป็นครั้งแรก และถือเป็นปรสิตเพียงชนิดเดียวในวงศ์ Ardeidae ในประเทศไทย ซึ่งมีมากถึง 12 สกุลในจำนวนทั้งหมด 20 วงศ์ จึงถือว่าประเทศไทยนี้มีความหลากหลายของตัวให้อาศัยสูงมาก แต่ความรู้ที่เกี่ยวกับปรสิตในสกุล *Haemoproteus* ในตัวให้อาศัยในสกุลนี้ยังมีรายงานน้อยมาก ทั้งชีววิทยาของปรสิตทั้งด้านวัฏจักรชีวิตของปรสิต การมีวิวัฒนาการร่วมกันระหว่างตัวให้อาศัยและปรสิตที่มีความสำคัญต่อการคาดการณ์การแพร่กระจายของปรสิตภายในตัวให้อาศัยวงศ์นี้ ซึ่งการเปลี่ยนตัวให้อาศัย (host switching) มักเป็นสาเหตุการก่อโรคของปรสิตในนกวงศ์นี้ อาจเป็นแบบแผนการเปลี่ยนตัวให้อาศัยของทั้งปรสิตอื่น และตลอดจนเชื้อก่อโรคที่มีแมลงดูดเลือดเป็นพาหะที่อยู่ในสภาพแวดล้อมที่

คล้ายคลึงกันนี้ ซึ่งเป็นข้อมูลสำคัญต่อการเฝ้าระวังการแพร่ระบาดของเชื้อก่อโรคที่มีแมลงเป็นพาหะ (โอภาส, 2543; Ricklefs *et al.*, 2004)

ส่วนตัวให้อาศัยที่พบปรสิต *H. herodiadis* ในครั้งนี้ เป็นนกที่เป็นสมาชิกในสกุล *Ixobrychus* ที่มีการแพร่กระจายในไทยเพียงแค่ 3 ชนิด คือ นกยางไฟหัวดำ (*I. sinensis*) นกยางไฟหัวเทา (*I. eurhythmus*) และนกยางไฟธรรมดา (*I. cinamomoeus*) จากทั้งหมด 8 ชนิดเท่านั้น เป็นนกที่มีแหล่งที่อยู่อาศัยอยู่บนต้นไม้พืชน้ำทั้งกก และอ้อ ทำให้โอกาสสัมผัสกับแมลงพาหะของเชื้อปรสิตนี้ไม่มาก การศึกษาวัฏจักรชีวิตของปรสิตนี้สามารถเกิดขึ้นได้อย่างสมบูรณ์ผ่านทางพฤติกรรมแหล่งที่อยู่อาศัย รวมทั้งปรสิตภายนอก (ectoparasite) ที่สามารถนำเชื้อปรสิตนี้ มีความสำคัญต่อการแพร่กระจายเชื้อปรสิตนี้ทั้งภายในประชากรของนกชนิดนี้ และประชากรของนกชนิดอื่นทั้งที่มีสายสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการใกล้ชิดกัน และประชากรที่มีแหล่งที่อยู่อาศัยร่วมกัน เพื่อเป็นข้อมูลของปรสิตตามพื้นที่แพร่กระจายของปรสิตตามแหล่งที่อยู่อาศัยของตัวให้อาศัยที่มีทั้งสถานะเป็นทั้งนกอพยพและนกประจำถิ่น และสามารถพบได้ทั่วไปในพื้นที่เอเชียตะวันออกเฉียง ตั้งแต่ประเทศอินเดีย จนถึงประเทศฟิลิปปินส์ (โอภาส, 2543; Bensch *et al.*, 2007a; Kistler *et al.*, 2013)

1.2 *Haemoproteus fallisi* Bennett and Campbell, 1972

ลักษณะสำคัญที่ใช้ในการจำแนกชนิดพิจารณาจากลักษณะของ gametocyte ที่มีการเจริญตามแนวของนิวเคลียสเม็ดเลือดแดงของตัวให้อาศัย เมื่อเจริญเต็มที่ปรสิตจะไม่โอบล้อมนิวเคลียสเม็ดเลือดแดงจนรอบ แต่ปรสิตเจริญแบบชิดนิวเคลียสเม็ดเลือดแดง การติดสีที่ไซโตพลาซึมแยกออกจากเซลล์ตัวให้อาศัยอย่างชัดเจน นิวเคลียสอยู่ที่ตำแหน่งเกือบปลาย ติดสีชมพูเข้ม และรูปร่างปรสิตมีแนวตรง มากกว่าที่จะโค้งงอเป็นรูปอักษรซี (C shape) การเจริญไม่แบบชิดเยื่อหุ้มเม็ดเลือดแดง ทำให้สังเกตเห็นปลายทั้งสองด้านกว้างกว่าส่วนกลางของเซลล์ปรสิตรูปร่างลักษณะคล้ายคัมเบลล์เป็นลักษณะเด่นที่พบในปรสิตชนิดนี้ และเป็นลักษณะที่สอดคล้องกับปรสิตที่พบในวงศ์ Turridae จากนก American robin (*Turdus migratorius*) และการพบในนกตัวให้อาศัยอื่น *Turdus philomelos* จากการศึกษาปรสิตในประเทศสโลวาเกีย (Bennett and Campbell, 1972; Valkiunas, 2005; Berthová *et al.*, 2012)

ปรสิต *Haemoproteus fallisi* นี้เคยมีการรายงานในประเทศไทย ในนกตัวให้อาศัยชนิดเดียวกันนี้ จากการศึกษาปรสิตในตัวให้อาศัยในวงศ์ Muscicapidae โดยเก็บตัวอย่างจากเกาะเกร็ด จังหวัดนนทบุรี ปรสิตที่พบนี้ จัดอยู่ในกลุ่ม microhalteridial haemoproteid รูปร่างและผลกระทบต่อเซลล์ตัวให้อาศัยไม่แตกต่างกับปรสิตที่พบในครั้งนี้อย่างไร แต่การศึกษาในครั้งนั้น นก *T. migratorius* ให้ชื่อแตกต่างกัน คือ *H. rhipiduris* และ *H. fallisi* ตามลำดับ บนพื้นฐานของกลุ่มตัวให้อาศัยที่ถูกจัดให้อยู่ในวงศ์ย่อยที่แตกต่างกัน คือ Rhipidurinae และ Turdinae ตามลำดับ แต่ลักษณะทางกายภาพของปรสิต *H. fallisi* ที่พบในพื้นที่และตัวให้อาศัยที่แตกต่างกันแสดงลักษณะที่แปรผันสูงในการศึกษาครั้งนี้มีลักษณะทางกายภาพอยู่ระหว่าง *H. rhipiduris* และ *H. fallisi* จากชนิดของตัวให้อาศัยที่พบในนก Rhipidurinae แต่ลักษณะทางกายภาพเหมือนกับ *H. fallisi* ที่พบในนก *T. migratorius* จากค่าร้อยละของพื้นที่ของนิวเคลียสปรสิตเมื่อเทียบกับพื้นที่ของเซลล์ปรสิตที่มีค่าประมาณร้อยละ 30 ในนก *T. migratorius* เช่นเดียวกับการศึกษาในครั้งนี้อย่างไรที่มีค่าร้อยละโดยเฉลี่ยเท่ากับ 33.59 ภายใต้ลักษณะรูปร่างของเซลล์ปรสิตที่จัดเป็น microhalteridial haemoproteid และไม่พบเม็ดสี volutin ของปรสิตทั้งสามนี้ เมื่อพิจารณาความแปรผันทางกายภาพของปรสิตที่เกิดจากสภาพภูมิศาสตร์ในแหล่งที่อยู่อาศัยของนกตัวให้อาศัยที่ต่างชนิดกัน จึงถือว่าเป็นข้อมูลที่สนับสนุนใน *H. rhipiduris* เป็นชื่อพ้องของ *H. fallisi* และจากการศึกษาในครั้งนั้น *H. fallisi* ถูกนำมาเปรียบเทียบกับ *H. timalus* ที่พบในนก *T. ribiginosus* ตัวให้อาศัยในวงศ์ย่อย Timaliinae ที่พบในประเทศเคนยา ทวีปแอฟริกา พบว่าลักษณะที่ได้จากการตรวจวัดไม่มีนัยสำคัญของความแตกต่างโดยเฉพาะค่าสัดส่วนการกระจายของนิวเคลียสเม็ดเลือดแดงที่ให้ค่าเท่ากัน แต่ *H. timalus* แสดงลักษณะคล้ายอิมมูโนอย่างชัดเจนเป็นลักษณะที่จำแนกปรสิตทั้งสองออกจากกัน และพิจารณาว่าปรสิต *H. timalus* นี้มีการแพร่กระจายเฉพาะภายในวงศ์ย่อย (subfamily) Timaliinae เท่านั้น ดังนั้น *Garrulax erythrophalus* และ *Leiothrix argentauris* ที่มีรายงานพบ *H. fallisi* จึงถือเป็นข้อผิดพลาดในการจำแนกชนิด และที่พบในตัวให้อาศัยทั้งสองชนิดนั้นจึงตกอยู่ภายใต้ชื่อพ้องของ *H. timalus* (Bennett and Campbell, 1972; Bennett et al., 1991)

การเปรียบเทียบลักษณะทางกายภาพของปรสิต *H. fallisi* นี้ เป็นปรสิตที่มีขนาดเล็กหรือ microhalteridial morph เป็นลักษณะที่พบได้น้อยในนกตัวให้อาศัยในอันดับ Passeriformes จึงเป็นจุดสังเกตที่สามารถสังเกตได้อย่างชัดเจน ต่างจากปรสิตที่พบในตัวให้อาศัยที่มีความใกล้ชิดทางวิวัฒนาการในวงศ์อีกาหรือ Corvidae ที่มี *H. danilewski* ที่พบในตัวให้อาศัยในวงศ์ย่อยอีกา

Corvinae ที่มีขนาดใหญ่กว่า การเจริญโอบล้อมนิวเคลียสตัวให้อาศัย เมื่อเจริญเต็มที่จะแทนที่ไซโตพลาซึมของเซลล์ตัวให้อาศัยโดยที่ตำแหน่งของนิวเคลียสตัวให้อาศัยยังคงอยู่ในตำแหน่งปกติ (NDR= 1) และเมื่อเทียบกลุ่มตัวให้อาศัยที่อยู่ภายในวงศ์ย่อย Dicrurinae ของตัวให้อาศัยที่พบ *H. fallisi* ในครั้งนี้ ที่มีนกแขวงแขวหางปลา (*Dicrurus macrocercus*) ที่มี *H. dicruri* และเป็นปรสิตที่พบมาก่อน สามารถจำแนกออกจากกัน โดยขนาด การสร้างเม็ดสีขนาดใหญ่เห็นได้ชัดเจน และขอบเขตเซลล์ของ *H. dicruri* มีลักษณะคล้ายอิมโบอย่างชัดเจน อย่างไรก็ตามลักษณะทางกายภาพของ *H. fallisi* มีความแปรผันทางกายภาพค่อนข้างสูงอาจส่งผลต่อการจำแนกชนิดของปรสิตนี้ได้ ความแปรผันของลักษณะทางกายภาพนี้สามารถเกิดขึ้นได้ทั้งภายในตัวให้อาศัยชนิดเดียวกันหรือตัวให้อาศัยต่างชนิดกัน ทั้งนี้เนื่องจากลักษณะภูมิศาสตร์ที่แตกต่างกันของตัวให้อาศัย และความแปรผันนี้ทำให้เชื่อว่า *H. fallisi* มีการแพร่กระจายตามสภาพภูมิศาสตร์ในเขตร้อนทางซีกตะวันออก ยกเว้นทางซีกโลกทางทิศเหนือ แต่การแพร่กระจายในตัวให้อาศัยยังคงไม่ชัดเจน การศึกษาในตัวให้อาศัยที่ต่างชนิดกันภายในสภาพแวดล้อมที่เหมาะสม และเป็นพื้นที่ใช้ประโยชน์ร่วมกันระหว่างตัวให้อาศัยต่างชนิดที่สามารถพบการแพร่กระจายของปรสิตนี้ อาจเป็นข้อมูลสำคัญต่อการแพร่กระจายของปรสิตผ่านทางพฤติกรรมการอยู่ร่วมกันของตัวให้อาศัยต่างชนิด ตลอดจนการปรับตัวของปรสิตในตัวให้อาศัยต่างชนิด (โอภาส, 2542; Mello, 1935; Bennett and Campbell, 1972; Peirce, 1981)

สำหรับในประเทศไทยนกอีแรดแถบอกดำที่เป็นตัวให้อาศัยของ *H. fallisi* นี้เป็นสมาชิกของวงศ์อีแรด (Corvidae) อยู่ภายในวงศ์ย่อยนกแขวงแขว (Dicrurinae) 1 ใน 6 วงศ์ย่อย และในวงศ์ย่อยนี้สามารถแยกออกเป็นเหล่า (Tribe) ในประเทศไทยมีรายงานเพียง 3 เหล่าเท่านั้น เหล่านกอีแรด (Tribe Rhipidurini) มีเพียง 5 ชนิดจากทั้งหมด 42 ชนิดตามการรายงานทั่วโลก เป็นนกที่มีแหล่งที่อยู่อาศัยในที่โล่ง ตามไม้พื้นล่างหรือไม้พุ่ม กินแมลงที่อยู่ตามใบไม้และโอบจับแมลงกินเป็นอาหาร อยู่เป็นคู่ภายในอาณาเขตของตัวเอง และถือเป็นนกที่หวงอาณาเขต มีพฤติกรรมการขู่ด้วยเสียง และไล่ตีกินอื่นที่เข้ามาภายในอาณาเขต อาจเป็นพฤติกรรมที่ช่วยในการป้องกันและลดโอกาสของการติดเชื้อปรสิตของนกชนิดนี้ แต่ *H. fallisi* เป็นปรสิตในตัวให้อาศัยนี้ อาจเนื่องจากการติดเชื้อในช่วงที่มีการหาคู่ในฤดูการผสมพันธุ์ที่พบในช่วงเดือนพฤษภาคมจนถึงกรกฎาคม และเป็นช่วงเวลาที่มีความสำคัญต่อการศึกษาการแพร่เชื้อของปรสิตชนิดนี้ในตัวให้อาศัยที่พบ *H. fallisi* ที่พบในครั้งนี้อยู่ และชนิดใกล้เคียงภายในสกุลเดียวกัน และนกในวงศ์จับแมลง (Muscicapidae) ที่มี

แหล่งอาศัยเดียวกัน เพื่อสนับสนุนการแพร่กระจายของปรสิตชนิดนี้ในนกตัวให้อาศัยในช่วงกว้าง ภายในสภาพภูมิศาสตร์เขตร้อน แมลงพาหะของเชื้อปรสิตนี้ ที่อาจเป็นแมลงที่นกกินเป็นอาหารต่อการติดเชื้อปรสิตเพื่อหาคำตอบทางด้านนิเวศวิทยาของปรสิตจากตัวให้อาศัยที่มีการดำรงชีวิตที่เป็นลักษณะเฉพาะตัว (special life history) ที่เป็นกลไกหนึ่งในการป้องกันการติดเชื้อก่อโรคต่างๆ และเป็นข้อมูลที่เกี่ยวข้องความก้าวหน้า (advanced) วิทยาการของตัวให้อาศัย (โอภาส, 2542; Valkiunas and Iezhova, 2004)

1.3 *Haemoproteus dicruri* Mello, 1935

ลักษณะสำคัญที่ใช้ในการจำแนกชนิดของปรสิต *H. dicruri* นี้ ตามลักษณะของการเจริญอยู่บริเวณโดยรอบของนิวเคลียสตัวให้อาศัยอย่างไม่สมบูรณ์ ปรสิตวางตัวอยู่ชิดนิวเคลียสของตัวให้อาศัยและใช้พื้นที่อยู่ด้านที่มีการติดเชื้อจนถึงเยื่อหุ้มเซลล์เม็ดเลือดแดง และเจริญเข้าโอบล้อมขั้วของนิวเคลียสตัวให้อาศัยทั้งสองข้าง พบนิวเคลียสอยู่ใกล้เคียงกับตำแหน่งกลางเซลล์ปรสิต และไม่แนบชิดกับนิวเคลียสของตัวให้อาศัย และพบเม็ดสีที่ติดสีเหลืองน้ำตาลขนาดใหญ่ขนาดแตกต่างกัน กระจายภายในไซโตพลาซึม หรืออาจพบว่าเม็ดสีเกาะกลุ่มเป็นก้อนขนาดใหญ่ก้อนเดียว สอดคล้องกับการศึกษาในครั้งนี้ (Valkiunas, 2005)

ปรสิตโปรโตซัวในเลือดนกวงศ์ *Dicruridae* พบครั้งแรกในปี ค.ศ. 1935 ในนกแซงแซวหางปลาในประเทศอินเดียพบปรสิตเพียงชนิดเดียวคือ *H. dicruri* โดยมีการบรรยายลักษณะคร่าวๆ ของทั้งสองเพศ (sexual dimorphism) โดยลักษณะของเพศเมียข้อมติดสีไม่สม่ำเสมอ บริเวณขั้วเซลล์โค้งมนกว้างไม่พบการติดสี นิวเคลียสขนาดเล็กติดสีชมพูางอยู่เยื้องทางด้านใดด้านหนึ่งของกลางเซลล์ พบเม็ดสี สีเหลืองน้ำตาลลักษณะกลมหรือเป็นแท่งอยู่ที่บริเวณขั้วเซลล์ ส่วนเพศผู้ไม่ติดสี ลักษณะคล้ายรูปไข่ นิวเคลียสติดสีชมพูางเห็นได้ชัดเจน รูปร่างเป็นแท่งอยู่เยื้องทางด้านใดด้านหนึ่งเช่นเดียวกับเพศเมีย ส่วนเม็ดสีกระจายอยู่ทั่วไปหรืออยู่รวมกันเป็นกลุ่มบริเวณขั้วเซลล์ ส่วนผลกระทบต่อเซลล์เม็ดเลือดแดงของตัวให้อาศัย ทำให้เกิดการบวม (hypertrophied) และทำให้นิวเคลียสของเม็ดเลือดแดงเคลื่อน (displaced) ออกจากตำแหน่งเดิม ต่อมาในการศึกษาปรสิตโปรโตซัวในนก *D. adsimilis* พบ *H. dicruri* และมีการบรรยายลักษณะอีกครั้งเช่นกัน ทำให้เชื่อว่าปรสิตนี้มีความจำเพาะต่อนกในสกุลนี้ แต่ในการศึกษาปรสิตในมาดากาสกา (Madagascar)

พบปรสิตโปรโตซัวในเลือดของตัวให้อาศัยในสกุลเดียวกันนี้ โดย *Dicrurus forficatus* เป็นสมาชิกของวงศ์ Dicruridae วงศ์ย่อย Dicrurinae ที่สามารถพบได้ในมาดากาสกา และการศึกษาปรสิตพบทั้ง *H. dicruri* ที่มีลักษณะสอดคล้องกับการบรรยายลักษณะของปรสิตที่พบ *D. macrocercus* ในประเทศอินเดียและ *D. adsimilis* และบรรยายลักษณะของเมดสีเพิ่มเติมจากลักษณะที่สามารถพบทั้งที่มีรูปร่างเป็นแท่งและกลมเป็นลักษณะที่สามารถพบได้โดยทั่วไป และอีกชนิดที่มีลักษณะแตกต่างอย่างชัดเจน โดยลักษณะของปรสิตชนิดใหม่นี้จัดตามรูปร่างเป็น circumnuclear haemoproteid และถือเป็นครั้งแรกที่พบปรสิตที่มีรูปร่างดังกล่าวในตัวให้อาศัยวงศ์ย่อยนี้ จึงตั้งชื่อว่า *Haemoproteus khani* Savage and Greiner, 2005 การพบปรสิตในสภาพภูมิศาสตร์ที่จำเพาะ โดยเฉพาะพื้นที่ที่มีลักษณะเฉพาะตัว (unique) สามารถเหนี่ยวนำให้เกิดการแปรผันทางพันธุกรรมของปรสิตในสกุล *Haemoproteus* ในรูปแบบใหม่ที่มีรูปแบบที่จำเพาะต่อพื้นที่นั้นๆ ได้ จนถึงได้ว่าเป็นความสัมพันธ์ระหว่างตัวให้อาศัยและปรสิตภายใต้ความจำเพาะต่อเกาะ (island-specific) เมื่อสังคมนก (avian community) มีการเชื่อมโยงกับเครือข่ายของการติดเชื้อ (transmission web) ได้ ทำให้ปรสิตสามารถติดเชื้อในตัวให้อาศัยหลากหลายมากขึ้น หรือกล่าวได้ว่ามีความจำเพาะต่อตัวให้อาศัยอย่างกว้าง (broad host specific) นั่นอาจหมายถึงการติดเชื้อข้ามระหว่างตัวให้อาศัยสามารถเกิดขึ้นในพื้นที่จำเพาะหรือในสภาพภูมิศาสตร์ที่เป็นเกาะ การพบ *Haemoproteus* ชนิดใหม่ภายใต้ภาวะดังกล่าวต้องได้รับการยืนยันจากการศึกษาการติดเชื้อปรสิตชนิดใหม่นี้ รวมทั้งการติดเชื้อข้าม (cross transmission) ในตัวให้อาศัยที่อยู่ภายใต้สภาวะเดียวกับ *D. forficatus* ที่พบในมาดากาสกา เพื่อเป็นข้อมูลสนับสนุนการพบปรสิตชนิดใหม่นี้ (โอภาส, 2552; Mello, 1935; Peirce, 1984; Apanius et al., 2000; Savage and Greiner, 2005)

นกแซงแซวหางปลา black drongos (*Dicrurus macrocercus*) พบได้ทั่วประเทศไทย และเอเชียตะวันออกเฉียงใต้ เป็นสมาชิกนกในวงศ์ย่อย Dicrurinae ที่มีรายงานในประเทศไทยมีเพียง 7 ชนิด ที่นอกจากแซงแซวหางปลาแล้ว ยังมีแซงแซวสีเทา (*D. leucophaeus*) แซงแซวปากกา (*D. annectere*) แซงแซวเล็กเหลือง (*D. aeneus*) แซงแซวหางบ่วงเล็ก (*D. remifer*) แซงแซวหางอนขน (*D. hottentotus*) และแซงแซวหางบ่วงใหญ่ (*D. paradises*) ในขณะที่ทั่วโลกมีนกสกุลนี้ถึง 23 ชนิด แซงแซวหางปลาที่พบปรสิต *H. dicruri* ในครั้งนี้ มีความแปรผันลักษณะทางกายภาพสูงมาก ทั้งขนาดการตรวจวัดและผลกระทบต่อเซลล์ตัวให้อาศัย การสร้างเมดสี ความแตกต่างนี้เนื่องจากตัวบ่งชี้หนึ่งปรสิตที่มีความหลากหลายทางสายพันธุ์ (stain) อีกบ่งชี้หนึ่งมาจากตัวให้อาศัย ในกรณี

ของนกแขวงแขวหางปลาที่พบในประเทศไทยนี้ ยังแยกออกเป็น 3 ชนิดย่อย มีสถานภาพทั้งเป็นนกประจำถิ่น (*D. macrocercus albiricas*) นกอพยพ (*D. macrocercus thai*) และอีกชนิดย่อยที่เป็นทั้งนกอพยพและนกประจำถิ่น (*D. macrocercus cathoecus*) การแพร่กระจายที่กว้างเชื่อว่าแขวงแขวหางปลานี้มีกำเนิดในประเทศอิหร่านและแพร่กระจายในสภาพภูมิศาสตร์ที่ใกล้เคียงกัน ผ่านทางตอนใต้ของประเทศจีน และทั่วทั้งเขตเอเชียตะวันออกเฉียงใต้ แม้พฤติกรรมการอยู่แบบเดี่ยว คู่ หรือฝูงเล็กๆ และการป้องกันอาณาเขตอย่างแข็งขันจะช่วงลดโอกาสการติดเชื้อปรสิตได้ แต่แหล่งอาศัยใกล้แหล่งลุ่มน้ำเป็นปัจจัยที่เอื้อต่อการติดเชื้อปรสิต เนื่องจากการระบาดของแมลงพาหะของปรสิตภายในลักษณะภูมิศาสตร์ที่เหมาะสม และการโฉบจับแมลงเพื่อกินเป็นอาหารที่อาจเกิดการติดเชื้อปรสิตนี้โดยตรง สิ่งที่น่าสนใจอีกอย่างคือ *D. macrocercus* นี้มีความสัมพันธ์ทางด้าน brood parasitism โดยมีบทบาทเป็นตัวให้อาศัยหรือคอยฟักไข่ และเลี้ยงดูนกวัยอ่อนให้แก่นกคัคคู (Cuckoo) ในขณะที่ปรสิตในกลุ่ม haemosporidian จากนกตัวให้อาศัยไม่สามารถเกิดการติดเชื้อในนกวัยอ่อนของนกคัคคูได้จากความจำเพาะต่อตัวให้อาศัยในอันดับที่ต่างกัน (infection specific level) กลไกการป้องกันการติดเชื้อในผู้อาศัยต่างชนิดกัน หรือการต่อต้านการติดเชื้อปรสิตนี้ที่เกิดขึ้นจริงในธรรมชาติ จึงเป็นเรื่องที่น่าสนใจสำหรับการตัวให้อาศัยของปรสิต *Haemoproteus* ต่างชนิดนี้ (โอภาส, 2542; Valkiunas and Iezhova, 2001)

1.4 *Haemoproteus otocompsae* Mello, 1935

ปรสิตมีลักษณะเด่นที่สามารถนำมาใช้ในการจำแนกชนิดของปรสิตของนกในอันดับ Passeriformes ชนิดนี้ ตามลักษณะของ gametocyte ที่แนบชิดกับนิวเคลียสของตัวให้อาศัย แต่การเจริญของปรสิตไม่พบลักษณะที่มีการโอบล้อมอย่างสมบูรณ์ ขอบเขตเซลล์ปรสิตเรียบ เห็นได้ชัดเจน การเจริญของปรสิตเป็นตามแนวยาว และเมื่อเป็น gametocyte เข้าสู่ระยะตัวเต็มวัยปรสิตจะอยู่แนบชิดระหว่างนิวเคลียสและเยื่อหุ้มเซลล์เม็ดเลือดแดงของปรสิต เป็น halteridial haemoproteid ปรสิตเจริญถึงขั้วเซลล์ทั้งสองด้านของนิวเคลียสเม็ดเลือดแดง เส้นขอบของปรสิตเรียบ และสามารถแสดงลักษณะคล้ายอมิบา พบเม็ดสีขนาดเล็กจำนวน 8 ถึง 12 เม็ด ซึ่งมีลักษณะสอดคล้องกับการศึกษา (Peirce, 1984e; Rahal *et al.*, 1987; Bennett and Peirce, 1988; Bennett *et al.*, 1994a)

ปรสิต *H. otocompsae* มีรายงานครั้งแรกในนก *Otocompsa emeria* ในเมืองบอมเบย์ ประเทศอินเดีย และเก็บตัวอย่างปรสิตในตัวให้อาศัยที่ได้จากการยิงและการบรรยายลักษณะอย่าง สั้น โดยที่ปรสิตแสดงลักษณะ sexual dimorphism การติดจากทั้งสองเพศ ปรสิตโค้งกว้างและยืด ยาว นิวเคลียสอยู่กลางเซลล์หรือใกล้เคียง เม็ดสีกระจายอยู่ที่ขั้วเซลล์ ขอบเขตไม่ชัดเจน ทำให้เม็ด เลือดแดงบวม และนิวเคลียสผิวดำแทนที่จากเซลล์เม็ดเลือดแดงปกติ การเก็บตัวอย่างปรสิตจาก ตัวอย่างตัวให้อาศัยที่ตายแล้ว ทำให้การบรรยายลักษณะเกิดความแปรผันลักษณะทางกายภาพสูง ปรสิตนี้จึงถูกบรรยายลักษณะใหม่ในตัวให้อาศัยต่างชนิดกัน จาก *Pycnonotus barbatus naumanni* ในประเทศแซมเบีย พบว่าปรสิตมีขนาดมากกว่าร้อยละ 50 เพียงเล็กน้อย แขนงชนิดนิวเคลียสของตัว ให้อาศัย รูปร่างกลมเรียบ การติดสีข้างใน microgametocyte ติดสีมากกว่า macrogametocyte ปรสิต ทำให้เซลล์เม็ดเลือดแดงบวมเพียงเล็กน้อยเท่านั้น และเชื่อว่า *H. otocompsae* เป็นเพียงปรสิตชนิด เดียวในตัวให้อาศัยวงศ์ Pycnonotidae จากการพบปรสิตชนิดนี้ในนกสกุลนี้คือ *Pycnonotus jocosus*, *P. barbatus naumanni* และ *P. xanthopygos* การแพร่กระจายของปรสิตชนิดนี้ ตามการแพร่กระจาย ของนกในวงศ์ Pycnonotidae นี้ ผ่านทางประเทศอินเดีย เคนยา และแซมเบีย ปรสิตชนิดนี้ยังมี รายงานในนก *P. luteolus*, *P. goiavier*, *P. leucogenys* และ *Hypsipetes crinigar* ในพื้นที่เอเชียกลาง และเอเชียตะวันออกเฉียงใต้ รวมทั้งประเทศไทย ที่มีรายงานการพบปรสิต *H. otocompsae* ใน *P. melanicterus* พบที่สถานีวิจัยสิ่งแวดล้อมสะแกราช ตำบลวังน้ำเขียว อำเภอปักธงชัย จังหวัด นครราชสีมา จากการศึกษาในครั้งนี้ พบในนกปรอดสวน (*P. blanfordi*) แต่ประเทศไทยเคยพบ ปรสิตนี้เพียงใน *P. melanicterus* ดังนั้นปรสิตชนิดนี้ในประเทศไทยจึงถือเป็นการพบครั้งแรกในนก *P. blanfordi* (Mello, 1935; Peirce, 1984e; Rahal *et al.*, 1987; Bennett *et al.*, 1994a)

1.5 *Haemoproteus sanguinis* Chakravarty and Kar, 1945

ปรสิตโปรโตซัว *H. sanguinis* ที่พบในครั้งนี้ พิจารณาจากลักษณะสำคัญของปรสิตที่ การเจริญอยู่ชิดกับนิวเคลียสของตัวให้อาศัย และเป็น halteridial haemoproteid ขนาดกลางที่ไม่โอบ ล้อมนิวเคลียสเซลล์จนรอบ อย่างไรก็ตามจากขนาดของปรสิตอาจจัดเป็น microhalteridial haemoproteid ได้ ปรสิตปรากฏภายในเซลล์เม็ดเลือดแดงที่ติดเชื้อปรสิตนี้ โดยประมาณคิดเป็นร้อยละ 50 การเจริญของปรสิตไม่แนบชิดกับเยื่อหุ้มเซลล์เม็ดเลือดแดง ยังคงสังเกตเห็นเส้นขอบ ทางด้านข้างของปรสิตที่อยู่ห่างออกมาได้อย่างชัดเจน การเจริญของเซลล์ปรสิตครอบคลุมถึงขั้ว

ของนิเวศของตัวให้อาศัยทั้งสองข้าง เมื่อปรสิตเจริญเต็มที่ขอบของเซลล์ปรสิตแนบชิดทั้งนิเวศและเยื่อหุ้มเซลล์เม็ดเลือดแดง ค่าสัดส่วนการกระจัดของนิเวศของตัวให้อาศัยมากกว่า 0.7 นั่นคือปรสิตเข้าเบียดนิเวศของเม็ดเลือดแดงจนผิดตำแหน่งเพียงเล็กน้อยเท่านั้น เนื่องจากปรสิตนี้มีรูปร่างค่อนข้างบาง (Rahal *et al.*, 1987; Bennett and Peirce, 1988; Bennett *et al.*, 1994a; Valkiunas, 2005)

ปรสิต *H. sanguinis* นี้มีรายงานในหลากหลายพื้นที่ของทวีปเอเชียทั้งในประเทศอินเดียพบทั้งในนก *Pycnonotus jocosus* และนก *P. luteolus* เกาะฮ่องกงและประเทศมาเลเซียพบในนก *P. sinensis* ประเทศฟิลิปปินส์พบใน *P. goiavier* เช่นเดียวกับการศึกษาในครั้งนี้ ส่วนในประเทศไทยมีรายงานในนกปรอดสวน *P. blanfordi* ที่เก็บตัวอย่างมาจากจังหวัดนนทบุรี และในแอฟริกาพบในนก *Pycnonotus barbatus* จากประเทศยูกันดา การแพร่กระจายของปรสิตโปรโตซัวชนิดนี้สามารถพบได้ในนกวงศ์ Pycnonotidae ทั้งในสกุล *Criniger*, *Hypsipetes* และ *Pycnonotus* เช่น *C. bres*, *C. flaveolus*, *C. ochraceus/pallidus*, *H. madagascariensis*, *H. maclellandii*, *H. philippinus*, *H. propinquus*, *P. atriceps*, *P. aurigaster*, *P. brunneus*, *P. cafer*, *P. erythrophthalmos*, *P. eutilotus*, *P. finlaysoni*, *P. flavescens*, *P. importunes*, *P. jocosus*, *P. lucogenys*, *P. melaniecterus*, *P. nigricans*, *P. simplex*, *P. virens* และ *P. xanthopygos* จะเห็นได้ว่า *H. sanguinis* มีการแพร่กระจายอย่างกว้างขวางภายในนกในกลุ่มปรอด (bulbul) ที่มีการแพร่กระจายทั้งในทวีปเอเชีย และทวีปแอฟริกา โดยภาพรวมพบว่า ค่าความชุก (prevalence) ที่พบในทวีปแอฟริกาสูงคิดเป็นร้อยละ 43.9 ส่วนในทวีปเอเชียค่าความชุกคิดเป็นร้อยละ 33.5 หรือจัดเป็นปรสิตที่สามารถพบได้ทั่วไปทั้งในทวีปแอฟริกา และเอเชียนั่นเอง (Rahal *et al.*, 1987; Valkiunas, 2005)

การจำแนกชนิดของปรสิต *H. otocompsae* และ *H. sanguinis* นี้มีลักษณะที่แตกต่างกัน แม้ชนิดของตัวให้อาศัย (type host) เป็นชนิดเดียวกัน แม้ว่า *H. otocompsae* มีการบรรยายลักษณะในตัวให้อาศัย *Otocompsa emeria* ซึ่งเป็นที่มาของชื่อเฉพาะของปรสิตชนิดนี้ ในขณะที่ *H. sanguinis* พบในตัวให้อาศัย *Elathea jocosae emeria* ที่เก็บตัวอย่างมาจากประเทศอินเดียเช่นเดียวกัน สามารถแยกความแตกต่างได้เพียงผลกระทบของเซลล์เม็ดเลือดแดง ครั้งหนึ่งปรสิตทั้งสองชนิดเคยจัดให้เป็นชื่อพ้องของ *H. otocompsae* (= *H. sanguinis*) เมื่อตัวให้อาศัยทั้งสองชนิดได้รับการพิสูจน์ว่าต่างเป็นชื่อพ้องของ *Pycnonotus jocosus* (= *Otocompsa emeria* และ *Elathea jocosae emeria*) แต่

ความแตกต่างของปรสิตทั้ง 2 ชนิดเด่นชัด ทั้งความยาวและพื้นที่ของเซลล์ และขนาดของนิวเคลียสของเม็ดเลือดแดงที่ติดเชื้อปรสิตทั้ง 2 ชนิดแตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญ โดย *H. otocompsae* มีค่าที่มากกว่า นอกจากนี้ปรสิตยังมีขนาดทั้งความยาวของเซลล์ปรสิต และขนาดของนิวเคลียสของปรสิตทั้ง 2 ชนิดแตกต่างกัน รวมทั้งเม็ดสีที่ *H. otocompsae* พบเม็ดสีเหลืองสว่างขนาดใหญ่อยู่กันเป็นกลุ่ม และยังพบเม็ดสี volutin อยู่ทั่วไป ในขณะที่ *H. sanguinis* ติดสีจิมซ่า จางมาก นิวเคลียสล้อมติดสีชมพู แต่ขอบเขตทั้งเซลล์และนิวเคลียสของปรสิตสังเกตได้ยาก ซึ่งเป็นลักษณะเฉพาะตัวที่ไม่ได้เกิดจากการแปรผันของลักษณะทางกายภาพที่อาจเกิดจากสภาพแวดล้อมและตัวให้อาศัย ปรสิตทั้งสองชนิดจึงเป็นปรสิตต่างชนิดกัน (ดังตารางที่ 6) อย่างไรก็ตามข้อมูลการติดเชื้อปรสิตทั้งสองชนิดภายในตัวให้อาศัยที่มีกระดูกสันหลังและ/หรือไม่มีกระดูกสันหลัง (vertebrate and invertebrate host) ทั้งระยะ schizogony และ sporogony ของปรสิตควรนำมาเปรียบเทียบ เพื่อยืนยันความแตกต่างของปรสิตทั้งสองชนิด (Mello, 1935; Chakravarty and Kar, 1945; Peirce, 1984e; Valkiunas, 2005)

นอกจากปรสิต haemoproteid ทั้ง 2 ชนิดนี้แล้ว ในนกตัวให้อาศัยในวงศ์ Pycnonotidae ยังพบชนิดที่ไม่พบในการศึกษาครั้งนี้คือ *H. philippinensis* ที่พบครั้งแรกในรัฐปะหัง ประเทศมาเลเซีย เป็นปรสิตที่พบในนกตัวให้อาศัย *Hypsipetes flava* การแพร่กระจายของปรสิตนี้ พบในประเทศฟิลิปปินส์มากที่สุด และพบน้อยลงมาในประเทศญี่ปุ่น ไต้หวัน มาเลเซีย ไทย และอินเดีย ตามลำดับ ส่วนในทวีปแอฟริกาพบน้อยมากมีรายงานเพียงประเทศยูกันดาเท่านั้น ปรสิตชนิดนี้มีลักษณะแตกต่างจากปรสิตทั้งสองชนิดที่พบในการศึกษาในครั้งนี้ จากการแสดงลักษณะที่เป็นสองพู (lope) หรือมีรูปร่างคล้ายดัมเบลล์ (dumbbell-shaped haemoproteid) ขนาดเล็กสามารถจัดอยู่ในกลุ่ม Halteridial haemoproteid ได้ จากพื้นที่ของปรสิตปรากฏน้อยกว่าร้อยละ 50 ของพื้นที่ซ่อนทับระหว่างตัวให้อาศัยและปรสิต ผลของปรสิตทำให้นิวเคลียสของเม็ดเลือดแดงผิดตำแหน่งจากปกติเพียงเล็กน้อยเท่านั้น และผลจากการเป็นปรสิต haemoproteid ที่มีขนาดเล็กจึงทำให้เซลล์เม็ดเลือดแดงที่ปรสิตอาศัยอยู่มีการบวมเพียงเล็กน้อย จะเห็นได้ว่าปรสิต *H. philippinensis* มีลักษณะที่แตกต่าง *H. otocompsae* และ *H. sanguinis* อย่างชัดเจน การพบปรสิตนี้ในประเทศฟิลิปปินส์มีอัตราที่สูงอาจกล่าวได้ว่าเป็นแหล่งกำเนิดของปรสิตนี้ การศึกษาการแพร่กระจายของ *H. philippinensis* จึงเป็นเรื่องที่น่าสนใจสำหรับการปรับตัวของปรสิตในสภาพภูมิศาสตร์ที่แตกต่างกัน จนสามารถ

เกิดการติดเชื้อในตัวให้อาศัยต่างชนิดได้ (Rahal *et al.*, 1987; Bennett and Peirce, 1988; Bennett, 1993)

ตัวให้อาศัยที่พบปรสิต haemoproteid นี้เป็นสมาชิกในนกวงศ์ Pycnonotidae ที่พบได้ทั่วไป ทั้งหมด 21 สกุล สามารถพบในประเทศไทยได้ถึง 8 สกุล คือ สกุลนกปรอดปากหนา (*Spizixos*) สกุลนกปรอดธรรมดา (*Pycnonotus*) สกุลนกปรอดโอง (*Alophoixus*) สกุลนกปรอดหลังฟู (*Tricholestes*) สกุลนกปรอดเล็ก (*Iole*) สกุลนกปรอดหลังเขียวอกลาย (*Ixos*) สกุลนกปรอดสี (*Hemixos*) และปรอดนกคง (*Hypsipetes*) สำหรับสกุลนกปรอดธรรมดาที่ศึกษาการติดเชื้อปรสิตครั้งนี้ มีสมาชิกทั้งหมดถึง 40 ชนิด และในประเทศไทยพบถึง 20 ชนิด แหล่งที่อยู่อาศัยพบนกในสกุลนี้ในป่าเบญจพรรณบริเวณที่โล่ง ตามสวนผลไม้และแหล่งกสิกรรม สามารถพบปรสิตชนิดนี้ได้ในพื้นที่เขตร้อนในเขตเอเชียตะวันออกเฉียงใต้ ยกเว้นทางตอนใต้ของประเทศมาเลเซีย ภาคตะวันออกเฉียงใต้ของประเทศเมียนมาร์ และตอนเหนือของประเทศเวียดนาม นกในสกุลนี้กินอาหารตามต้นไม้ที่มีผลสุก สามารถโฉบจับแมลงในอากาศเพื่อเป็นอาหารได้ รวมทั้งหนอนและแมลงที่อยู่ในระดับพุ่มไม้ และมักอยู่ภายในกลุ่มนกในสกุลเดียวกัน อาจอยู่เดี่ยวหรือแบบคู่ ฤดูผสมพันธุ์อยู่ระหว่างเดือนกุมภาพันธ์ถึงเดือนเมษายน สำหรับนกปรอดหน้าवल และปรอดสวนที่พบปรสิตในครั้งนี้ จัดเป็นนกประจำถิ่นของประเทศไทย จากความหลากหลายของนกในวงศ์นี้อยู่ในระดับที่สูง การแพร่กระจายสภาพภูมิศาสตร์ของแหล่งที่อยู่อาศัยของสังคมนกตัวให้อาศัยในวงศ์ Pycnonotidae นี้มีการซ้อนทับกัน (share habitat) ทำให้สายใยอาหารที่เป็นปัจจัยหนึ่งที่เหมาะสมต่อการแพร่กระจายของเชื้อปรสิตโปรโตซัวในเลือด รวมทั้งแมลงพาหะของปรสิตที่เป็นกลางสำคัญต่อการแพร่กระจายของปรสิตแต่ละชนิด การศึกษาปรสิตในนกสกุลนี้จึงเหมาะสมต่อการศึกษาปัจจัยที่มีผลต่อการแพร่กระจายเชื้อปรสิต ความจำเพาะต่อแมลงพาหะของปรสิต haemoproteid แต่ละชนิดที่พบในนกวงศ์นี้ (โอภาส, 2552; Rahal, 1987; Valkiunas, 2005)

1.6 *Haemoproteus payevskyi*. Valkiunas, Iezhova and Chernetsov, 1994

ปรสิต *H. payevskyi* ที่พบในครั้งนี้ มีลักษณะที่สอดคล้องกับลักษณะเด่นที่เป็นปรสิตที่พบในนก Passeriformes เป็นปรสิตที่มีรูปร่างในลักษณะ halteridial haemoproteid ขนาดกลาง ไม่แสดงลักษณะ dumbbell haemoproteid เมื่อ gametocyte ที่เจริญเต็มที่ โดยมากไม่โอบล้อมตัวของ

นิวเคลียสทั้งสองด้านของนิวเคลียสเซลล์ตัวให้อาศัย ประติแบบชนิดทั้งนิวเคลียสและเยื่อหุ้มเม็ดเลือดแดง พบนิวเคลียสของปรสิตอยู่ที่บริเวณกลางเซลล์ ลักษณะสำคัญที่มีความสำคัญต่อการจำแนกชนิดของปรสิต เมื่อเทียบกับ haemoproteid ชนิดอื่น *H. payevskyi* สามารถบอกความแตกต่างจากปรสิตชนิดอื่นอย่างเด่นชัด ที่ใช้ในการจำแนกชนิด จากการสังเกตการเรียงของเม็ดสีที่เป็นกลุ่มหลวมที่บริเวณปลายทั้งสองด้านของเซลล์ปรสิต โดยเฉลี่ยประมาณ 12 เม็ด สอดคล้องกับการศึกษาในครั้งนี้ที่พบจำนวนระหว่าง 11 ถึง 13 เม็ด ตำแหน่งของนิวเคลียสที่อยู่บริเวณกลางเซลล์ และนิวเคลียสของ microgametocyte ที่มีขนาดเล็กสังเกตได้ชัดเจน (Valkiunas, 2005)

อย่างไรก็ตามขนาดของ gametocyte ที่เจริญเต็มที่ที่มีขนาดที่แปรผันในตัวให้อาศัยต่างชนิดกัน การโอบล้อมขั้วทั้งสองข้างของนิวเคลียสเซลล์เม็ดเลือดแดง สามารถแสดงในตัวให้อาศัยต่างชนิดกัน แต่ลักษณะรูปร่างของปรสิตยังคงอยู่ในช่วงค่าที่มีนัยสำคัญที่พบในตัวให้อาศัยต่างชนิดกัน เดิมเชื่อว่า *H. payevskyi* พบเฉพาะในทวีปแอฟริกา เป็นปรสิตที่พบได้ทั่วไปในนกที่เต็มวัย หลังจากการกลับมาในช่วงฤดูหนาว ปรสิตชนิดนี้ไม่มีรายงานในตัวให้อาศัยวัยอ่อน ปรสิตนี้มีรายงานเพียงในนก *Acrocephalus scirpaceus*, *A. aundinaceus*, *A. dumetorum* และ *A. palustris* การแพร่กระจายพบในภูมิภาคพาลีอาร์กติก (Palearctic) และแหล่งการแพร่กระจายของสัตว์ภายในประเทศเอธิโอเปีย สำหรับตัวให้อาศัยที่พบปรสิต *H. payevskyi* ในครั้งนี้ พบในนก *A. orientalis* ซึ่งเดิมใช้ชื่อวิทยาศาสตร์ว่า *A. aundinaceus* ต่อมา มีการตั้งชื่อชนิดย่อย (subspecies) ว่า *A. aundinaceus orientalis* ตามแหล่งแพร่กระจายของนกตัวให้อาศัยที่พบได้ในพื้นที่แถบซีกโลกทางด้านตะวันออก ชื่อสามัญที่เรียกนกที่มีถิ่นกำเนิดและแหล่งแพร่กระจายในทวีปยุโรป แอฟริกา และเอเชียไมเนอร์ ว่า Great Reed Warbler ส่วนนกที่มีถิ่นกำเนิดในเอเชียตะวันออก รวมทั้งประเทศไทย มีชื่อสามัญว่า Oriental Reed Warbler ชื่อวิทยาศาสตร์ของตัวให้อาศัยนี้จึงยกฐานะเป็นชนิดที่แตกต่างกันตามแหล่งแพร่กระจายเป็น *A. aundinaceus* และ *A. orientalis* ตามลำดับ การศึกษาปรสิตในนกตัวให้อาศัยวงศ์ Sylviidae นี้ เป็นข้อมูลหนึ่งที่สามารถใช้ในการศึกษาสายสัมพันธ์ (lineage) ของตัวให้อาศัยเพื่อสนับสนุนจุดกำเนิดของนกตัวให้อาศัยสกุล *Acrocephalus* ที่มาจากจุดกำเนิดเดียวกัน (monophyletic) การศึกษาความสัมพันธ์ระหว่างตัวให้อาศัยและปรสิต วัฏจักรชีวิตของปรสิต และการปรับตัวของปรสิตที่อยู่ในสภาพภูมิศาสตร์ที่แตกต่างกัน รวมทั้งการแพร่กระจายของตัวให้อาศัยอาจมีพื้นที่ซ้อนทับกัน (share habitat) ระหว่างการแพร่กระจายตัวของประชากรนกตัวให้อาศัยภายในพื้นที่ในเขตอบอุ่น และการแพร่กระจายตัวของประชากรภายในพื้นที่เขตร้อนจน

เป็นเหตุให้มีการติดเชื้อของปรสิตโปรโตซัวในเลือดชนิดเดียวกัน เพื่อใช้ในการศึกษาเส้นทางและพฤติกรรมการอพยพของนกในสกุลนี้ ซึ่งมีความสำคัญต่อการคาดการณ์การแพร่กระจายโรคติดเชื้ออื่นที่มีนกเป็นพาหะของการติดเชื้อ (โอภาส, 2542; Valkiunas, 2005)

ปรสิต *H. payevskyi* มักมีความหนาแน่นของการติดเชื้อในนกตัวให้อาศัยสูง เนื่องจากสายสัมพันธ์ระหว่างตัวให้อาศัยและปรสิตเกิดขึ้นอย่างยาวนาน จนทำให้การติดเชื้อปรสิตไม่ส่งผลกระทบต่อนกตัวให้อาศัย ในขณะที่ปรสิตที่มีความรุนแรง (virulent parasite) จนเป็นสาเหตุของการตายของตัวให้อาศัย ความหนาแน่นของการติดเชื้อจะอยู่ในระดับขึ้นลงไม่คงที่ โดยมากพบความหนาแน่นของการติดเชื้อปรสิตที่มีความรุนแรงนี้ในระดับต่ำ สำหรับการติดเชื้อปรสิต *H. payevskyi* เป็นการติดเชื้อแบบเรื้อรังในปีแรกของนกตัวให้อาศัย แต่อาจไม่พบการติดเชื้อในปีถัดไป เนื่องจากความแตกต่างระหว่างความสามารถในการติดเชื้อ (susceptibility) ระหว่างตัวนกตัวให้อาศัย ซึ่งอาจเกิดจากความแตกต่างในการสัมผัสกับแมลงพาหะ และความแตกต่างทางพันธุกรรมต่อการต่อต้านของนกตัวให้อาศัยในแต่ละตัวที่มีผลต่อลักษณะทางพันธุกรรม (genotype) ของ major histocompatibility complex (Mhc) ที่มีความสำคัญต่อการสร้างโปรตีนที่ทำหน้าที่ในการจดจำแอนติเจนของปรสิตนี้ ในระบบภูมิคุ้มกันของนกตัวให้อาศัยเมื่อเจริญเป็นตัวเต็มวัย (Hasselquist, 1998; Westerdahl *et al.*, 2005b)

การติดเชื้ออย่างหนาแน่นจะเกิดขึ้นเพียงช่วงระยะเวลาหนึ่งเท่านั้นในช่วงที่มีการสืบพันธุ์ของตัวให้อาศัย แล้วลดลงในช่วงนอกฤดูการสืบพันธุ์และความหนาแน่นของการติดเชื้อจะอยู่ในระดับที่คงที่ การลดลงของความหนาแน่นของการติดเชื้อปรสิตนี้มีสมมติฐานที่แตกต่างกัน โดยที่สมมติฐานแรกปรสิตสามารถปรับตัวต่อการติดเชื้อ เมื่อระบบของสายวิวัฒนาการร่วมกันระหว่างตัวให้อาศัยและปรสิตอยู่ในภาวะสมดุล ปรสิตจะสร้าง gametocyte เพียงช่วงที่เกิดการติดเชื้อเท่านั้น ซึ่งปรสิตต้องการทั้งแมลงพาหะที่เหมาะสม และนกตัวให้อาศัยที่มากพอ หากปัจจัยทั้งสองนี้ไม่เหมาะสมปรสิตจะอยู่ในระยะแฝง (latent period) จึงทำให้สามารถพบ gametocyte ของปรสิตได้เพียงระยะแรกของฤดูผสมพันธุ์ และความหนาแน่นของการติดเชื้อลดลงเมื่อเซลล์เม็ดเลือดแดงปกติเข้ามาแทนที่ ซึ่งใช้เวลาประมาณ 35 ถึง 45 วันเท่านั้น อีกสมมติฐานหนึ่งคือการสร้าง gametocyte ของปรสิต เมื่อความต้านทานของตัวให้อาศัยอ่อนแอลง เนื่องจากในระหว่างการอพยพเกิดขึ้นก่อนพฤติกรรมการสืบพันธุ์ ทำให้เกิดแรงกดดันจากการอพยพในระยะเวลาที่ยาวนาน

ขาดการพักผ่อน จึงชักนำให้เกิดการติดเชื้อซ้ำ (relapse) อย่างไรก็ตามการติดเชื้อปรสิต *H. payevskyi* นี้ยังมีรูปแบบที่แตกต่างกันระหว่างเพศ และอายุของนกตัวให้อาศัย เนื่องจากระยะปีแรกนกตัวให้อาศัยที่มีความสามารถในการติดเชื้อระหว่างการอพยพได้ดีกว่า ส่วนเพศของตัวให้อาศัยพบว่า ตัวให้อาศัยของนกชนิดนี้จัดในกลุ่ม polygony ตัวให้อาศัยเพศผู้สามารถผสมพันธุ์กับเพศเมียได้ถึง 4 ถึง 5 ตัว ทำให้เพศผู้ต้องร้อง (singing) ประมาณ 1 ถึง 2 เดือนทำให้เกิดแรงกดดันด้านสรีรวิทยาจึงติดเชื้อได้มากกว่า ในขณะที่การติดเชื้อเกิดขึ้นนอกฤดูกาลผสมพันธุ์ หรือเกิดในช่วงที่มีการอพยพ ซึ่งเชื่อว่าการติดเชื้อของปรสิตนี้เกิดขึ้นในเขตร้อน (tropical region) ระหว่างการอพยพ จากหลักฐานความใกล้ชิดของปรสิต *Haemoproteus* ในนกประจำถิ่นที่มีการแพร่กระจายทางด้านทิศตะวันตกของแอฟริกา โดยการศึกษาสายสัมพันธ์จากสารพันธุกรรมภายในไมโทคอนเดรีย ส่วนไซโตโครม บี (mitochondrial DNA cytochrome b gene; mtDNA, cyt. b) ซึ่งการติดเชื้อขึ้นกับทั้งความสามารถในการเหนี่ยวนำจากการอพยพ (cost of migratory) ตั้งแต่อดีตจนถึงปัจจุบันระหว่างการมีวิวัฒนาการร่วมกันของตัวให้อาศัยและปรสิต และความสามารถในการติดเชื้อของปรสิตในพื้นที่เขตร้อนที่มีปัจจัยจากสภาพร่างกายตัวให้อาศัย และสภาพภูมิศาสตร์ที่อาจเหนี่ยวนำการติดเชื้อ ในนกประจำถิ่นที่อาจส่งผลกระทบต่อประชากรของตัวให้อาศัยชนิดใหม่นี้ได้ (Hasselquist, 1998; Hasselquist *et al.*, 2007)

1.7 *Haemoproteus passeris* Kruse, 1890

ลักษณะสำคัญที่ใช้ในการจำแนกชนิดของ *H. passeris* เป็นปรสิตในอันดับ Passeriformes จากลักษณะของ gametocyte เจริญโดยรอบ แต่ไม่ล้อมรอบของนิวเคลียสของเซลล์ ตัวให้อาศัยที่ติดเชื้อปรสิตนี้ การเจริญของปรสิตจะอยู่ชิดและห่อหุ้มจนถึงขั้วทั้งสองด้านของนิวเคลียสตัวให้อาศัย ปรสิตเจริญจนชิดเชื้อหุ้มเซลล์เม็ดเลือดแดงตัวให้อาศัยแม้ปรสิตจะอยู่ในระยะก่อนเต็มวัย ผลการติดเชื้อปรสิตนี้ทำให้ตำแหน่งของเซลล์เม็ดเลือดแดงของตัวให้อาศัยเคลื่อนออกจากตำแหน่งปกติเพียงเล็กน้อยเท่านั้น เม็ดสีมีขนาดแตกต่างกันและสามารถพบเม็ดสีที่มีขนาดเล็กมากได้ การจำแนกชนิดต้องอาศัยข้อมูลอย่างละเอียดประกอบการวิเคราะห์ ทั้งค่าสัดส่วนการกระจายของนิวเคลียสตัวให้อาศัย การเจริญของระยะก่อนเต็มวัยของ gametocyte เป็นข้อมูลสำคัญในการจำแนกชนิดปรสิตนี้ และจากรูปร่างลักษณะ halteridial haemoproteid ขนาดกลาง เส้นขอบที่เห็นได้

ชัดเจน และจำนวนเมล็ดที่พบ ลักษณะเหล่านี้สอดคล้องกับปรสิตที่พบในการศึกษานี้ (Bennett and Peirce, 1988, 1991; Bennett *et al.*, 1994a; Valkiunas, 2005)

ปรสิต *H. passeris* นี้แสดงรูปร่างลักษณะทางกายภาพที่มีความแปรผันอย่างมากทำให้การบรรยายลักษณะได้หลายรูปแบบ จึงเป็นเหตุให้เกิดชื่อพ้อง (synonym) หากการตรวจระบุชนิด (identify) ปรสิตมีข้อมูลไม่เพียงพอ มีรายงาน *H. passeris* เป็นครั้งแรกจากนกนางแอ่น (sparrow) ในการตั้งชื่อสกุล *Haemoproteus* ร่วมกับปรสิตอีก 2 ชนิดคือ *H. danilewskii* จากอีกา (crow, *Corvus corix*) และ *H. columbae* จากนกพิราบ (Pigeon) ที่ได้รับเลือกเป็นชนิดต้นแบบ (type species) ของปรสิตสกุลนี้ จากการบรรยายลักษณะอย่างสั้น *H. danilewskii* var. *urbanensis* จึงถูกบรรยายลักษณะจากนก English sparrow (*Passer domestica*) เมื่อพิจารณาการทดลอง cross transmission ของปรสิต *H. columbae* ที่สามารถพบได้ทั่วไปในนกพิราบ *Columba livia* ไม่สามารถเกิดการติดเชื้อในนก *C. palumbus* ได้ ดังนั้นการติดเชื้อปรสิตชนิดเดียวกันในตัวให้อาศัยต่างชนิดกันแม้อยู่ภายในสกุลเดียวกัน แสดงการต่อต้านการติดเชื้อ เมื่อพิจารณาตัวให้อาศัยต่างวงศ์จึงมีโอกาสดูดเชื้อปรสิตได้น้อยมาก ดังนั้นการพบ *H. danilewskii* var. *urbanensis* จึงจัดเป็นชื่อพ้องของ *H. passeris* (Baker, 1968; Levine and Campbell, 1971; Peirce, 1976)

ปรสิตสกุลนี้ในนก sparrow แม้ไม่จัดเป็นชนิดต้นแบบ (type species) ของปรสิตสกุล *Haemoproteus* แต่ถือเป็นปรสิตที่มีการศึกษาที่ยาวนาน ชื่อพ้อง (synonym) สามารถเกิดขึ้นได้มีการห้ปัจจัยที่เกิดจากปรสิตที่มีความแปรผันทางกายภาพสูง และมีลักษณะที่คล้ายคลึงกับปรสิตสกุลนี้ที่พบในตัวให้อาศัยต่างวงศ์ย่อย (subfamily) ภายในวงศ์เดียวกัน โดยเฉพาะ *H. orizivora* และ *H. fringillae* ปรสิต *H. passeris* นี้มีลักษณะทางกายภาพอยู่ระหว่างปรสิตทั้งสองชนิด ถือว่าปรสิตทั้งสามชนิดเป็นปรสิตชนิดที่มีรูปร่างหลายรูปแบบ (pleomorphic species) ลักษณะนี้จัดเป็นปัญหาทางอนุกรมวิธานของปรสิตที่พบในกลุ่มตัวให้อาศัยวงศ์นี้ แม้จะสามารถแยกปรสิตออกจากด้วย schizont ที่แสดงลักษณะที่แตกต่างกันอย่างชัดเจน ที่ต้องอาศัยการวิเคราะห์ข้อมูลอย่างละเอียดทั้งการเจริญของ gamont ภายในเซลล์เม็ดเลือดแดงของตัวให้อาศัย และการเจริญภายในแมลงพาหะต่างชนิดกัน อีกสาเหตุที่พบชื่อพ้องของปรสิตชนิดนี้จากการใช้ชื่อ *Haemoproteus passeris* จากการรายงานในนกตัวให้อาศัยต่างสกุลหรือวงศ์ ปรสิตชนิดนี้แสดงลักษณะความจำเพาะในตัวให้อาศัยในวงศ์นกกระจาบ (Passeridae) เท่านั้น (Peirce, 1976, 1984a, 1984c)

ปรสิตในสกุล *Haemoproteus* นี้ในนกวงศ์ Passeridae ยังคงหาข้อสรุปไม่ได้ มีการรายงานปรสิตโปรโตซัวในเลือดสกุลนี้ ในนก Algerian sparrow (*Passer h. hispaniola*) และการบรรยายลักษณะของ meront ที่พบในอวัยวะภายในของนก Baghdad sparrow ที่มีลักษณะรูปร่างของกลมรี อยู่ภายใน oocysts ที่เส้นผ่านศูนย์กลางมากกว่า 200 ไมโครเมตร ซึ่งไม่ใช่ลักษณะของสกุลย่อย (subgenus) *Parahaemoproteus* โดยไม่อ้างอิงถึง *Haemoproteus passeris* ทำให้เกิดความสับสนเกี่ยวกับปรสิตชนิดนี้ ต่อมาการศึกษา gamont ในเลือดของนกขมิ้น (canary, Family Fringillae) ที่นำเข้ามาจาก Algerian พบว่ามีลักษณะไม่แตกต่างจากปรสิตโปรโตซัวในเลือดที่พบในนก English sparrow แต่ตั้งชื่อปรสิต *H. wenyoni* ก่อนหน้านี้นี้ ที่รายงานในกลุ่มนกกระजิบ (sutoria) เป็นนกที่อยู่ภายในวงศ์ Sylviidae ที่มีเพียง 20 ชนิดเท่านั้น และการแพร่กระจายของปรสิตชนิดนี้น้อยมาก แม้ภายในตัวให้อาศัยวงศ์เดียวกันนี้ยังพบปรสิต *H. wenyoni* ได้ในตัวให้อาศัยบางสกุลเท่านั้น ปรสิตที่พบในประเทศอินเดียจากนก *Orthotomus sutorius* (type host ของ *H. wenyoni*) แต่บรรยายลักษณะต่างออกไปจาก *H. wenyoni* และตั้งชื่อ *H. garnhani* และใช้ในการบรรยายลักษณะที่พบทั้งในนก *Passer* spp. และ *Lonchura malabarica* ด้วย จากข้อมูลดังกล่าวเป็นหลักฐานสำคัญในการตั้งชื่อปรสิต *H. wenyoni* ที่พบในนกขมิ้นจึงเป็นชื่อพ้องของ *H. passeris* ส่วน *H. garnhani* อาจเป็นปรสิตที่พบในนก *Lonchura malabarica* หรือชื่อพ้องของ *H. passeris* ที่พบในนกตัวให้อาศัยสกุล *Passer* และจากลักษณะของ meront และ oocysts ที่ได้จากการศึกษาสอดคล้องกับการศึกษา Schizogonic stage จากนก *Passer domesticus biblicus* แสดงลักษณะเดียวกัน (identical) การจัด *Haemoproteus passeris* ให้อยู่ภายใต้สกุลย่อย *Parahaemoproteus* จึงต้องทบทวนใหม่ (Levine and Campbell, 1971; Peirce, 1984f; Bennett and Peirce, 1991; Paperna and Gil, 2003)

ปรสิต *H. wenyoni* ยังคงมีรายงานในนกสกุล *Passer* ยังคงมีรายงานในนก gray-headed sparrow (*Passer griseus ugandae* และ *P. iagoensis*) ในทวีปแอฟริกา ส่วนการศึกษาใน *P. molinerum* ตั้งชื่อ *H. granolosum* แม้ไม่พบลักษณะที่แตกต่างจากปรสิตที่พบในนกสกุล *Passer* นอกจากนี้ยังมีการบรรยายลักษณะของปรสิตที่พบในนก *Passer domesticus* คือ *H. zasukhini* เทียบกับ *H. danilewskii* แล้วพบความแตกต่างที่เหมือนกับปรสิตที่พบในนก house sparrow แม้มีการบรรยายลักษณะทั่วไปของ schizogonic stage ของ Apicomplexan parasite รวมทั้ง *H. gymnorhidis* ที่พบในสมาชิกของนกตัวให้อาศัยกลุ่ม sparrow *Gymnohis* (= *Petronia*) *xanthocollis* ที่ศึกษาการติดเชื้อปรสิตหลังจากนกตัวให้อาศัยตายแล้วแต่ภาพวาดปรสิตแสดงลักษณะ *H. passeris* ดังนั้นปรสิต

ที่พบเหล่านี้จึงจัดเป็นชื่อพ้องของ *H. passeris* และ schizogonic stage ถือเป็นที่ใช้ประกอบการบรรยายของปรสิตนี้ (Levine and Campbell, 1971; Bennett and Peirce, 1991)

ปรสิต *H. passeris* ในครั้งนี้พบในนกกระจาบบรรณดา หรือ Baya weaver; *Ploceus philippinus* Linn. เป็นนกเพียงสกุลเดียวที่พบในประเทศไทยจากทั้งหมด 17 สกุลที่พบในวงศ์ย่อยนกกระจาบบ (Ploceinae) จากทั้งหมด 4 วงศ์ย่อยภายในวงศ์ Passeridae ที่สามารถพบได้ในประเทศไทย ความใกล้ชิดกับนกในวงศ์นกกระจอก (Passerinae) จึงแบ่งนกชนิดนี้ออกเป็นชนิดย่อย (subspecies) *Ploceus philippinus passerines* Reichnow เป็นนกที่มีการแพร่กระจายทั้งภาคเหนือและภาคกลางของประเทศไทย การติดเชื้อปรสิตชนิดนี้สอดคล้องทั้งลักษณะทางกายภาพของปรสิต ผลกระทบที่เกิดต่อตัวให้อาศัย และความจำเพาะต่อนกตัวให้อาศัย จากการศึกษาตัวให้อาศัยต่อการแพร่กระจายของปรสิตในระบบนิเวศใหม่ จากการสังเกตพฤติกรรมการติดเชื้อของ *H. passeris* ในนกกระจอกบ้าน (House sparrow) ที่มักติดเชื้อในนกที่ยังเจริญไม่เต็มที่และมักพบความชุกที่สูงในตัวให้อาศัยกลุ่มนี้ เมื่อนกตัวให้อาศัยไปอยู่ในแหล่งใหม่การติดเชื้อปรสิตนี้จะยังคงอยู่ แต่จะมีความหนาแน่นการติดเชื้อต่ำซึ่งแสดงถึงการติดเชื้อแบบเรื้อรัง (chronic infection) ทั้งนี้เนื่องจากในแหล่งที่อยู่อาศัยใหม่นี้ไม่มีแมลงพาหะที่จำเพาะต่อการแพร่เชื้อ และเกิดการต่อต้านการติดเชื้อปรสิต Haemoproteid ชนิดอื่นที่อาจเป็นสาเหตุการเกิดโรคในนกได้ นี่เป็นกลไกหนึ่งในธรรมชาติของการอยู่ร่วมกันในสภาวะปรสิตที่เกิดความเหมาะสม (ecological fitness) ดังนั้นการต่อต้านการติดเชื้อปรสิต Haemoproteid อื่น มากกว่า *H. passeris* นี้ สนับสนุนการพบการติดเชื้อในนกกระจอกบ้าน และในนกตัวให้อาศัยภายในวงศ์ Passeridae และเหตุการณ์เปลี่ยนตัวให้อาศัยของปรสิต (host-switching) ในนกกระจอกชนิดอื่นจึงมีโอกาสดังกล่าวเกิดขึ้นน้อยมาก (โอภาส, 2542; Valkiunas *et.al.*, 2006)

1.8 *Haemoproteus orizivora* Anschütz, 1909

ปรสิตนี้พบในนกอันดับ Passeriformes พบปรสิตเจริญโดยรอบนิวเคลียส แต่ไม่พบการล้อมรอบนิวเคลียสของตัวให้อาศัย ปรสิตเจริญชิดกับนิวเคลียสตัวให้อาศัยคล้ายกับการเจริญของปรสิตห่อหุ้มนิวเคลียสของตัวให้อาศัย ปรสิตที่เจริญเต็มที่เข้าแทนที่ไซโตพลาซึมบริเวณขั้วนิวเคลียสทั้งสองของเซลล์ผู้อาศัย และขอบเขตของเซลล์ปรสิตเห็นได้อย่างชัดเจน สามารถพบเม็ดสีขนาดใหญ่แตกต่างกันสังเกตเห็นเม็ดสีได้ชัดเจน กระจายตัวอยู่ภายในไซโตพลาซึมจำนวน

มากกว่า 20 เม็ด การจำแนกปรสิตชนิดนี้ต้องอาศัยการวิเคราะห์รายละเอียดของข้อมูลลักษณะของ gametocyte ประกอบกับตัวให้อาศัยของปรสิต การใช้อายุของตัวให้อาศัยอาจทำให้เกิดความผิดพลาดในการจำแนกชนิดได้ บ่อยครั้งที่ปรสิตชนิดนี้ถูกรายงานในกลุ่มของตัวให้อาศัยในอันดับนี้ อาจเกิดความสับสนต่อการจำแนกชนิดปรสิตที่พบในตัวให้อาศัยอันดับ Passeriformes การพบเม็ดสีจำนวนมากเป็นจุดสังเกตที่ช่วยจำแนกปรสิตนี้ออกจากปรสิตที่พบในตัวให้อาศัยในอันดับเดียวกันนี้ การบรรยายลักษณะปรสิตที่พบในครั้งนี้อยู่คล้อยคลึงกับลักษณะสำคัญที่ใช้ในการจำแนกชนิดปรสิต อย่างไรก็ตามเม็ดสีเป็นลักษณะที่แปรผันมาก สามารถพบได้ในช่วง 9 ถึง 20 เม็ด แต่เมื่อเทียบกับปรสิตชนิดอื่นจากการศึกษาในครั้งนี้ ปรสิตเป็นปรสิตที่พบเม็ดสีมากที่สุด และจากการเปรียบเทียบปรสิตนี้ สามารถใช้ลักษณะการติดสีจางและไม่พบเม็ดสี volutin เป็นลักษณะเฉพาะต่างจาก *H. fallisi* และ *H. fringillae* ในขณะที่การจำแนกชนิดปรสิต *H. wenyoni* ที่มีการแพร่กระจายน้อยมากและสามารถพบได้ในนกวงศ์ Sylviidae บางสกุลเท่านั้น อาจถูกจำแนกเป็น *H. orizivora* หรือ *H. fringillae* เนื่องจากลักษณะที่แปรผันทางกายภาพ ประกอบการติดเชื้อของ *H. wenyoni* มีความหนาแน่นการติดเชื้อต่ำ (Peirce, 1984d, 1984f; Bennett and Peirce, 1988; Bennett *et al.*, 1994a; Valkiunas, 2005)

การศึกษาปรสิตโปรโตซัวในเลือดในสกุล *Haemoproteus* เริ่มจากการรายงานของ Laveran (Levine and Campbell, 1971) ที่พบ haemoproteid ในนก *Padda orizivora* ที่นำเข้าฝรั่งเศสจากประเทศแถบอินโดจีนหรือประเทศเวียดนามในปัจจุบัน ในขณะที่นกสกุล *Padda* นี้เป็นชื่อพ้องปัจจุบันปรับให้เป็นสกุล *Lonchura* และการศึกษาปรสิต haemoproteid ในเลือดนก *Padda* (= *Lonchura*) *orizivora* นี้มีการบรรยายลักษณะในปรสิต *Halteridium orizivora* โดยการศึกษาของ Anschutz ต่อมา Brumpt บรรยายลักษณะของปรสิตที่พบในเลือดนก *Lonchura orizivora* ที่เป็นลักษณะของ haemoproteid อย่างชัดเจน แต่ตั้งชื่อเป็น *Plasmodium paddae* แต่ชื่อนี้เป็นชื่อพ้องของ *P. relictum* จึงต้องทำการบรรยายลักษณะใหม่ (redescription) ปรสิตในชื่อ *Haemoproteus paddae* และอ้างอิงลักษณะจากการศึกษาของ Laveran แต่ไม่ได้กล่าวอ้างถึงการรายงานของ Anschutz แม้การบรรยายลักษณะของ *Halteridium orizivora* และ *Haemoproteus paddae* บ่งบอกว่าเป็นปรสิตชนิดเดียวกัน (identical) ในขณะที่การศึกษาปรสิตโปรโตซัวในเลือดของ *Lonchura malabarica* มีรายงานว่าพบ *Haemoproteus garnhami* แต่จากการบรรยายลักษณะใหม่เพื่อแก้ไขการบรรยายลักษณะของ *H. wenyoni* ที่รายงานใน *Passer hispaniolensis* (Passeridae) ซึ่งเป็นชื่อซ้ำ (homonym) กับปรสิตที่พบในนก *Orthotomus sutorius* (Sylviinae: Muscicapidae) ด้วย ปรสิตโปรโตซัวในเลือด

ของนก *Lonchura malabarica* (Poepphilinae: Estrildidae) แต่ลักษณะที่บรรยายสอดคล้องกับปรสิตที่พบในนก *Lonchura orizivora* เมื่อมีการจัดอันดับของปรสิตโปรโตซัวในเลือดสกุล *Haemoproteus* พบว่าปรสิตสกุล *Halteridium crumenium* ที่พบในนก African stork (*leptoptilus crumeniferrus*) มีขนาดใหญ่กว่า *Haemoproteus danilewski* และพบการสร้างสปอร์ (sporulation) ที่มี merozoite ขนาดเล็ก จำนวนมากอยู่เรียงตัวอยู่ภายในก้อนกลมรูปร่างกลมคล้ายลูกฟุตบอล โดยการบรรยายลักษณะไม่สามารถใช้ในการจัดหมวดหมู่ได้ เป็นได้ว่าลักษณะดังกล่าวเกิดจากการติดเชื้อผสม (mixed infection) ระหว่าง *Plasmodium* และ *Haemoproteus* หรืออาจเฉพาะ *Plasmodium* เพียงอย่างเดียว จึงไม่เป็นที่ยอมรับ ขณะที่มีการรายงานในนกเพียง 2 ชนิด *Haemocystidium* ที่พบในสัตว์เลื้อยคลาน และ *Somondia* ที่พบในเต่า เป็นชื่อพ้องของ *Haemoproteus* ทำให้การศึกษาที่กล่าวข้างต้นตกเป็นชื่อพ้องของ *H. orizivora* ตามการตั้งชื่อเฉพาะ (specific epithet) ของ Anschutz ที่มี การตั้งชื่ออย่างถูกต้องมาก่อน (priority) อย่างไรก็ตามในสกุล *Lonchura* มีรายงานไว้ถึง 36 ชนิด ดังนั้นการศึกษาปรสิตโปรโตซัวในเลือดจึงมีโอกาสเกิดความสับสนจากลักษณะที่แปรผันทางกายภาพที่เกิดจากการย้อมสีซึ่งสามารถเกิดความแปรผันจากการย้อมสี ทั้งวิธีการย้อมและคุณภาพของฟิล์มเลือดในช่วงเวลาที่ย้อมสี และการติดเชื้อซ้ำซ้อน (multiple invasion) สามารถเกิดขึ้นจากความสามารถในการนำเชื้อปรสิตในแมลงพาหะ ความหนาแน่นของปรสิต และลักษณะทางกายภาพของนกตัวให้อาศัย ปัจจัยเหล่านี้ไม่จัดเป็นสิ่งที่ใช้ในการพิจารณาทางด้านอนุกรมวิธาน ซึ่งการศึกษาปรสิตโปรโตซัวในเลือดของ *Lonchura malacca* บรรยายลักษณะที่กำกวมระหว่าง *H. orizivora* และ *H. garnhani* จึงให้ชื่อใหม่คือ *H. lonchura* แต่ลักษณะที่ใช้ประกอบการบรรยายการย้อมสีที่ติดมากเกินไป ประกอบกับค่าที่ได้จากการตรวจวัดไม่สอดคล้องกับความเป็นจริง ซึ่งโดยทั่วไปปรสิตต้องมีความยาวนานน้อยกว่าหรือเท่ากับเซลล์เม็ดเลือดแดงที่ติดเชื้อปรสิต แต่การใช้ค่าที่ได้จากการติดเชื้อซ้ำเมื่อนำมาใช้จึงทำให้เกิดค่าเฉลี่ยที่เกิดจริงได้ แต่จากลักษณะที่บรรยายยังคงเป็นลักษณะที่อยู่ภายใต้ลักษณะของ *H. orizivora* ดังนั้น *H. lonchura* จึงตกเป็นชื่อพ้องของ *H. orizivora* (โอภาส, 2542; Levine and Campbell, 1971; Forrester *et.al.*, 1977; Bennett and Peirce, 1991)

การแพร่กระจายของปรสิต *H. orizivora* นี้มีรายงานในนกวงศ์ย่อย Estrildinae (=Estrildidae) หรือวงศ์ย่อยนกกระตีด ภายในวงศ์ Passeridae ซึ่งในประเทศไทยพบเพียง 3 สกุล ใน 29 สกุล และสำหรับนกในสกุล *Lonchura* มีรายงานในประเทศไทยมีรายงานเพียง 6 ชนิดจาก

ทั้งหมด 36 ชนิด คือ นกกระตีดตะโพกขาว (*Lonchura striata* (L.)) นกกระตีดขี้หนู (*Lonchura punctulata* (L.)) นกกระตีดท้องขาว (*Lonchura leucogastra* (Blyth.)) นกกระตีดหัวขาว (*Lonchura maja* (L.)) นกกระตีดสีอิฐ (*Lonchura orizivora* (L.)) และนกกระจอกชวา (*Lonchura malacca* (L.)) และมีรายงานประวัติไปโตชั่วภายในสกุลนี้ในประเทศไทยเพียง 2 ชนิดเท่านั้น คือ นกกระตีดตะโพก และนกกระตีดท้องขาว การศึกษาในครั้งนี้พบ *H. orizivora* ในนกกระตีดขี้หนูจึงถือเป็นการพบครั้งแรกในประเทศไทย (โอกาส, 2542)

การแพร่กระจายของ *H. orizivora* ยังคงไม่ชัดเจน มีรายงานพบประวัตินี้แถบทวีปยุโรปตะวันตกในนกวงศ์ Turdidae และ Muscicapidae และ Sylviidae ที่มีรายงานเป็น *H. fringillae/orizivora* complex จากลักษณะที่แปรผันจนไม่สามารถจำแนกชนิดได้ และยังมีลักษณะใกล้เคียงกับ *H. passeris* หากพิจารณาเฉพาะ small passerine และพบ *H. orizivora* ทั้งในวงศ์ Fringilidae และ Ploceidae การใช้ลักษณะทางกายภาพเพียงอย่างเดียวในการจำแนกชนิดอาจทำให้เกิดความคลาดเคลื่อนในการรายงานประวัติชนิดนี้ จนจัด *H. passeris/fringillae/orizivora* complex ทั้งที่ประวัติทั้ง 3 ชนิด สามารถแยกออกจากกันโดยอาศัย schizont ของประวัติแต่ละชนิดที่แสดงลักษณะแตกต่างกันอย่างชัดเจน อาจเนื่องจากการอ้างอิงจากความจำเพาะต่อตัวให้อาศัยที่อยู่ภายในวงศ์เดียวกัน หรือในตัวให้อาศัยที่มีสายวิวัฒนาการใกล้เคียงกัน เป็นการกล่าวอ้างโดยทั่วไปในประวัติสกุล Haemoproteid แต่จากการรายงานประวัติชนิดนี้ยังคงพบเฉพาะนกในวงศ์ย่อย นกกระตีด (Estrildidae) เท่านั้น ซึ่งเป็นนกประจำถิ่นแถบมหาสมุทรอินเดียผ่านทางเอเชียตะวันออกเฉียงเหนือ จนถึงประเทศฟิลิปปินส์ เป็นได้ว่า *H. orizivora* พบการแพร่กระจายเฉพาะในแถบเขตร้อนเท่านั้น ประวัติในวงศ์ Estrildidae นอกจาก *H. orizivora* แล้วยังมี *H. africanus* เป็นประวัติที่มีขนาดใหญ่กว่า เม็ดสีน้อย และทำให้การกระจัดของนิวเคลียสเม็ดเลือดแดงจนถึงขอบเซลล์แตกต่างจาก *H. orizivora* อย่างชัดเจน แต่พบประวัตินี้เฉพาะในทวีปแอฟริกาเท่านั้นและพบได้ทั้งในวงศ์ย่อย Estrildinae และ Poephilinae จึงเป็นที่น่าสนใจจากการแพร่ระบาดของเชื้อประวัตินี้จาก Estrildinae ของแอฟริกาไปสู่ Poephilinae แต่ไม่พบเชื้อนี้ในทวีปเอเชีย อาจเนื่องจากการเป็นพื้นที่เฉพาะแยกประชากรประวัติทั้งสองออกจากกันอย่างเด็ดขาด (isolation) ดังนั้นความสัมพันธ์ระหว่างประวัติและตัวให้อาศัยที่มีความสำคัญต่อการแพร่เชื้อ และการแยกสายวิวัฒนาการของ haemoproteid จึงอาจเป็นหัวข้อในการศึกษาจากประวัติชนิดนี้ต่อไป (Peirce, 1984b, 1984f, 1984d; Bennett and Peirce, 1991)

1.9 *Plasmodium (Huffia) elongatum* Huff, 1930

ปรสิตที่พบจากการศึกษาในครั้งนี้มีลักษณะสำคัญสอดคล้องกับลักษณะที่ใช้ในการจำแนกชนิดของปรสิต *Plasmodium elongatum* ในเม็ดเลือดแดงของนกตัวให้อาศัย คือระยะต่างๆ ของปรสิตที่มีการสืบพันธุ์แบบไม่อาศัยเพศสามารถสังเกตได้จากเซลล์เม็ดเลือดแดงที่เจริญเติบโตเต็มที่ ในขณะที่การสร้าง gametocyte พบได้ที่เซลล์เม็ดเลือดแดงที่เจริญเต็มที่แล้ว ในระยะ merozoite ปรสิต แต่ละเซลล์เม็ดเลือดแดงที่มีการติดเชื้อในระยะนี้ (meronts) พบการสร้างเพียง 6-12 merozoites และมีรูปร่างเรียวยาว และโดยทั่วไปแล้ว gametocyte ไม่ส่งผลกระทบต่อตำแหน่งของนิวเคลียสของเซลล์ตัวให้อาศัย แต่สามารถพบการเคลื่อนของนิวเคลียสของเม็ดเลือดแดงได้เพียงเล็กน้อย และโดยทั่วไปแล้วจะไม่พบ gametocyte ของปรสิตชนิดนี้ ที่เจริญจนเต็มพื้นที่บริเวณหัวของนิวเคลียสเม็ดเลือดแดงที่ติดเชื้อ และความกว้างของ gametocyte ไม่เกิน 3 ไมโครเมตร สามารถพบปรสิตชนิดนี้ได้ทั่วไปในนกกลุ่ม passerine แต่อย่างไรก็ตามการจำแนกชนิดปรสิตนี้อาจทำได้ยากในการศึกษาจากการติดเชื้อในตัวให้อาศัยในธรรมชาติ เนื่องจากเม็ดเลือดแดงที่ติดเชื้อในระยะ merozoites หรือ erythrocytic meronts อาจพบได้ยาก และรูปร่างที่เปลี่ยนแปลงไปจากการอยู่ในตัวให้อาศัยต่างชนิดกัน ซึ่งจำเป็นต้องหาข้อมูลเพิ่มเติมเพื่อประกอบการพิจารณาการติดเชื้อของปรสิตชนิดนี้ (Valkiunas, 2005)

ปรสิต *Plasmodium elongatum* นี้ หากพิจารณาเฉพาะ gametocyte ที่มีรูปร่างเรียวยาวและไม่โอบล้อมบริเวณหัวของนิวเคลียสเม็ดเลือดแดง จะมีลักษณะคล้ายคลึงกับ *P. hermani* มาก แต่จากการพิจารณาจากตัวให้อาศัยพบว่า *P. elongatum* พบได้ทั่วไปในนกกลุ่ม passerine ในขณะที่ *P. hermani* ไม่มีรายงานพบในตัวให้อาศัยกลุ่มนี้ จากการศึกษาศิลปวัตถุ *Plasmodium* จากกระบวนการ schizogony ที่เกิดขึ้นนอกเซลล์เม็ดเลือดแดงได้สำเร็จ โดยการมีวัฏจักรของการสืบพันธุ์แบบไม่อาศัยเพศในอวัยวะภายในมีลำดับขั้นตอนเช่นเดียวกับที่เกิดในเม็ดเลือดแดง ทำให้ *P. elongatum* อยู่ในกลุ่มเดียวกับ *P. relictum*, *P. gallinaceum*, *P. cathemerium* และ *P. circumflexum* ซึ่งเป็นกลุ่มที่มีความใกล้ชิดกันมากกว่า *P. paddae*, *P. vaughani*, *P. oti*, *P. rouxi*, *P. hexamerium*, *P. polare* และ *P. lophurae* ที่ไม่สามารถเกิดกระบวนการ schizogony ได้สำเร็จภายในเซลล์ที่ไม่ใช่เซลล์เม็ดเลือดแดง แม้ปรสิตที่อยู่กลุ่มเดียวกับ *P. elongatum* สามารถแสดงคุณสมบัติเช่นเดียวกัน แต่ในรายละเอียดของเซลล์ที่มีความไวในการติดเชื้อแตกต่างกัน นอกจากนี้ *P. elongatum* สามารถ

คงรูปร่างลักษณะดังกล่าวในทุกๆ ระยะได้เหมือนเดิมทุกประการ ทั้งในเม็ดเลือดแดงที่เจริญเต็มที่และไม่เต็มที่ รวมทั้งเซลล์อื่นที่ไม่ใช่เซลล์เม็ดเลือดแดงด้วย (Porter and Huff, 1940; Aikawa *et al.*, 1967; Valkiunas, 2005)

1.10 *Plasmodium (Giovannolaia) circumflexum* (Kikuth, 1931)

การติดเชื้อปรสิตชนิดนี้ในระยะ trophozoite พบในเม็ดเลือดแดงที่เจริญไม่เต็มที่ (erythroblasts) การเข้าติดเชื้อมักพบที่บริเวณขั้วหรือบริเวณด้านใกล้ขั้วนิวเคลียส มากกว่าด้านข้างของเซลล์เม็ดเลือดแดงที่ติดเชื้อ ในระยะ schizont ของปรสิตชนิดนี้เกิดในแนวยาวตามเส้นขอบของเซลล์ตัวให้อาศัย ในเซลล์ที่มีการติดเชื้อสามารถพบเม็ดสีที่ได้ ที่อยู่รวมกันเป็นกลุ่มและสามารถเป็นจุดสังเกตการเกิดการติดเชื้อซ้อน (double infections) ได้ เมื่อเจอพบกลุ่มของเม็ดสีมากกว่าหนึ่งกลุ่ม และการรุกรานปกติของปรสิตชนิดนี้มักพบมักพบปรสิตหลายๆ เซลล์ในเซลล์ตัวให้อาศัยเดียวกัน การปรากฏของกลุ่มของเม็ดสีนี้เป็นลักษณะเฉพาะของปรสิตชนิดนี้ ส่วน merozoites ของปรสิตชนิดนี้ มีรูปร่างหลายลักษณะ กลม (rounded) รีรูปไข่ (ovate) มีลักษณะเป็นพริ้วแหลม (lanceolate) หรืออาจเรียงตัวตามแนวยาว (elongate) หรือลักษณะที่ปลายข้างหนึ่งแหลมและปลายอีกด้านหนึ่งป้าน ลักษณะต่างๆ ของ merozoite เหล่านี้ เป็นที่ยอมรับในการใช้ประกอบการพิจารณา *P. circumflexum* แต่อย่างไรก็ตามลักษณะของ gametocyte มีลักษณะที่คล้ายคลึงกับ *P. lophurae* แต่สามารถจำแนกได้จากจำนวนนิวเคลียสที่สร้างขึ้นในระยะ merozoites ที่ปกติ *P. circumflexum* สามารถสร้างได้มากกว่า โดยเฉลี่ย 19.8 ± 5 merozoites ส่วน *P. lophurae* ที่มีค่าเฉลี่ย 14 merozoites เท่านั้น แต่ในบางชนิดพันธุ์ (strain) ของ *P. circumflexum* สามารถสร้าง merozoites ได้เฉลี่ยเพียง 13.5 ± 2.44 merozoites จึงต้องอาศัยลักษณะอื่นช่วยในการจำแนกคือ การหลอมรวมของนิวเคลียสของปรสิตและเซลล์ตัวให้อาศัย (synchronism) ที่สามารถพบได้ในเซลล์เม็ดเลือดแดงที่เจริญไม่เต็มที่ และ *P. circumflexum* สามารถเกิดการติดเชื้อในเม็ดเลือดแดงที่ยังเจริญไม่เต็มที่มากกว่า *P. lophurae* จึงมีโอกาสเกิด synchronism ได้ยากกว่า นอกจากนี้ปรสิต *P. circumflexum* ยังสามารถพบ gametocyte ที่มีลักษณะจันทร์เสี้ยว (crescentic gametocyte) และการโอบล้อมนิวเคลียสอย่างสมบูรณ์อาจไม่พบจากการติดเชื้อในธรรมชาติได้ คล้ายกับการพิจารณาชื่อพ้อง *P. heroni* Basu และเช่นเดียวกับการศึกษาในครั้งนี้ (Laird and Lari, 1958)

ปรสิต *P. circumflexum* นี้มีรายงานครั้งแรกในนก thrush (*Turdus pilaris*) จากประเทศเยอรมัน และต่อมามีรายงานการพบปรสิตชนิดนี้ จากนกในวงศ์ Turdidae อีกหลายชนิดทั้งจากประเทศอิตาลี ประเทศอเมริกา รวมทั้งการรายงานปรสิตโปรโตซัวในเลือดจากนกป่า เมืองกัวลาลัมเปอร์ ประเทศมาเลเซีย พบนกที่ติดเชื้อปรสิต *P. circumflexum* ในนก *Copsychus saularis musicus* (Raffler) *Munia maja maja* (Bonap) *mania punctulata* (Linn.) *Munia striata* (Linn.) และ *Psittinus cyanuras cyanuras* (Forster) จากนกป่าทั้งหมด 7 ชนิด และปรสิต *P. circumflexum* นี้พบมากที่สุดคิดเป็นร้อยละ 69.6 โดยที่ *Munia striata* (Linn.) มีการติดเชื้อของปรสิตชนิดนี้อย่างรุนแรงที่สุด ปัจจุบันปรสิตชนิดนี้สามารถพบได้ในกลุ่มนก passerine หลากหลายชนิด ส่วน non-passerine ปรสิตชนิดนี้สามารถพบได้ในนกอันดับ Galliformes และ Anatiformes เช่นกัน จึงถือได้ว่า *P. circumflexum* นี้สามารถเกิดการติดเชื้อได้ทั่วไป สามารถแพร่กระจายทั้งสภาพภูมิประเทศและนกตัวให้อาศัยปรสิตได้อย่างกว้างขวาง แต่ยังคงไม่พบการแพร่กระจายของปรสิตชนิดนี้ในนกวงศ์ Sturnidae ซึ่งอาจเนื่องจากปัญหาในการจำแนกชนิดของปรสิตนี้ที่พบ merozoite ที่ต่างกันตามชนิดพันธุ์ของปรสิต นอกจากนี้อายุของนกตัวให้อาศัยยังเป็นอีกปัจจัยหนึ่งที่มีผลต่อการจำแนกชนิดปรสิต การติดเชื้อต้องอาศัยเซลล์เม็ดเลือดแดงที่ไวต่อการติดเชื้อซึ่งอายุของเซลล์เม็ดเลือดแดงและอายุของนกที่มีการติดเชื้อเป็นปัจจัยที่มีสำคัญ หากสัดส่วนระหว่างเซลล์ที่ความไวต่อการติดเชื้อต่ำมีมาก เป็นเหตุให้ระยะการติดเชื้อสั้นและยากต่อการจำแนกปรสิตชนิดนี้ (Ogaki, 1949; Laird and Lari, 1958; Herman, 1975)

1.11 *Plasmodium (Giovannolaia) lophurae* Coggeshall, 1938

ลักษณะที่ใช้ประกอบในการจำแนกชนิดของปรสิต *P. lophurae* ตามระยะต่างๆ ภายในเม็ดเลือดแดงของตัวให้อาศัยในช่วงแรกเริ่มของการติดเชื้อปรสิตนี้ในระยะ trophozoite จนถึงระยะ merozoite เซลล์ปรสิตแสดงลักษณะคล้ายอมิบา เส้นขอบของเซลล์ปรสิตไม่เรียบภายในไซโตพลาซึมระยะ trophozoite สามารถสังเกตเห็นแวคิวโอลได้อย่างชัดเจน รูปร่างของ merozoite และ gametocyte ยาวส่งผลต่อเม็ดเลือดแดงที่ติดเชื้อเล็กน้อย การเรียงตัวของนิวเคลียสในระยะ merozoite มีลักษณะแบบกระจัดกระจายอยู่ภายในไซโตพลาซึมด้านที่มีการติดเชื้อ เม็ดสีอยู่รวมกันเป็นกลุ่มเกาะกันแน่นหนาอยู่ด้านใดด้านหนึ่งของเซลล์ปรสิต merozoite ที่เจริญเต็มที่ไม้อบล้อมนิวเคลียสเม็ดเลือดแดง ส่วน gametocyte อยู่ทางด้านข้างของนิวเคลียสเม็ดเลือดแดงที่ติด

เชื้อ แวกิวโอลเห็นได้ไม่ชัดเจนเหมือนเช่นในระยะ trophozoites ซึ่งลักษณะดังกล่าวมีความสอดคล้องกับการศึกษาในครั้งนี้ (Valkiunas, 2005)

ปรสิตโปรโตซัว *P. lophurae* พบได้ทั่วไปในสัตว์ปีกพื้นบ้าน แต่อาการของโรคจะรุนแรงในเป็ด ซึ่งสามารถพบปรสิตในเม็ดเลือด (parasitaemia) ได้ถึงร้อยละ 100 จึงเป็นปัจจัยที่มีผลต่อความรุนแรงของการติดเชื้อปรสิตในเม็ดเลือด เนื่องจากเป็นสาเหตุสำคัญที่ทำให้เกิดโรคที่รุนแรงในสัตว์ปีกที่มีความไวต่อการติดเชื้อ และความรุนแรงของโรคที่เกิดจากการติดเชื้อปรสิตชนิดนี้มีความสัมพันธ์กับอายุของตัวให้อาศัย รวมทั้งจำนวนของปรสิตที่พบได้ในเม็ดเลือดสูงสุด ซึ่งหากมีปัจจัยดังกล่าวอย่างเหมาะสมแล้ว ตัวให้อาศัยจะมีโอกาสรอดชีวิตต่ำมาก แต่อย่างไรก็ตามจากการศึกษาตัวให้อาศัยที่รอดชีวิต (survive) จากการมีปรสิตโปรโตซัวในเลือดสูงสุด พบว่าปรสิตมีปริมาณลดลงจาก การติดเชื้อสูงสุด 400 เซลล์เม็ดเลือดแดง เหลือเพียง 5 ถึง 10 เซลล์เม็ดเลือดแดง จากจำนวนเซลล์ที่ใช้สังเกตทั้งหมด 500 เซลล์เม็ดเลือดแดงภายใน 48 ชั่วโมงเท่านั้น การลดลงของการติดเชื้ออย่างเฉียบพลัน (acute infection) นี้จึงเป็นกลไกสำคัญในการอยู่รอดของตัวให้อาศัย โดยมีหลายปัจจัยมีส่วนต่อการอยู่รอดนี้ ทั้งตัวให้อาศัยที่มีระบบภูมิคุ้มกันต่อสู้กับปรสิต การป้องกันการปัจจัยหลักสำหรับการดำรงชีวิต และปัจจัยทางสิ่งแวดล้อมของปรสิตที่เป็นตัวกำหนดความอยู่รอดทั้งปรสิตและตัวให้อาศัย พบปรสิตสามารถติดเชื้อในเม็ดเลือดแดงที่เจริญเต็มที่มากกว่า เม็ดเลือดแดงที่เจริญไม่เต็มที่ เนื่องจากความต้องการออกซิเจนของเซลล์ที่มีการติดเชื้อปรสิตนี้มากกว่า เซลล์ปกติ ที่สามารถศึกษาเปรียบเทียบความเข้มข้นของออกซิเจนจากตัวให้อาศัยและนกปกติ ในขณะที่เม็ดเลือดแดงที่เจริญไม่เต็มที่มิใช่โมโนโคลบินน้อยกว่าจึงปล่อยออกซิเจนได้น้อย จึงไม่เหมาะต่อการเจริญของปรสิต *Plasmodium* นี้ ปรสิตยังต้องการกลูโคสที่อยู่ในกระแสเลือดของตัวให้อาศัยในปริมาณมากเพื่อใช้ในการเจริญพัฒนา แต่การมีปรสิตโปรโตซัวในเลือดสูงสุดทำให้เกิดสารผลิตภัณฑ์จากเซลล์คือ คาร์บอนไดออกไซด์ที่เป็นพิษต่อเซลล์ การกำจัดต่ออาศัยเซลล์ตัวให้อาศัยเท่านั้น แต่หากไม่สามารถกำจัดได้จะทำให้ปรสิตอยู่ในสภาวะที่เป็นกรด (acidosis) เมื่อมีความเข้มข้นมากพอจะทำให้สมดุลกรดเบส (buffer) เสียสภาพไป เป็นสาเหตุการเกิดเลือดจาง (anemia) ของตัวให้อาศัย และปรสิตไม่สามารถมีชีวิตในสภาวะดังกล่าวได้ ในขณะที่ตัวให้อาศัยที่รอดชีวิตต้องอาศัยการสร้างเม็ดเลือด (reticulo-endothelial system) มาเปลี่ยนถ่าย (transfusion) เม็ดเลือดแดงที่ถูกทำลายไป และระบบภูมิคุ้มกันที่อาศัยเซลล์ (phagocytosis) เพื่อลดจำนวนเซลล์ที่ติดเชื้อ (Trager, 1941; Rigdon and Mc, 1947; Valkiunas, 2005)

1.12 *Plasmodium (Navyella) vauhani* Novy and MacNeal, 1904

ลักษณะสำคัญที่สามารถนำมาใช้ในการจำแนกปรสิต *Plasmodium vauhani* ที่พบในเม็ดเลือดแดงที่ติดเชื้อปรสิต พิจารณาจากเส้นขอบของ trophozoite ขณะกำลังเจริญแสดงลักษณะคล้ายอัมบา และไม่พบแวคิวโอลภายในเซลล์ปรสิต merozoite และ gametocyte อยู่ห่างจากนิวเคลียสของเซลล์ตัวให้อาศัยทำให้ยังสามารถสังเกตเห็นขอบเขตของนิวเคลียสอย่างชัดเจน เกิดการรุกรานเม็ดเลือดแดงที่เจริญไม่เต็มทีน้อยกว่าปรสิต *Plasmodium* ชนิดอื่น ในเซลล์เม็ดเลือดแดงที่มี merozoites ที่เจริญเต็มทีมักพบที่บริเวณขั้วด้านใดด้านหนึ่งของนิวเคลียสเม็ดเลือดแดงของตัวให้อาศัย มีรูปร่างคล้ายพัด จากการแบ่งไซโทพลาซึมตามแนวยาว จำนวน 4 ถึง 8 merozoites โดยทั่วไปแล้วพบจำนวน 4 ถึง 6 merozoites ตามการแบ่งสองส่วนเท่ากัน (binary fission) ของนิวเคลียสแบบซ้ำๆ ซึ่งสอดคล้องกับการศึกษาในครั้งนี้ (Manwell and Nadler, 1942; Valkunas, 2005)

ในการจำแนกชนิดของปรสิต *P. vauhani* นี้มีความใกล้เคียงกับปรสิต *Plasmodium* ชนิดอื่นอีกหลายชนิด ตามลักษณะที่ใช้เปรียบเทียบ เมื่อพิจารณาจำนวน merozoite ของปรสิต *P. vauhani* ที่โดยทั่วไปแล้วมีจำนวน 6 merozoites (แต่สามารถพบได้ในช่วง 4 ถึง 8 merozoites) ซึ่งมีความใกล้เคียงกับ *P. rouxi* ที่พบโดยทั่วไปในนก passerine แถบแอฟริกา และไก่ฟ้าในประเทศอิหร่าน และประเทศอินเดีย ที่มีการสร้าง merozoite เพียง 4 merozoites เท่านั้น และ *P. juxtannucleare* ซึ่งพบได้ในสัตว์ปีกพื้นบ้านจากประเทศบราซิลและเม็กซิโก สามารถสร้าง merozoite ได้ 3 ถึง 5 merozoites โดยทั่วไปสามารถสร้างได้เพียงแค่ 3 merozoites เท่านั้น แต่เมื่อพิจารณาลักษณะ gametocyte ที่กลมยาวของ *P. vauhani* สามารถใช้เป็นเกณฑ์ในการจัดจำแนกได้ ส่วน *P. nucleophilum* ที่พบในนกเค้าแมว ประเทศสหรัฐอเมริกา แต่เดิมจัดเป็น variety ของ *P. vauhani* แต่จำแนกออกเป็นชนิดใหม่จากลักษณะของ schizont และ gametocyte ที่อยู่ใกล้กับนิวเคลียสของตัวให้อาศัย schizont ที่โตเต็มที่ มักอยู่ที่ขั้วของนิวเคลียส ซึ่งเป็นลักษณะที่มีความใกล้เคียงกับ *P. vauhani* อย่างมาก แต่จำนวนของ merozoites ที่สามารถพบได้ตั้งแต่ 3 ถึง 10 merozoites โดยเฉลี่ยเท่ากับ 6.09 ± 0.29 merozoites อย่างไรก็ตามในมุมมองของการพบปรสิตโปรโตซัวในเลือด (parasitaemia) ของ *P. nucleophilum* พบน้อยกว่า *P. vauhani* มาก และใช้เป็นเกณฑ์ในการแยกปรสิตทั้งสองชนิดนี้ออกจากกัน นอกจากนี้ยังมีความใกล้เคียงกับ *P. hexamerium* ที่สามารถพบได้

ทั่วไปในนกกลุ่ม passerine ประเทศสหรัฐอเมริกา นกกระจิบ ประเทศรัสเซีย จากการสร้าง merozoites จำนวน 6 merozoite เสมอ มีการจัดเรียงลักษณะคล้ายพัด และอยู่ที่บริเวณข้อใดข้อหนึ่งของนิเวศตัวให้อาศัย ต่างจาก *P. vaughani* ที่สามารถพบการสร้างได้ 4 ถึง 8 merozoites แม้โดยทั่วไปจะพบจำนวน 6 merozoites เท่านั้น นอกจากนั้น *P. hexamerium* สามารถเจริญพัฒนาได้ทั้งในเปิดและในโพรงอย่างสมบูรณ์ แต่ *P. vaughani* ไม่พบในตัวให้อาศัยดังกล่าว (Laird and Lari, 1958; Valkiunas, 2005)

ปรสิต *Plasmodium vaughani* เป็นกลุ่ม avian malaria ที่ถือว่าพบได้ทั่วไปในนกตัวให้อาศัย พบการติดเชื้อในนกไม่น้อยกว่า 36 ชนิดติดเชื้อปรสิตชนิดนี้ แม้โอกาสพบปรสิตชนิดนี้ไม่มากเท่ากับ *P. relictum* ดังนั้นจึงสามารถพบ *P. vaughani* ได้ในตัวให้อาศัยหลากหลายชนิด มีความจำเพาะเพียงในนกกลุ่ม passerine เท่านั้น ทำให้ปรสิต *P. vaughani* เป็นกลุ่มชนิด (complex) จากการเปรียบเทียบจำนวนของ merozoites จากปรสิตทั้งสามชนิด *P. vaughani* *P. merulae* และ *P. tenuis* ที่มีจำนวนของ merozoites โดยเฉลี่ยเท่ากับ 4.6 และ 5.2 merozoites ตามลำดับ ซึ่งไม่สามารถชี้ให้เห็นความแตกต่างของปรสิตทั้งสามชนิดได้ เมื่อศึกษาการเจริญพัฒนาในนกต่างชนิดกันได้ อย่างสมบูรณ์ ทำให้สามารถจัดหมวดหมู่ใหม่เป็น *Plasmodium vaughani vaughani* ซึ่งสามารถเจริญพัฒนาในนกกระจาบ (canary) แต่ไม่สามารถเกิดกระบวนการ sporogony ในยุง *Culex pipiens* ส่วน *Plasmodium vaughani tenuis* ที่มีชนิดของตัวให้อาศัยมีกระดูกสันหลังคือ *Leiothrix lutea* (Passeriformes) มีความไวต่อการติดเชื้อในนกพันธุ์ผสมระหว่าง *Carduelis carduelis* กับ *Serinus canaria* ในขณะที่นกค้ำ *Turdus merula* สามารถต้านทานการติดเชื้อปรสิตชนิดนี้ได้ และ *Plasmodium vaughani merulae* ที่มี *Turdus merula* (Passeriformes) เป็นชนิดของตัวให้อาศัยมีกระดูกสันหลัง โดยที่ปรสิตชนิดนี้ไม่สามารถเจริญพัฒนาในนกกระจาบและ *Leiothrix lutea* และสามารถเกิดกระบวนการ Sporogony ได้อย่างสมบูรณ์ใน *C. pipiens* ปรสิตทั้งสามชนิดถูกจัดให้อยู่ภายใต้ชื่อ *Plasmodium vaughani* complex จาก type species ของปรสิตที่สามารถพบได้อย่างกว้างขวางทั้งด้านภูมิศาสตร์และความหลากหลายของตัวให้อาศัยมีกระดูกสันหลัง และมีข้อมูลศึกษามากกว่าปรสิตชนิดอื่น จำนวนเฉลี่ยของ merozoites สามารถแปรผันได้ และชนิดพันธุ์จำแนกจากความแตกต่างของความจำเพาะทั้งตัวให้อาศัยมีกระดูกสันหลังและแมลงพาหะ (Corradetti and Scanga, 1973; Valkiunas, 2005)

ปรสิตโปรโตซัวในเลือดในสกุล *Plasmodium* เป็นสาเหตุของโรค malaria ในคน และยังคงเป็นปัญหาทางด้านสาธารณสุขจนถึงปัจจุบันนี้ แม้การค้นพบปรสิตในสกุลนี้ในคนเป็นช่วงเวลาที่ใกล้เคียงกับการค้นพบปรสิตสกุล *Plasmodium* ในเลือดนก แต่ในคนมีปรสิต *Plasmodium* ถึง 4 ชนิดที่เป็นสาเหตุของการเกิดโรค เมื่อเทียบการศึกษาปรสิตในสกุลนี้ในนกที่มีมากกว่า 12,000 ชนิด พบปรสิตในสกุล *Plasmodium* นี้อย่างน้อยกว่า 34 ชนิดเท่านั้นที่เป็นที่ยอมรับนับได้ว่าความรู้ทางด้านปรสิตสกุลนี้ในนกยังถือว่าน้อยมาก เมื่อเทียบตามสัดส่วนของปรสิตและนกตัวให้อาศัย การศึกษาปรสิตมักมีเนื้อหาบนพื้นฐานของ การศึกษาเกี่ยวกับ ลักษณะของตัวปรสิต ผลจากการติดเชื้อปรสิต การศึกษาเกี่ยวกับการดำรงชีวิตของปรสิต และบทบาทหน้าที่ทางด้านชีวภาพของปรสิตซึ่งบ่อยครั้งมักถูกละเลยหรือมองข้ามไป ทั้งความหลากหลายของชนิด ความไว (susceptible) ของตัวให้อาศัย ความจำเพาะ (specificity) ของปรสิต และความสัมพันธ์ (relationships) ระหว่างค่าความชุกของการติดเชื้อ และแหล่งที่อยู่อาศัยของนกตัวให้อาศัย (Manwell and Herman, 1935; Bennett *et al.*, 1994a)

การจำแนกชนิดของปรสิตสามารถศึกษาได้หลายระดับทั้งในระดับสกุล (genus) สกุลย่อย (subgenus) ปัจจุบันสามารถจำแนกออกเป็น 5 สกุลย่อยโดยการศึกษาผ่านกล้องจุลทรรศน์คือ *Haemamoeba* *Giovannolaia* *Nevtella* *Huffia* และ *Benettinia* จากการศึกษาลักษณะทางกายภาพของเลือด ระยะต่างๆ ในแมลงพาหะรวมทั้งชนิดของแมลงพาหะ และความสามารถในการใช้ hemoglobin ในเม็ดเลือดแดง แม้ปัจจุบันความก้าวหน้าทางอนุชีววิทยา (molecular biology) นำมาประยุกต์ใช้ในการศึกษาเกี่ยวกับปรสิตทั้งที่เกี่ยวกับระบบนิเวศ พฤติกรรม และความสัมพันธ์ระหว่างตัวให้อาศัยในธรรมชาติกับปรสิต แต่วิธีการทางอนุชีววิทยายังไม่เป็นที่ยอมรับในการจำแนกชนิดปรสิตในระดับสกุลย่อย และระดับที่ต่ำกว่า หรือ ชนิดของปรสิต (species) ที่อยู่บนพื้นฐานของการศึกษาระยะต่างๆ ในเม็ดเลือดแดงของตัวให้อาศัยในทุกระยะ ความสามารถในการติดเชื้อในตัวให้อาศัยมีกระดูกสันหลัง และความแตกต่างของลักษณะทั้งการสืบพันธุ์แบบอาศัยเพศและไม่อาศัยเพศ แต่มีข้อจำกัดหลายอย่าง เนื่องจากการติดเชื้อในธรรมชาติมักพบปรสิตโปรโตซัวในเลือดในระดับต่ำ เกิดการติดเชื้อซ่อนทั้งภายในและต่างสกุลของปรสิต และขาดแคลนทางด้าน การฝึกอบรมการจำแนกปรสิตสกุล *Plasmodium* จากผู้เชี่ยวชาญ เมื่อพิจารณาที่ปรสิตจากการศึกษาด้วยกล้องจุลทรรศน์พบว่า การติดเชื้อระยะเฉียบพลัน (acute stage) ไม่พบในนกธรรมชาติ แต่พบเฉพาะระยะเรื้อรัง (chronic stage) ทำให้พบปรสิตในระดับที่ต่ำ การจำแนกชนิดจึงทำได้ยาก และ

ในการศึกษาหาค่าความชุกของปรสิตอาจพบค่าที่ต่ำกว่าเท่าที่ควร เมื่อพิจารณาจากตัวให้อาศัยพบว่าปรสิตแต่ละชนิดสามารถติดเชื่อในตัวให้อาศัยหลายชนิด ในหลายวงศ์ ในขณะที่ปรสิตบางชนิดแสดงลักษณะจำเพาะต่อตัวให้อาศัย ซึ่งเกี่ยวข้องกับทั้งนิเวศวิทยา และเกี่ยวข้องกับวิวัฒนาการของสิ่งมีชีวิต ทำให้การศึกษาทางด้านอนุชีววิทยามีบทบาทในการศึกษาเรื่องดังกล่าวร่วมกับวิธีการเดิมในการสร้างสายวิวัฒนาการจาก genome marker มาทำการวิเคราะห์ยังคงทำได้ในระดับสกุล แต่ชนิดของปรสิตยังคงใช้การศึกษาด้วยกล้องจุลทรรศน์เช่นเดิม แต่การศึกษาความหลากหลายของปรสิตจากผลกระทบจากการตัดไม้ทำลายป่า การศึกษาแบบดั้งเดิมพบความชุกต่ำไม่สามารถบอกความแตกต่างได้ ต้องอาศัยความไวในการตรวจวินิจฉัยทางอนุชีววิทยาทำให้ทราบว่า ป่าที่มีพื้นที่เล็กมีความชุกต่อการติดเชื่อปรสิต *Plasmodium* ต่ำกว่าการศึกษาปรสิตในป่าที่มีพื้นที่กว้างกว่า และยังสามารถเปรียบเทียบความชุกของการติดเชื่อปรสิตในนกตัวให้อาศัยจากการกินอาหาร โดยพบว่านกที่กินแมลงมีค่าความชุกสูงที่สุด ในขณะที่นกตัวให้อาศัยที่กินทั้งพืชและสัตว์มีค่าความชุกของการติดเชื่อต่ำสุด จะเห็นได้ว่าการศึกษาปรสิตต้องใช้ทั้งสองวิธีควบคู่กันไปตามระดับการศึกษาที่เหมาะสม (Braga *et al.*, 2011)

1.13 *Trypanosoma avium*

การศึกษาปรสิตโปรโตซัวในเลือดนกครั้งนี้ พบปรสิตในสกุล *Trypanosoma* ในระยะ trypomastigote เมื่อใช้เกณฑ์จากตำแหน่งของ kinetoplast เมื่อเทียบกับตำแหน่งของนิวเคลียสสามารถจัด *Trypanosoma* ที่พบในครั้งนี้ เป็นแบบ opisthomastigote จากตำแหน่งของ kinetoplast อยู่ระหว่างนิวเคลียสและปลายเซลล์ปรสิตทางด้าน posterior ในการตรวจวัดลักษณะทางกายภาพ (morphometric measurement) สามารถจำแนกปรสิตในสกุลนี้เพียงหนึ่งกลุ่มชนิดเท่านั้น คือ *Trypanosoma avium* Group มีลักษณะทางกายภาพสอดคล้องกับปรสิต trypanosome ในกลุ่มที่มีขนาดเล็กเท่านั้น ในนกตัวให้อาศัยสามชนิด คือ นกกระต๊อสีอิฐ (*Lonchura malacca*) นกเอี้ยงดำ (*Sturnus contra*) และนกกระจาบอกลาย (*Ploceus manyar*) และจากการศึกษาทางสถิติพบว่าปรสิตในกลุ่มนี้ที่พบในนกทั้งสามชนิดเป็นชนิดเดียวกัน (ไม่มีความแตกต่างอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ) เช่นเดียวกับ การศึกษาลักษณะการแปรผันทางกายภาพ จนทำให้ *Trypanosoma avium* ถูกแบ่งออกเป็นสองกลุ่ม (variety) คือ *Trypanosoma avium miner* เป็นกลุ่มที่มีขนาดเล็ก ที่มีความยาวระหว่าง 25 ถึง 30 ไมโครเมตร และอีกกลุ่มคือ *Trypanosoma avium major* เป็นกลุ่มที่มีขนาดใหญ่

ที่มีความยาวระหว่าง 35 ถึง 65 ไมโครเมตร จากการสังเกตการเจริญในทุกระยะอย่างละเอียด พบว่าเมื่อปรสิตสามารถเข้าไปในนกตัวให้อาศัยปรสิตมีการเจริญเติบโตอย่างรวดเร็ว ภายใน 24 ชั่วโมงเพื่อเปลี่ยนแปลงรูปร่างให้อยู่ในเลือด (hematozoic form) ที่มีขนาดใหญ่ ซึ่งมีความเกี่ยวข้องกับการสังเคราะห์โปรตีน (protein synthesis) ในการเพาะเลี้ยงเชื้อปรสิต *Trypanosoma* ที่มาจากนกสามารถพบลักษณะใดลักษณะหนึ่ง หรือทั้งสองลักษณะในครั้งเดียวกัน และจากการพิจารณา kinetoplast หรือ blepharoplast จากปรสิตที่มีขนาดใหญ่สามารถพิจารณาได้ถึงการเตรียมตัวเพื่อการแบ่งเซลล์ ซึ่งกระบวนการแบ่งเซลล์ สามารถเกิดขึ้นได้ในเมื่อปรสิตเข้าไปในตัวให้อาศัยที่มีกระดูกสันหลังในระยะเริ่มแรก แต่กระบวนการแบ่งเซลล์นี้จะหยุดเมื่อปรสิตมีรูปร่างที่เหมาะสม และจากนั้นปรสิตที่มีขนาดใหญ่สามารถพบได้ในนกที่ยังไม่เข้าสู่ระยะตัวเต็มวัยมากๆ แสดงถึงการติดเชื้อในระยะเริ่มต้นเท่านั้น เช่นเดียวกับจากการศึกษาการเพาะเลี้ยงเชื้อปรสิตสกุลเดียวกันนี้ *T. lewisi* ในหนูพบว่า ปรสิตที่มีลักษณะรูปร่างขนาดใหญ่สามารถพบเพียงในช่วงระยะวันที่ 6 จนถึงวันที่ 9 ของการติดเชื้อ และหลังจากนั้นไม่สามารถพบปรสิตที่มีรูปร่างที่มีขนาดใหญ่ได้อีก ดังนั้นปรสิตที่มีขนาดใหญ่เป็นลักษณะของปรสิตที่มีการเตรียมพร้อมเพื่อการเพิ่มจำนวน หรือการขยายพันธุ์ ในขณะที่ปรสิตที่มีขนาดเล็กซึ่งเป็นลักษณะปกติที่สามารถพบได้ทั่วไป อย่างไรก็ตามการสืบพันธุ์แบบไม่อาศัยเพศจากการแบ่งตัว มักพบได้ยากในระยะ trypomastigote ที่มีการดำรงชีวิตในเลือด แต่จะพบได้ในไขกระดูก (bone marrow) และจากการเพาะเลี้ยงเท่านั้น จากการศึกษาจากการเตรียมฟิล์มจากไขกระดูกของนก tree pie พบปรสิตแบบ amastigote epimastogote และ trypomastigote และพบปรสิตในระยะที่มีการแบ่งตัวไม่ถึงร้อยละ 20 ของปรสิตที่ทำการสังเกตเท่านั้น จึงเชื่อว่า avian trypanosome ที่พบประกอบด้วยปรสิตต่างชนิดกันหรือจัดเป็น species complex ซึ่งยากต่อการเปรียบเทียบให้เห็นลักษณะที่จำเพาะ โดยใช้เพียงลักษณะทางกายภาพของปรสิตจากนกตัวให้อาศัยหลากหลายชนิดเท่านั้น ทำให้การบรรยายลักษณะทางกายภาพเป็นเพียงการบ่งบอกลักษณะอย่างหนึ่งของ trypanosome เท่านั้น ดังนั้นจึงใช้การตรวจวัดลักษณะทางกายภาพเพื่อการบรรยายลักษณะของปรสิตกลุ่มนี้ จนกว่าจะมีวิธีการจำแนกปรสิตได้อย่างชัดเจนจนเป็นที่ยอมรับ (Novy and MacNeal, 1905; Baker and Bird, 1968; Demaree and Marquardt, 1971; Wallace *et al.*, 1983; Nandi and Bennett, 1994)

ปัจจุบันการศึกษาทางด้านอนุกรมวิธาน (taxonomy) ของ trypanosome ในนกยังไม่มีข้อยุติ การกำหนดชนิดของ trypanosome ในนกยังมีข้อมูลไม่เพียงพอ จึงจำแนกปรสิต trypanosome

ออกเป็นกลุ่มจากการศึกษาการจำแนกชนิดของปรสิต โดยปรสิตชนิด *Trypanosoma avium* Group ที่พบในนกวงศ์กา (Corvidae) และ จากนกที่อาศัยอยู่ในเขต Fennoscandia สามารถแบ่ง trypanosome นี้ จากลักษณะพื้นฐาน (basis of description) และคำดัชนีต่างๆ ออกจากกลุ่ม species ที่พบถึง 4 กลุ่ม และ 3 กลุ่ม ตามลำดับ โดยบรรยายลักษณะเด่นทางกายภาพจากการตรวจวัดและการใช้คำดัชนีในการจำแนก trypanosome ในกลุ่ม “avium-like” หรือ *T. avium* Complex จากลักษณะขรุขระ พบเส้นข้างลำตัว หรือ striation (myonemes) ที่เกิดจากการเรียงตัวในแนวยาวของ mitochondria และจัดเป็น striated trypomastigote ที่สามารถพบได้ทั้งปรสิตที่มีความแตกต่างจากขนาดอย่างเห็นได้ชัดเจน แต่คำดัชนีระหว่างปรสิตทั้งสองกลุ่มไม่แตกต่างกัน จนทำให้เกิดข้อพิพาทเป็น *T. corvi* จากปรสิตที่พบในนกวงศ์กา แม้คำดัชนีคล้ายคลึงกันแต่มีขนาดใหญ่กว่า จึงกำหนดเป็น species ใหม่จากการยึดหลักความจำเพาะต่อตัวให้อาศัย (host specificity) ในขณะทำการทดลองการแพร่เชื้อข้าม (cross-transmission experiment) พบว่า trypanosome สามารถติดเชื้อในตัวให้อาศัยทั้งสามชนิดในการทดลองนี้ แสดงให้เห็นว่าปรสิตในกลุ่ม striated trypanosome ขาดสมบัติของความจำเพาะต่อตัวให้อาศัย จึงควรจัด *T. corvi* อยู่ในกลุ่ม *T. avium* Complex (Bennett *et al.*, 1994b; Nandi and Bennett, 1994)

แม้การศึกษาทางด้านอนุกรมวิธานที่เกี่ยวข้องกับ avian trypanosome มีมากกว่า 120 ปี แต่มีการพัฒนาที่ช้ามาก เนื่องจาก ปรสิตมีคุณลักษณะเฉพาะตัวที่หลากหลาย การติดเชื้อปรสิตของ avian trypanosome นี้อาศัยแมลงดูดเลือด (blood-sucking arthropod) หลากหลายวงศ์ ทั้ง Simuliidae Culicidae Ceratopogonidae Hipobosidae และ Dermanyssidae และสามารถอาศัยอยู่ในตัวให้อาศัยที่มีกระดูกสันหลังอย่างกว้างขวางและหลากหลายชนิด ทำให้การบรรยายลักษณะไม่สมบูรณ์ อีกทั้งการใช้วิธีการที่มีความก้าวหน้าสูงๆ เช่น วิธีการทางชีวเคมี การเพาะเลี้ยงปรสิต หรือ การใช้วิธีการที่มีพื้นฐานจากปฏิกิริยาลูกโซ่ของเอนไซม์โพลีเมอเรส (PCR-based techniques) ยังขาดแบบแผนการศึกษา และข้อมูลลำดับสารพันธุกรรมของตัวอย่างดั้งเดิม (type material และ type specimen) เพื่อวางรากฐานในการศึกษาทางด้านอนุกรมวิธานของ avian trypanosome ใหม่ ซึ่งจำเป็นต้องมีการทบทวนจากตัวให้อาศัยที่มีกระดูกสันหลังที่พบปรสิต แหล่งที่พบปรสิต รวมทั้งลักษณะทางกายภาพและการศึกษาโดยการใช้วิธีการที่มีพื้นฐานจากปฏิกิริยาลูกโซ่ของเอนไซม์โพลีเมอเรสเพื่อเทียบกับปรสิตที่พบมาแล้วประกอบการกำหนดชนิดของปรสิต (Valkiunas *et al.*, 2011)

การศึกษาความหลากหลายของ *Trypanosoma avium* Group โดยใช้เครื่องหมายทางพันธุกรรม (DNA marker) ในการวิเคราะห์สายสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการ (phylogeny) ภายในกลุ่มปรสิต trypanosome เพื่อประเมินความสัมพันธ์ระหว่างตัวให้อาศัยและปรสิต ที่พิสูจน์ความจำเพาะระหว่างตัวให้อาศัยและแมลงพาหะ พบว่าจากการวิเคราะห์ trypanosome จากตัวให้อาศัยที่มีกระดูกสันหลัง จากการหาความสัมพันธ์ระหว่างชนิดของปรสิต (interspecific relationships) โดยใช้การเปรียบเทียบลำดับข้อมูลสารพันธุกรรมที่อยู่ภายใน 18s rRNA แสดงให้เห็นว่าปรสิตจากนกตัวให้อาศัยมีสายสัมพันธ์ร่วมกัน (monophyletic) และยังคงแสดงถึงสายสัมพันธ์ระหว่างนกตัวให้อาศัยและปรสิต trypanosome แบบขนาน (paraphyletic) ส่วน kinetoplast (k)DNA ที่มีลักษณะของโมเลกุลเป็นวงกลม (circular) ซึ่งประกอบด้วย minicircle นับพันร้อยเรียงเป็นโครงข่ายขนาดใหญ่ ขนาดของลำดับสารพันธุกรรมเป็นคุณลักษณะของชนิดของ trypanosome เพื่อการตรวจระบุชนิด สำหรับ avian trypanosome ขนาดของ kDNA minicircle ยังคงมีลักษณะที่แปรผัน (intraspecific relationships) จึงเป็นเครื่องหมายทางพันธุกรรมที่ใช้ในการศึกษาความสัมพันธ์ภายในกลุ่ม avian trypanosome ในขณะที่ trypanosome ที่มาจากแมลงพาหะแสดงให้เห็นว่าปรสิตมีลักษณะต่างสายสัมพันธ์กัน (polyphyletic) แต่จากการวิเคราะห์ small subunit ribosomal RNA (SSU rRNA) และ random amplified polymorphic DNA (RAPD) โดยการแยกเชื้อปรสิตทั้งจากนกตัวให้อาศัยและแมลงพาหะ สามารถแบ่งปรสิต trypanosome ออกเป็นสามสายสัมพันธ์ (lineage) ที่ประกอบด้วย avian trypanosome ถึง 12 ชนิด ซึ่งในธรรมชาติการอยู่ร่วมกันระหว่างนกตัวให้อาศัยและปรสิต trypanosome ขึ้นกับ ปัจจัยภายในของนกตัวให้อาศัยทั้งด้านสรีรวิทยา และด้านภูมิคุ้มกันของตัวให้อาศัย นอกจากนี้ปัจจัยที่เกี่ยวกับลักษณะการดำรงชีวิต (life history traits) ที่สามารถรับเชื้อมาซึ่งสอดคล้องกับทั้งสามสายสัมพันธ์ คิดเชื่อจากการกินแมลงพาหะ (insectivore birds) คิดเชื่อจากเหยื่อ (raptor) และการติดเชื้อจากแมลงดูดเลือดทั้งในรังและระยะที่มีการสืบพันธุ์ ปัจจัยเหล่านี้เป็นตัวกำหนดความจำเพาะต่อตัวให้อาศัย (Votynka *et al.*, 2002; Zidkova *et al.*, 2012)

การเปรียบเทียบระหว่าง avian trypanosome และ mammalian trypanosome โดยการตรวจวัดลักษณะทางกายภาพของ *T. avium* และ *T. evansi* แสดงให้เห็นว่าลักษณะทางกายภาพ และดัชนีของนิวเคลียส kinetoplast และค่าความเร็ว ยังคงเป็น “ลักษณะที่สำคัญ (characteristic key)” สำหรับการจำแนกชนิดปรสิตในสกุลนี้ระหว่างปรสิตในนก และในสัตว์เลี้ยงลูกด้วยนม แต่จากการศึกษาลักษณะทางกายภาพของ trypanosome ในสัตว์เลี้ยงลูกด้วยนม ซึ่งเป็นสาเหตุของโรค

surra ที่สามารถพบได้ทั้งในช้าง ม้า อูฐ วัวควาย และสุนัข ในประเทศอินเดีย เช่นเดียวกับโรค Mbori ที่ทำให้อูฐแสดงอาการการเกิดโรค พบในประเทศซูดาน เมื่อตรวจวินิจฉัยในอูฐที่แสดงอาการทั้งสองพื้นที่พบการติดเชื้อ *T. evansi* เช่นเดียวกัน นอกจากนี้การเปรียบเทียบระหว่าง *T. evansi* และ *T. brucei* ที่ไม่สามารถเห็นความแตกต่างทางกายภาพได้ แต่สามารถพบความแตกต่างจากการตรวจวัดทั้งค่าความยาว ความกว้าง ทั้งตัวเซลล์ปรสิต นิวเคลียส แส้ และ undulating membrane แต่หากเพิ่มจำนวนตัวอย่าง (specimen) ให้มากขึ้น ค่าเฉลี่ยจากการตรวจวัดระหว่าง *T. evansi* และ *T. brucei* มีลักษณะที่คล้ายคลึงกัน ดังนั้นลักษณะที่แตกต่างระหว่าง *T. evansi* และ *T. brucei* เกิดจากลักษณะที่ผิดปกติ หรือเกิดการแปรผันขึ้น ทำให้เกิดความแตกต่างระหว่างสายพันธุ์ (strains) ซึ่งเมื่อพิจารณาความสัมพันธ์ตัวให้อาศัยและปรสิต สามารถเกิดได้จากโครงสร้างที่ก่อให้เกิดภูมิคุ้มกัน (serodemes) ความสามารถในการติดเชื้อในตัวให้อาศัยต่างชนิดกัน (xenodemes) และผลกระทบที่เกิดขึ้นต่อตัวให้อาศัย (nosodemes) ซึ่งสามารถตรวจพิสูจน์โดยการทดลองการแพร่เชื้อหรือการติดเชื้อข้าม (cross transmission experiment) และการศึกษาทางอนุชีววิทยา (molecular biology) แม้ความแตกต่างระหว่างสายพันธุ์สามารถพบทั้งใน avian trypanosome และ mammalian trypanosome แต่หากพิจารณาเฉพาะผลกระทบที่เกิดต่อตัวให้อาศัยระหว่าง trypanosome ทั้งสองชนิดมีความแตกต่างกัน เมื่อ avian trypanosome มีการติดเชื้อในกระแสเลือด (parasitaemia) น้อย และไม่ก่อพยาธิสภาพต่อตัวให้อาศัยต่างจาก mammalian trypanosome หรือความสัมพันธ์ระหว่างตัวให้อาศัยและปรสิตรหว่าง trypanosome และ mammalian trypanosome มีความแตกต่างกัน (Bruce, 1911; Bennett, 1970a, 1970b; Nandi and Bennett, 1994)

แม้ปัจจุบันความก้าวหน้าทางด้านการศึกษามีอุปกรณ์และเครื่องมือที่ทันสมัยสามารถวิเคราะห์ผลการทดลองได้อย่างรวดเร็ว ในการศึกษาครั้งนี้สามารถชี้ให้เห็นความแตกต่างระหว่างปรสิต avian trypanosome และ mammalian trypanosome จากการศึกษาทางการตรวจวัดทางกายภาพและค่าดัชนีเท่านั้น และในการเปรียบเทียบค่าที่ใช้ในการจำแนกชนิดระหว่างปรสิตทั้งสองชนิดแต่พบในตัวให้อาศัยต่างชนิดกัน ชี้ให้เห็นว่า avian trypanosome ที่พบในครั้งนี้ไม่พบลักษณะที่แปรผันแม้ตัวให้อาศัยอยู่ในตัวให้อาศัยต่างชนิดกัน แต่ใน mammalian trypanosome พบลักษณะที่แปรผันไป แต่ลักษณะดังกล่าวสามารถแปรผันตามสภาพแวดล้อมที่แตกต่างกัน เมื่อพิจารณาที่ค่าดัชนีของนิวเคลียสและค่าความเรียวยังคงมีค่าไม่แตกต่างกัน ยกเว้นดัชนีของ kinetoplast โดยที่ kinetoplast เป็นอวัยวะที่เกี่ยวข้องกับการเคลื่อนที่ซึ่งมีความสัมพันธ์กับการ

ดำรงชีวิตโดยตรง จึงมีการแปรผันเพื่อให้เหมาะสมต่อการดำรงชีวิตมากที่สุด ดังนั้นการตรวจวัดทางกายภาพและค่าดัชนียังคงเป็นสิ่งจำเป็นสำหรับการกำหนดชนิดของปรสิต trypanosome ส่วนวิธีการที่อาศัยสารชีวภาพเพื่อเป็นตัวบ่งชี้ (การศึกษาทางด้านสารพันธุกรรมหรือโปรตีนต่างๆ) ควรเป็นวิธีการรองหรือตรวจวินิจฉัยเพื่อเป็นหลักฐานยืนยันเท่านั้น เนื่องจากการกำหนดชนิดสิ่งมีชีวิตอยู่บนพื้นฐานจากความจริงที่ว่า “สิ่งมีชีวิตแต่ละชนิดเป็นตัวกำหนดลักษณะของสิ่งมีชีวิตนั้นๆ แต่ลักษณะมิได้เป็นตัวกำหนดชนิดของสิ่งมีชีวิต”

2. การศึกษาการติดเชื้อปรสิตโปรโตซัวในเลือดนกตัวให้อาศัยในเขตพื้นที่บึงบอระเพ็ด

การศึกษาการติดเชื้อปรสิตโปรโตซัวในเลือดนกในบึงบอระเพ็ดครั้งนี้ ค่าความชุกและความหนาแน่นของการติดเชื้อปรสิตของปรสิตแต่ละสกุลมีค่าที่ผันแปรได้ ที่เกิดจากความแตกต่างของการติดเชื้อปรสิตต่างชนิดหรือต่างกลุ่มกัน ทั้งปรสิตสกุลเดียวกันที่พบในนกที่อยู่ภายในวงศ์เดียวกันในตัวให้อาศัยต่างชนิดกัน สอดคล้องกับการศึกษาการติดเชื้อปรสิต *Haemoproteus columbae* ที่พบการติดเชื้อใน wild dove ได้ทั้งใน *Zenaida auriculata*, *Columbina talpacoti* และ *Scardafella squammata* ส่วนการศึกษาในปรสิตต่างสกุลค่าความชุกและค่าความหนาแน่นของการติดเชื้อแต่ละสกุลสามารถพบความแปรผันได้ ที่เกิดจากปัจจัยที่เกี่ยวข้องกับนกตัวให้อาศัย ซึ่งอาจเป็นผลมาจากช่วงเวลาต่างกันและวัยของนกตัวให้อาศัยต่างกัน การติดเชื้อปรสิตโปรโตซัวในเลือดแต่ละสกุลมีค่าความชุกแตกต่างกัน โดยที่ความชุกของการติดเชื้อมีค่าแตกต่างกัน ช่วงต้นเดือนมิถุนายนพบการติดเชื้อปรสิตมีค่าความชุกสูงที่สุด การติดเชื้อรุกรานของปรสิตมักพบในตัวให้อาศัยวัยอ่อนที่สามารถพบการติดเชื้อปรสิตทุกสกุล นอกจากนี้แมลงพาหะยังเป็นอีกปัจจัยที่มีผลต่อค่าความชุกและความหนาแน่นของการติดเชื้อปรสิตแต่ละสกุล สอดคล้องกับการติดเชื้อปรสิตสกุล *Haemoproteus* ในนกวัยอ่อนที่อยู่ในรังและอยู่ใกล้เคียงกัน พบการติดเชื้อได้เท่าเทียมกัน โดยพบแมลงพาหะหลายชนิดในสกุล Hippoboscidae ในช่วงเดือนเมษายนถึงเดือนสิงหาคม รวมทั้งแมลงพาหะสกุลอื่นอีกหลายชนิดทั้ง *Culex* spp., *Culicoides* spp. และ *Simulium* spp. ทำให้การติดเชื้อในนกวัยอ่อนจึงมีความหลากหลายสูงกว่านกตัวเต็มวัยชนิดเดียวกัน (Greiner, 1975; Barnard and Bair, 1986; Adriano and Cordeiro, 2001)

ส่วนการติดเชื้อในนกตัวให้อาศัยในเขตพื้นที่บึงบอระเพ็ดนี้ การติดเชื้อปรสิตต่างชนิดหรือต่างสกุล ค่าความชุกและความหนาแน่นของการติดเชื้อปรสิตที่แตกต่างกัน ปรสิตสกุล *Haemoproteus* มีค่าความชุกของการติดเชื้อมากที่สุด รองลงมาเป็นปรสิตสกุล *Plasmodium* ส่วน *Trypanosoma* และ ปรสิตหนอนพยาธิตัวกลม microfilaria มีค่าความชุกเท่ากันและมีค่าน้อยที่สุด การติดเชื้อปรสิตต่างชนิดหรือต่างสกุลกันนี้ ชนิดนกตัวให้อาศัยไม่มีอิทธิพลต่อความแตกต่างของค่าความชุกและความหนาแน่นของการติดเชื้อปรสิตโปรโตซัวในเลือด ปัจจัยที่เกี่ยวข้องกับความสัมพันธ์ทั้งนกตัวให้อาศัย ปรสิต และแมลงพาหะ ซึ่งเป็นปัจจัยที่มีความสำคัญต่อการดำรงชีวิตของปรสิตโปรโตซัวในเลือดซึ่งเป็นเส้นทางของการติดเชื้อ โดยที่ชนิดและอายุของตัวให้

อาศัยมีความเกี่ยวข้องกับค่าความชุกของการติดเชื้อปรสิตเหล่านี้ ในตัวให้อาศัยที่เป็นนกอพยพไปยังแหล่งสืบพันธุ์ค่าความชุกของการติดเชื้อปรสิตเกี่ยวกับระยะเวลาในการอพยพและการสัมผัสกับแมลงพาหะ ในขณะที่ตัวให้อาศัยที่เป็นนกอประจำถิ่นการสืบพันธุ์อยู่บริเวณเดียวกัน ค่าความชุกของการติดเชื้อปรสิตโปรโตซัวในเลือดนี้เป็นผลมาความแตกต่างของความจำเพาะต่อตัวให้อาศัย ที่มีสาเหตุมาจากการต่อต้านทางภูมิคุ้มกัน พฤติกรรม และลักษณะทางกายภาพของตัวให้อาศัย เป็นเหตุให้นกที่มีอายุน้อยกว่ามีค่าความชุกมากกว่านกในวัยอ่อนจากระยะเวลาในการสัมผัสแมลงพาหะต่างกัน แต่ความหลากหลายของการติดเชื้อปรสิตโปรโตซัวในเลือดแต่ละสปีชี้น้อยกว่าในนกวัยอ่อนเนื่องจากความจำเพาะต่อตัวให้อาศัยในนกตัวเต็มวัยสูงกว่านกวัยอ่อน เมื่อนกวัยอ่อนอยู่ในรังมีโอกาสสัมผัสกับแมลงพาหะมากกว่าในการศึกษาชนิดของแมลงพาหะที่บริเวณร่อนกพบแมลงพาหะหลายสปีชีส์ ได้แก่ *Culex* spp. *Culicoides* spp. และ *Simulium* spp. เป็นต้น (Greiner, 1975; Deviche *et al.*, 2005)

ความชุกของการติดเชื้อที่ต่างกันสามารถเกิดได้จากพฤติกรรมการกินอาหารของนกตัวให้อาศัยที่ต่างกัน การติดเชื้อปรสิตในวงศ์ Falconiformes ที่มีพฤติกรรมการออกหาอาหารแตกต่างกันพบการติดเชื้อปรสิตโปรโตซัวในเลือดที่แตกต่างกันทั้งชนิดของปรสิต และค่าความชุกของการติดเชื้อ โดยพบว่านกที่หาอาหารในเวลากลางคืน (nocturnal) มีค่าน้อยกว่าตัวให้อาศัยที่หาอาหารในเวลากลางวัน (diurnal) แต่ความหลากหลายของการติดเชื้อในตัวให้อาศัยที่หาอาหารในเวลากลางคืนมีค่ามากกว่า ซึ่งเป็นผลเกี่ยวกับโอกาสสัมผัส และความจำเพาะต่อชนิดของแมลงพาหะ นอกจากนี้ความแปรผันของค่าความชุกของการติดเชื้อปรสิตโปรโตซัวในเลือดมีความเกี่ยวข้องกับชีวภูมิศาสตร์ การผลัดขน และชีวประวัติ พบว่าค่าความชุกที่แปรปรวนมักพบในลำดับทางอนุกรมวิธานขั้นต่ำ หรือในระดับชนิด (species level) ของตัวให้อาศัย โดยที่นกที่ผลัดขนใหม่และมีน้ำหนักตัวมาก มีความเกี่ยวข้องกับค่าความชุกของการติดเชื้อสูง (32%) และนกเพศผู้ยังมีนัยสำคัญ เมื่อควบคุมด้วยผลกระทบทางสายวิวัฒนาการที่มีส่งเสริมการติดเชื้อปรสิต ระยะเวลาในการอพยพมีผลต่อค่าความชุกของการติดเชื้อปรสิตในสปีชีส์ *Plasmodium* นอกจากนี้การศึกษาสายวิวัฒนาการร่วม (co evolution) ระหว่างนกตัวให้อาศัยซึ่งค่าความชุกของการติดเชื้อปรสิตโปรโตซัวในเลือดพบความแตกต่างทั้งช่วงเวลา (temporal) และช่วงวันระยะ (spatial) ที่ไม่มีความเชื่อมโยงกัน จากชีวประวัติที่เกี่ยวข้องกับวิวัฒนาการ แต่มีความสัมพันธ์กับสายวิวัฒนาการแบบหูด (Phylogenetically label) ซึ่งมีความสำคัญต่อแบบแผนของความสัมพันธ์ (relating pattern) ระหว่าง

รูปแบบการดำรงชีวิตของตัวให้อาศัย และความผันแปรของค่าความชุกของการติดเชื้อ (Munoz *et al.*, 1999; Scheuerlein and Ricklefs, 2004)

สภาพแวดล้อมและแหล่งที่อยู่อาศัยของตัวให้อาศัยก็เป็นอีกปัจจัยที่มีความเกี่ยวข้องกับ ความหลากหลายของปรสิต ปัจจัยที่มีความเกี่ยวข้องกับการเพิ่มมากขึ้นของความหลากหลายของ ปรสิต ตลอดจนความชุกของปรสิต สามารถเกิดได้จากการเปลี่ยนแหล่งที่อยู่อาศัยเป็นการ แพร่กระจายของปฏิริยาระหว่างตัวให้อาศัยและปรสิตจนเป็นสาเหตุของการเกิดโรคอุบัติใหม่ใน ประชากรของสัตว์ป่า ความชุกและความหลากหลายของปรสิต *Haemoproteus* และ *Plasmodium* ในพื้นที่ป่าดั้งเดิม เมื่อป่าถูกรบกวน หรือบริเวณป่าที่มีการเปลี่ยนแปลง พบสายสัมพันธ์ใหม่ถึง 15 สายที่ไม่เคยมีรายงานมาก่อนอาจเป็นเนื่องจากความจำเพาะต่อสถานที่ (region) หรือแหล่งอาศัย (habitat) ส่วนอีก 6 สายสัมพันธ์เคยมีรายงาน โดยเฉพาะในบางสายสัมพันธ์ที่พบถึงร้อยละ 50-80 ของแต่ละตัวอย่างเป็นตัวบ่งชี้ว่า ความสัมพันธ์ของสถานที่ระหว่างการแพร่กระจายของปรสิต และ ความหนาแน่นของการติดเชื้อ ค่าดัชนีสำหรับการแพร่กระจายของปรสิตในสกุล *Haemoproteus* และ *Plasmodium* นี้ อาจส่งผลทำให้เกิดความสับสนในนกตัวให้อาศัยชนิดใหม่ที่มีสายพันธุ์ร่วม (constrained) ที่เกี่ยวข้องกับตัวให้อาศัยหรือวงศ์ของตัวให้อาศัย ในการตรวจสอบการแพร่กระจาย ของนกตัวให้อาศัยและความจำเพาะของปรสิตนี้ต่อนกตัวให้อาศัยจากนก 2 กลุ่มตามเงื่อนไขนี้และมี แหล่งที่อาศัยแยกออกจากกัน พบว่าการใช้สายสัมพันธ์ภายในไมโทคอนเดรียจำนวน 155 สาย สายสัมพันธ์ของปรสิต *Haemoproteus* มีแนวโน้มเป็นอนุพันธ์กับวงศ์ของตัวให้อาศัยภายในวงศ์ เดียวกัน ในการเปรียบเทียบสายวิวัฒนาการของปรสิตสามารถแบ่งปรสิตออกเป็น 2 กลุ่มย่อย (subclades) ด้วยการศึกษาลอจิสติกเรจเรสชัน โดยปรสิตที่มีความจำเพาะต่อนกตัวให้อาศัยจะมี ระยะห่างทางพันธุกรรมของปรสิต (parasite genetic distances) มีค่าเท่ากับ 0.029 และ 0.007 แต่ใน สายสัมพันธ์ของ *Plasmodium* ไม่พบว่ามีนัยสำคัญที่มีความสัมพันธ์กับตัวให้อาศัย ดังนั้น ความจำเพาะต่อวงศ์ของนกตัวให้อาศัยพบใน *Haemoproteus* ทางสายสัมพันธ์ ส่วนสายสัมพันธ์ ของ *Plasmodium* ที่มีวิวัฒนาการคงที่ ที่เกี่ยวข้องกับตัวให้อาศัยชนิดใหม่ (Beadell *et al.*, 2004; Belo *et al.*, 2011)

ส่วนปัจจัยที่เกี่ยวข้องกับปรสิต มีหลายกลไกที่เกี่ยวข้องกับการกักการอยู่รอดของปรสิต ทั้งการแพร่เชื้อที่ต้องอาศัยทั้งแมลงพาหะและนกตัวให้อาศัย เพื่อเติมเต็มวัฏจักรชีวิตของปรสิต การ พบปรสิตแพร่กระจายตัวจึงมีความเกี่ยวข้องกับแหล่งที่อยู่อาศัยของแมลงพาหะ และนกตัวให้อาศัย เป็นตัวกำหนดการแพร่กระจายของค่าความชุกของปรสิตโปรโตซัวในเลือดในทางอ้อม การ

เปรียบเทียบพื้นที่ของแหล่งที่อยู่อาศัยของนกตัวให้อาศัยที่มีระดับความสูงจากระดับน้ำทะเล (altitude) แตกต่างกันพบว่าค่าความชุกของการติดเชื้อปรสิตมีค่าลดลงเมื่อตัวให้อาศัยอยู่ altitude ที่สูงมีความสัมพันธ์ต่อแมลงพาหะที่เจริญพัฒนาภายใต้สภาวะที่ไม่เหมาะสม ทำให้การตอบสนองต่อการติดเชื้อปรสิตทั้ง *Haemoproteus* และ *Plasmodium* ลดลง ดังนั้นที่ระดับความสูงที่เหมาะสมต่อการสืบพันธุ์ของนกตัวให้อาศัย จึงมีค่าความชุกของการติดเชื้อปรสิตโปรโตซัวในเลือดสูงขึ้นอย่างมีนัยสำคัญ การเปลี่ยนแปลงสภาพแวดล้อม หรือแหล่งที่อยู่อาศัยอาจทำให้ปรสิตโปรโตซัวในเลือดมีค่าความชุกเพิ่มมากขึ้น อย่างค่าความชุกของการติดเชื้อทั้ง *leucocytozoon* และ *Haemoproteus* มีค่าสูงกว่าในพื้นที่ที่ไม่มีการรุกราน และนกต่างชนิดกันยังมีค่าความชุกของการติดเชื้อที่ต่างกัน แสดงการเพิ่มขึ้นของค่าความชุกของการติดเชื้อปรสิตในพื้นที่ที่เกิดการเปลี่ยนแปลง ในขณะที่นกตัวให้อาศัยชนิดอื่นๆ มีค่าลดลง ซึ่งความสัมพันธ์ระหว่างค่าความชุกของปรสิตโปรโตซัว และการรุกรานตัดไม้ทำลายป่า เนื่องจากรูปแบบของการถ่ายทอดเชื้อที่แตกต่างกัน รวมทั้งสภาพภูมิอากาศที่เปลี่ยนผันตามฤดูกาลยังส่งผลต่อการแพร่กระจายตัวของการติดเชื้อ จัดเป็นแบบแผนของอุบัติการณ์ทางฤดูกาลของเชื้อ avian malaria ในสกุล *Plasmodium* ในเขตพื้นที่อบอุ่นในระยะเวลา 1 ปีมีแบบแผนในลักษณะ bimodal โดยพบการติดเชื้อในเดือนของฤดูใบไม้ผลิและใบไม้ร่วง ดังนั้นปฏิภณระหว่างนกตัวให้อาศัยและปรสิตโปรโตซัวในเลือดต้องพิจารณาร่วมกันทั้งความแปรผันทางฤดูกาลที่มีปัจจัยต่อการติดเชื้อร่วมด้วย นอกจากนี้การแพร่กระจายของปรสิตมีความสัมพันธ์ต่อการเปลี่ยนแปลงของอุณหภูมิ และปริมาณน้ำฝน ความเกี่ยวข้องต่อการเปลี่ยนแปลงของสภาพภูมิอากาศ จากการพิจารณาค่าความชุกของการติดเชื้อ *Haemoproteus* ในสัตว์เลี้ยงในแต่ละพื้นที่ การเปลี่ยนแปลงสภาพภูมิอากาศอย่างต่อเนื่อง ค่าความชุกมีความสัมพันธ์ในทางบวกต่อช่วงที่สภาพภูมิอากาศแห้ง (dry season) โดยที่ในช่วงที่อุณหภูมิต่ำ (ระดับพื้นที่สูง) การพัฒนาของแมลงพาหะ และ haemoproteid จะมีค่าลดลง ส่วนพื้นที่ที่มีอุณหภูมิที่สูงขึ้น (ระดับพื้นที่ต่ำ) มีปัจจัยทางสิ่งแวดล้อมที่เหมาะสมต่อการพัฒนาการติดเชื้อของ *Haemoproteus* ทำให้ค่าความชุกมีค่าสูงขึ้นกว่าพื้นที่แรก นกจึงได้รับความกดดันจากการติดเชื้อปรสิต ทำให้นกตัวให้อาศัยเหล่านี้มีการแพร่กระจายไปยังพื้นที่ที่มีระดับความสูงเพิ่มมากขึ้น (Shurulinkov and Chakaroy, 2006; Cosgrove et al., 2008; Chasar et al., 2009; Imura et al., 2012; Zamora-Vilchis et al., 2012)

การศึกษาความหนาแน่นของการติดเชื้อของปรสิตแต่ละสกุลพบว่า ปรสิตในสกุล *Haemoproteus* ที่พบในเลือดนกกระต๊อหัว (H. orizivora) รองลงมาเป็นปรสิตที่พบในนกปรอด

สวน (*H. sanguinis*) พบความหนาแน่นของการติดเชื้อถึง 61.33 และ 10.26 เซลล์ใน 10,000 เซลล์เม็ดเลือดแดงของนกตัวให้อาศัย ขณะที่ปรสิตสกุล *Plasmodium* พบ *P. circumflexum* เป็นปรสิตที่พบความหนาแน่นสูงที่สุด แต่มีความหนาแน่นเพียง 5.85 เซลล์ใน 10,000 เซลล์เม็ดเลือดแดงเท่านั้น ส่วนการติดเชื้อปรสิต *Trypanosoma* ที่พบการติดเชื้อในนกกระดัดสีอิฐมีความหนาแน่นของการติดเชื้อมากถึง 109.5 เซลล์ต่อ 10,000 เซลล์เม็ดเลือดแดง แต่การติดเชื้อปรสิตหนอนตัวกลม *Microfilaria* พบการติดเชื้อในจำนวนเซลล์ที่ศึกษาเท่านั้นเพียง 0.72 เซลล์เท่านั้น ส่วนการศึกษา ระดับการติดเชื้อของ Ashford ในการติดเชื้อปรสิตทุกชนิดพบในทุกระดับ โดยการติดเชื้อระดับที่ 1 มีค่าความชุกถึงร้อยละ 5.99 รองลงมาเป็นระดับการติดเชื้อที่ 2 3 และ 4 ตามลำดับ เช่นเดียวกับ ระดับการติดเชื้อของปรสิตในสกุล *Haemoproteus* และ *Plasmodium* โดยมีระดับการติดเชื้อของ Ashford ที่ระดับที่ 1 พบค่าความชุกของการติดเชื้อมากที่สุดคิดเป็นร้อยละ 4.05 และ 1.78 ตามลำดับ ค่าความชุกที่รองลงมาเป็นระดับ 2 3 และ 4 ตามลำดับ แต่การติดเชื้อปรสิตชนิด *Trypanosoma* พบการความหนาแน่นของการติดเชื้อเพียงระดับที่ 1 และ 2 ในขณะที่ ปรสิตหนอนพยาธิตัวกลม *microfilaria* พบการความหนาแน่นของการติดเชื้อเฉพาะระดับที่ 1 เท่านั้น ดังนั้นความหนาแน่นของการติดเชื้อปรสิตส่วนมากมีแนวโน้มค่อนข้างต่ำ แต่การติดเชื้ออย่างรุนแรงอาจเกี่ยวข้องกับสภาพร่างกายของนกตัวให้อาศัย เมื่อสภาพร่างกายของนกตัวให้อาศัยอยู่ในสภาพที่อ่อนแอจากการป่วย และการให้อาหารลูกวัยอ่อน มีความสัมพันธ์ค่าความหนาแน่นที่สูงขึ้นของการติดเชื้อปรสิตในระยะ 1 ถึง 2 ปี การติดเชื้ออย่างรุนแรงนี้ นกตัวให้อาศัยต้องแข่งขันเพื่อครอบครองทั้งสารอาหาร และพลังงานจากการทำงานของระบบภูมิคุ้มกัน และการซ่อมแซมเนื้อเยื่อที่ถูกทำลาย (Dawson and Bortolotti, 2000; Merino *et al.*, 2000)

การติดเชื้อปรสิต avian malaria ในเพศผู้มีค่าสูงมากขึ้นระหว่างฤดูผสมพันธุ์ ซึ่งมีความสัมพันธ์กับการพัฒนาระบบสืบพันธุ์ของนกตัวให้อาศัย ในการเปรียบเทียบการติดเชื้อปรสิตที่มีการพัฒนาระบบสืบพันธุ์เป็นครั้งแรก และนกกลุ่มที่เก่ากว่ามีความเข้มข้นของ testosterone ลดลงทั้งสองกลุ่มในระหว่างฤดูผสมพันธุ์ แต่การติดเชื้อในนกตัวให้อาศัยที่มีอายุมากมีค่ามากกว่า และการติดเชื้อสูงที่สุดระหว่างฤดูผสมพันธุ์ จากผลของการกดภูมิคุ้มกันของฮอร์โมนเพศ และพฤติกรรมที่แตกต่างกันของนกทั้งสองกลุ่ม นอกจากนี้นกที่มีอายุมากมีการสัมผัสแมลงพาหะมากกว่า ในการศึกษาการติดเชื้อ haemosporidian ในนก warbler ที่มีการอพยพที่ยาวนาน มีโอกาสสัมผัสต่อเชื้อปรสิตทั้งในพื้นที่เขตร้อน และเขตอบอุ่น ในระหว่างฤดูผสมพันธุ์ พบการติดเชื้อทั้ง

ปรสิตสกุล *Haemoproteus* และ *Plasmodium* มีค่าความชุกแปรผันตามฤดูกาลผสมพันธุ์ และมีความจำเพาะต่อพื้นที่ โดยการติดเชื้อปรสิตเหล่านี้มีผลต่อการผสมพันธุ์สำเร็จในนกชนิดนี้ (Deviche *et al.*, 2001b; Grillo *et al.*, 2012)

3. การศึกษาความหลากหลาย (diversity) ของปรสิตโปรโตซัวในเลือดของนกตัวให้อาศัยในเขตพื้นที่บึงบอระเพ็ด

การศึกษาความหลากหลายทางชนิด (species diversity) ของนกตัวให้อาศัยต่อการติดเชื้อปรสิตมากกว่า 1 สกุล พบนกตัวให้อาศัยเพียง 5 ชนิดเท่านั้น โดยเรียงลำดับค่าความหลากหลายของการติดเชื้อปรสิตต่างชนิด ดังนี้ นกพงคิ้วดำ นกยางไฟหัวดำ นกพงใหญ่พันธุ์ญี่ปุ่น นกเอี้ยงดำ และนกกระต๊อขี้หมู โดยนกพงคิ้วดำมีค่าสูง และนกกระต๊อขี้หมูมีความหลากหลายของการติดเชื้อต่างชนิดต่ำสุด โดยค่าความหลากหลายทางการติดเชื้อของนกตัวให้อาศัยเรียงตามลำดับจากค่าสูงไปสู่ค่าต่ำ ความหลากหลายของนกตัวให้อาศัยต่อการติดเชื้อปรสิตมีค่าแตกต่างกัน ซึ่งความหลากหลายของการติดเชื้อปรสิตในนกตัวให้อาศัยชนิดหนึ่งมีค่าแปรผันตรงต่อจำนวนตัวอย่างของตัวให้อาศัย แสดงให้เห็นว่าความสัมพันธ์ระหว่างปรสิตและตัวให้อาศัยในพื้นที่ใดพื้นที่หนึ่งมีความเกี่ยวข้องกับบทบาทของปรสิตต่อการคัดเลือกและวิวัฒนาการที่เกี่ยวกับการสืบพันธุ์ของนกตัวให้อาศัย นอกจากนี้ปรสิตโปรโตซัวในเลือดที่ขาดความจำเพาะต่อตัวให้อาศัยหลากหลายชนิด และเมื่อนกตัวให้อาศัยที่แพร่เชื้อได้มีแหล่งที่อยู่ร่วมกับตัวให้อาศัยเหล่านั้น เกิดความผันแปรขององค์ประกอบทางสังคมปรสิตโปรโตซัวผ่านทางช่วงระยะผสมพันธุ์ ทำให้เกิดการติดเชื้อปรสิตต่างชนิดกันจนเกิดแรงกดดัน ความผันแปรภายในชนิดของตัวให้อาศัยในลักษณะที่มีความสำคัญต่อการดำรงชีวิต (Ricklefs *et al.*, 2005; Zehindjiev *et al.*, 2009)

ค่าความหลากหลายของการติดเชื้อปรสิตโปรโตซัวของนกตัวให้อาศัยมีค่าต่ำ อาจพบได้เมื่อนกตัวให้อาศัยมีการรวมกลุ่มในแหล่งที่อยู่ใหม่ การติดเชื้อกลุ่มปรสิตอาจเกิดการเปลี่ยนแปลงในลักษณะที่ตัวให้อาศัยบางชนิดมีการสูญเสียแต่บางชนิดรับปรสิตชนิดใหม่ การเปลี่ยนแปลงเหล่านี้ทำให้เกิดแรงผลักดันต่อการคัดเลือก (selective forces) ทั้งตัวให้อาศัยและปรสิต จนทำให้ตัวให้อาศัยบางชนิดทำหน้าที่ในการแบกรับการติดเชื้อส่วนใหญ่จนทำให้ค่าความชุกของการติดเชื้อสูงกว่าตัวให้อาศัยอื่น กระจ่ายเชื้อไปยังตัวให้อาศัยชนิดอื่นเกิดขึ้นภายหลัง ทำให้ค่าเฉลี่ยของความชุก

ของการติดเชื้อปรสิตและความหลากหลายของการติดเชื้อปรสิตโปรโตซัวในเลือดมีค่าต่ำลง ถือเป็นวิวัฒนาการของสังคมตัวให้อาศัยในแหล่งอาศัยพื้นที่ใหม่ แต่การอพยพของนกตัวให้อาศัยในเส้นทางที่แตกต่างกันทำให้แยกออกเป็นกลุ่มสังคมตัวให้อาศัยต่างกลุ่มกันจนแยกออกจากกันทั้งด้วยระยะเวลาและสถานที่ สังคมปรสิตโปรโตซัวที่ติดเชื้อในตัวให้อาศัยต่างกลุ่มนี้ ความหลากหลายของการติดเชื้อไม่แตกต่างกัน ในกลุ่มปรสิตส่วนใหญ่ที่เกี่ยวข้องทางด้านลบต่อตัวให้อาศัยทั้งทางตรงในแง่ของการแย่งสารอาหาร และทางอ้อมจากการยับยั้งการติดเชื้อด้วยระบบภูมิคุ้มกัน (Hellgren *et al.*, 2011; Santiago-Alarcon *et al.*, 2011a)

สภาพภูมิศาสตร์ของแหล่งที่อยู่อาศัยเป็นอีกปัจจัยที่มีความเกี่ยวข้องกับการติดเชื้อปรสิต สอดคล้องกับสภาพภูมิศาสตร์ของแหล่งที่อยู่อาศัยที่แตกต่างกันของนกตัวให้อาศัยชนิดหนึ่ง ต่อการติดเชื้อปรสิตโปรโตซัวมีความแตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญทั้งความชุกของการติดเชื้อ และการแพร่กระจายของสายสัมพันธ์ของปรสิต ซึ่งความแตกต่างกันนี้มีความเกี่ยวข้องกับละอองของแหล่งที่อยู่อาศัยโดยความหลากหลายของสายสัมพันธ์ทั้ง *Haemoproteus* และ *Leucocytozoon* มีค่าเพิ่มมากขึ้นเมื่อแหล่งอาศัยของประชากรของตัวให้อาศัยทางด้านทิศใต้ (เข้าใกล้เส้นศูนย์สูตร) นอกจากนี้แม้สายสัมพันธ์ของปรสิตโปรโตซัวในเลือดในเขตร้อน (tropical) ระหว่างทวีปอเมริกาใต้ (เขตป่าสะวันนาของประเทศบราซิล) และแอฟริกา (ป่าดิบแล้ง) มีความแตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญ แต่ความหลากหลายของสังคมปรสิตของป่าทั้งสองชนิดมีความคล้ายคลึง โดยที่ทั้งสองพื้นที่มีความหลากหลายทางชนิดของนกตัวให้อาศัยสูงทำให้ความหลากหลายของปรสิตสูงขึ้นด้วย ดังนั้นแหล่งที่สามารถพบปรสิตโปรโตซัวในเลือดชนิดใหม่คือ บริเวณตอนใต้ของประเทศบราซิล (Neotropical) ซึ่งคาดว่าจะแหล่งรังของเชื้อปรสิตโปรโตซัวในเลือดสายสัมพันธ์ใหม่ (Marzal and Albayrak, 2012; Lacorte *et al.*, 2013)

ส่วนความหลากหลายของนกตัวให้อาศัยต่อการติดเชื้อปรสิตแต่ละสกุลทั้ง *Haemoproteus* *Plasmodium* *Trypanosoma* และ ปรสิตหนอนพยาธิตัวกลม microfilaria โดยนกตัวให้อาศัยที่การติดเชื้อปรสิตสกุล *Haemoproteus* มีแนวโน้มความหลากหลายมากที่สุด ($H'=1.439$) รองลงมาของค่าความหลากหลายของตัวให้อาศัยที่พบการติดเชื้อปรสิตสกุล *Plasmodium* *Trypanosoma* และ ปรสิตหนอนพยาธิตัวกลม microfilaria ที่ ความหลากหลายของตัวให้อาศัยต่อการติดเชื้อปรสิตแต่ละสกุลเหล่านี้ มีความแตกต่างกันที่สามารถเกิดได้ทั้งปัจจัยที่มาจากปรสิต และสภาพแวดล้อมที่เกี่ยวข้อง

กับการติดเชื้อปรสิตโปรโตซัวในเลือดในสังคมของนกตัวให้อาศัย ปรสิตโปรโตซัวในเลือดแต่ละสกุลมีความความจำเพาะต่อตัวให้อาศัยต่างกัน สอดคล้องข้อมูลทางชีวภูมิศาสตร์ (biogeographical) ที่ศึกษาการแพร่กระจายตัวของปรสิต ผ่านทางความหลากหลายทางพันธุกรรมของปรสิต haemosporidian ในสังคมนกตัวให้อาศัยต่างสภาพภูมิศาสตร์ สายสัมพันธ์ของปรสิต haemosporidian ในสกุล *Haemoproteus* มีความจำเพาะต่อชนิดของนกตัวให้อาศัยมากกว่าปรสิตในสกุล *Plasmodium* จากลักษณะของความจำเพาะต่อตัวให้อาศัยนี้ เป็นการก่อพยาธิสภาพบางประการทั้งต่อตัวนกตัวให้อาศัยและทางด้านนิเวศที่เกี่ยวข้องกับพยาธิสภาพที่มีความเชื่อมโยงกับกระบวนการทางวิวัฒนาการ ความจำเพาะต่อตัวให้อาศัยอาจเป็นช่วงตั้งแต่ลักษณะทั่วไป (generalist) เมื่อปรสิตสามารถติดเชื้อในตัวให้อาศัยสามารถติดเชื้อได้ ขณะที่ลักษณะที่จำเพาะ (specialist) เมื่อปรสิตสามารถติดเชื้อแบบซ้ำๆ ภายในตัวให้อาศัยชนิดหรือวงศ์หนึ่ง สายสัมพันธ์ของ *Haemoproteus* และ *Plasmodium* เมื่อสร้างเป็นสายวิวัฒนาการเพื่อใช้ในการพิจารณาช่วง (range) ของตัวให้อาศัย จำนวนชนิดของ *Plasmodium* แสดงการติดเชื้อน้อยกว่าจำนวนชนิดของนกตัวให้อาศัย ในขณะที่ *Haemoproteus* โดยทั่วไปสามารถพบเฉพาะตัวให้อาศัยชนิดหรือสองชนิดหรือภายในวงศ์หนึ่งของตัวให้อาศัย แสดงให้เห็นถึงความซื่อสัตย์ต่อตัวให้อาศัยมากกว่า *Plasmodium* จากลักษณะดังกล่าวนี้มีศักยภาพต่อค่าความชุกของการติดเชื้อในตัวให้อาศัยชนิดหนึ่ง และยังส่งผลกระทบต่อแบบแผนการติดเชื้อในระดับสังคมตัวให้อาศัยด้วย ดังนั้น การติดเชื้อของ *Haemoproteus* จึงสามารถแพร่กระจายทุกสภาพภูมิศาสตร์ และทุกชนิดของนกตัวให้อาศัย ดังนั้น การติดเชื้อปรสิตสกุล *Haemoproteus* ในสังคมของนกตัวให้อาศัยได้มากกว่าปรสิตชนิดอื่น อย่างไรก็ตามการติดเชื้อปรสิต haemosporidian สายสัมพันธ์ที่แตกต่างกัน มีความสัมพันธ์ต่อรูปแบบการดำรงชีวิตของนกตัวให้อาศัย พบว่ารูปแบบของพฤติกรรมการผสมพันธุ์ของตัวให้อาศัยที่แบบไม่จับคู่มีค่าความชุกของการติดเชื้อของ *Haemoproteus* มากกว่าตัวให้อาศัยที่มีรูปแบบการสืบพันธุ์แบบจับคู่ ดังนั้นพฤติกรรมจึงเป็นสิ่งสำคัญต่อการสัมผัสกับแมลงพาหะ ทำให้ haemosporidian หลายสายสัมพันธ์แสดงลักษณะการติดเชื้อได้ทั่วไปต่อตัวให้อาศัย โดยวิธีทางเครื่องหมายทางพันธุกรรม (molecular marker) ของปรสิตนี้ที่พบเห็นได้ในปัจจุบัน (Cumming *et al.*, 2013; Fecchio *et al.*, 2013; Okanga *et al.*, 2014)

สิ่งแวดล้อมเป็นปัจจัยสำคัญต่อการติดเชื้อปรสิตในสังคมของนกตัวให้อาศัย บางสภาพแวดล้อมไม่พบการติดเชื้อปรสิตโปรโตซัวในเลือด เช่น สภาพแวดล้อมตามแนวชายฝั่งที่เป็น

แหล่งที่อยู่อาศัยของนกชายหาด (seabirds) แม้ตรวจวินิจฉัยการติดเชื้อปรสิตในนกตัวให้อาศัยถึง 13 ชนิดจากแหล่งผสมพันธุ์ ตัวให้อาศัย 7 ชนิดไม่พบการติดเชื้อปรสิต haemosporidian เหล่านี้ และไม่เคยมีรายงานการติดเชื้อนี้มาก่อน อาจเนื่องจากสภาพแวดล้อมไม่เหมาะสมต่อการดำรงชีวิตของแมลงพาหะทั้งสภาพแวดล้อมทางทะเลและสภาพอากาศที่แห้งครอบคลุมแหล่งที่พักอาศัยของนกตัวให้อาศัยเหล่านี้ ปัจจัยเสี่ยงต่อการติดเชื้อปรสิตโปรโตซัวในเลือดอาศัยนกที่มีแหล่งอาศัยต่างกัน ทั้งที่มีแหล่งที่อยู่อาศัยใกล้ชายหาดและตัวให้อาศัยในภาคพื้นทวีปใกล้แหล่งน้ำจืด การติดเชื้อ *Plasmodium* พบเฉพาะนกที่มีแหล่งอาศัยภาคพื้นทวีปเท่านั้น แหล่งน้ำจืดจึงเป็นปัจจัยหนึ่งที่มีความสำคัญในการติดเชื้อปรสิตในสังคมของนกตัวให้อาศัย นอกจากนี้แหล่งที่อยู่อาศัยของตัวให้อาศัยในธรรมชาติที่เป็นป่าแบบต่อเนื่องพบการติดเชื้อปรสิตทั้ง *Haemoproteus* และ *Plasmodium* ได้สูงกว่า นกที่มีแหล่งที่อยู่อาศัยที่มีป่าเป็นช่วงๆ (fragment) แม้ค่าความหลากหลายของนกตัวให้อาศัยจากทั้งสองแหล่งไม่มีความแตกต่างกัน ดังนั้นลักษณะทางนิเวศวิทยา (ecological traits) เป็นอีกปัจจัยที่มีความสำคัญต่อการติดเชื้อปรสิตโปรโตซัวในเลือด โดยเกี่ยวข้องกับความอุดมสมบูรณ์ของแหล่งอาหาร ความจำเพาะต่อแหล่งที่อยู่อาศัย และระยะทางของการแพร่กระจายของนกตัวให้อาศัยเป็นปัจจัยที่มีความสำคัญต่อการติดเชื้อปรสิต ส่วนปัจจัยที่เกี่ยวข้องกับอุณหภูมิเป็นตัวกระตุ้นให้เกิดการติดเชื้อ แหล่งที่อยู่อาศัยที่มีอุณหภูมิสูง ซึ่งมักเป็นพื้นที่ระดับดำนีปัจจัยที่ต่อการพัฒนาและการติด (transmission) เชื้อปรสิต จนทำให้ค่าความชุกของการติดเชื้อมีค่าเพิ่มมากขึ้น (Jovani *et al.*, 2001; Yohannes *et al.*, 2009; Zamora-Vilchis *et al.*, 2012; Laurance *et al.*, 2013)

ปัจจัยภายในตัวนกตัวให้อาศัยทั้งลักษณะการดำรงชีวิตของนกต่างชนิดมีความแตกต่างกัน มีความสัมพันธ์ต่อจำนวนชนิดของปรสิต หรือสายพันธุ์ (strains) ซึ่งมีความสัมพันธ์ต่อผลกระทบของการอยู่ร่วมกันในภาวะปรสิต (parasitism) โดยค่าความชุกของการติดเชื้อปรสิตโปรโตซัวในเลือดมีค่าสูงและยังเป็นการรวบรวมชนิดของปรสิตด้วยมีความเกี่ยวข้องกับนิเวศและรูปแบบการดำรงชีวิตของนกตัวให้อาศัย ส่วนผลกระทบต่อตัวให้อาศัยที่เหมาะสม (host fitness) นี้ ที่เกิดจากปรสิตโปรโตซัวในเลือดในประชากรนกธรรมชาติอาจเกิดจากการติดเชื้อหลายชนิดโดยเฉพาะปรสิตที่ไม่เคยติดเชื้อมาก่อน นอกจากนี้ความสามารถในการต่อต้านปรสิตทั้งการป้องกัน การควบคุมและการกำจัดการติดเชื้อด้วยระบบภูมิคุ้มกันของนกตัวให้อาศัยสร้างขึ้นอาศัย Major Histocompatibility Complex (MHC) แม้ว่าความหนาแน่นของการติดเชื้อและสถานะการติดเชื้อมีความสัมพันธ์ด้านลบต่อลักษณะทางพันธุกรรมของ MHC class I แต่มก *Cyanistes cearuleus*

สามารถควบคุมความหนาแน่นการติดเชื้อ *Haemoproteus majoris* ได้ สามารถอธิบายความแตกต่างของอัตราการกำจัดการติดเชื้อปรสิต avian malaria ได้ทั้งการติดเชื้อระหว่างสายสัมพันธ์ของปรสิตและระหว่างนกตัวให้อาศัย (Arriero and Moller, 2008; Westerdahl *et al.*, 2013)

นอกจากนี้ความแตกต่างของการติดเชื้อปรสิตมีความสัมพันธ์ระหว่างโครงสร้างเกี่ยวกับ Phylogeography ของตัวให้อาศัย และความหลากหลายของ haemosporidian ในนกตัวให้อาศัยกลุ่ม Passerine เกี่ยวกับการเปลี่ยนแปลงของสังคมปรสิต ด้วยวิวัฒนาการของนกตัวให้อาศัยที่มีลักษณะแบบการแยกออกจากกันทางพันธุกรรม (genetic divergence) ระหว่างประชากรของตัวให้อาศัย ส่วนความแตกต่างของ haemosporidian ที่พบในตัวให้อาศัยแต่ละชนิด สามารถบ่งบอกความหลากหลายในช่วงปรับเปลี่ยน (beta diversity) ของสังคมปรสิตนั้น เช่นเดียวกับความหลากหลายของแมลงพาหะ รวมทั้งการหมุนเวียนของชนิดนกตัวให้อาศัย และ/หรือ ระยะห่างทางด้านภูมิศาสตร์ในนกบางชนิด (*Loxigilla* spp.) เมื่อระยะห่างทางด้านภูมิศาสตร์มีค่าปรับตัวเพิ่มมากขึ้น ทำให้ความหลากหลายของ haemosporidian มีค่าลดลง แต่ไม่มีความสัมพันธ์ทั้งความหลากหลายของปรสิต ยุงพาหะ และชนิดของนกตัวให้อาศัย นอกจากนี้ลักษณะโครงสร้างทางด้าน Phylogeography ของตัวให้อาศัย ต่อการปรับตัวทางด้านความหลากหลายของตัวให้อาศัย ไม่ได้รับอิทธิพลมาจากสายสัมพันธ์ของปรสิต haemosporidian ส่วนลักษณะการติดเชื้อของปรสิตในนกตัวให้อาศัยชนิดหนึ่งๆ สามารถเป็นตัวแทนของสังคมปรสิต Haemosporidian นี้ ในตัวให้อาศัยชนิดอื่นๆ ได้ (Bensch *et al.*, 2007b; Svensson-Coelho and Ricklefs, 2011)

ความหลากหลายของปรสิตในพื้นที่แถบเอเชีย ของ *Plasmodium* 34 สายสัมพันธ์ และ *Haemoproteus* 41 สายสัมพันธ์ โดยที่ประเทศพม่ามีความหลากหลายของปรสิตมากที่สุด รองลงมาคือ ประเทศอินเดีย และประเทศเกาหลีตามลำดับ ส่วนค่าความชุกของการติดเชื้อมีความแตกต่างกันในแต่ละแหล่งที่อยู่อาศัย และไม่ขึ้นกับวงศ์ของนกตัวให้อาศัย การติดเชื้อปรสิตมีสัมพันธ์ระหว่างประเทศพม่าและเกาหลีได้ แต่ไม่มีความสัมพันธ์ระหว่างประเทศอินเดียและเกาหลีได้ แม้นกตัวให้อาศัยอพยพจากประเทศเกาหลีไปยังประเทศอินเดียถึง 2 เส้นทาง แสดงว่าสายสัมพันธ์ของปรสิตมีความจำเพาะต่อแหล่งที่อยู่อาศัย การติดเชื้อข้ามจากสายสัมพันธ์ของปรสิตเกิดขึ้นได้น้อย แต่พื้นที่อินเดียและพมามีลักษณะร่วมกันมากกว่าเมื่อเทียบกับประเทศเกาหลีได้ แต่การเปลี่ยนที่อยู่อาศัยเป็นปัจจัยที่รบกวนความสัมพันธ์ระหว่างตัวให้อาศัยและปรสิตอาจเป็นสาเหตุของการสูญพันธุ์

ประชากรในธรรมชาติ ในการเปรียบเทียบค่าความชุกและความหลากหลายของการติดเชื้อปรสิตทั้ง *Haemoproteus* และ *Plasmodium* จากแหล่งที่อยู่อาศัยในพื้นที่แตกต่างกันทั้งบริเวณป่าธรรมชาติ พื้นที่ที่ถูกรบกวน และพื้นที่คาบเกี่ยวระหว่างสองพื้นที่ในประชากรตัวให้อาศัยในธรรมชาติ โดยที่ 15 สายสัมพันธ์มีรายงานมาก่อน และเป็นสายสัมพันธ์ที่มีความจำเพาะต่อแหล่งที่อยู่อาศัย ส่วนอีก 6 สายสัมพันธ์ของ Haemosporidian ที่มาจากบริเวณใกล้เคียงกัน คิดเป็นค่าความชุกร้อยละ 50 ถึง 80 ของการติดเชื้อในแต่ละแหล่งที่อยู่อาศัย ดังนั้นการแพร่กระจายของสังคมปรสิตมีความสัมพันธ์ระหว่างแหล่งที่อยู่อาศัย (Ishtiaq *et al.*, 2007; Ortego *et al.*, 2007; Belo *et al.*, 2011)

ความสม่ำเสมอของปรสิตแต่ละสกุล (species evenness) ของนกตัวให้อาศัยเป็นค่าที่บอกความเท่าเทียมในการแพร่กระจายตัวของปรสิตในประชากรนกตัวให้อาศัยที่ติดเชื้อปรสิตสกุลนั้นๆ ตัวให้อาศัยมีแนวโน้มของการติดเชื้อปรสิตสกุล *Trypanosoma* มีการกระจายตัวสม่ำเสมอมากที่สุด รองลงมาคือ ปรสิตหนอนพยาธิตัวกลม *microfilaria Plasmodium* และ *Haemoproteus* ที่มีค่าความสม่ำเสมอตามลำดับ เมื่อแบ่งกลุ่มประชากรนกตัวให้อาศัยออกตามสถานภาพของการอพยพ ซึ่งสามารถแบ่งประชากรของตัวให้อาศัยออกเป็นสองกลุ่มคือ นกประจำถิ่นพบการติดเชื้อปรสิต 3 สกุลคือ *Haemoproteus Plasmodium* และ *Trypanosoma* โดยที่ *Trypanosoma* พบการติดเชื้อสม่ำเสมอที่สุด รองลงมาเป็นปรสิตสกุล *Plasmodium* และ *Haemoproteus* ตามลำดับ และในนกอพยพมีการติดเชื้อปรสิตสามสกุลเช่นกัน คือ *Haemoproteus Plasmodium* และ ปรสิตหนอนพยาธิตัวกลม *microfilaria* โดยที่พบการติดเชื้อปรสิตหนอนพยาธิตัวกลม *Microfilaria* มีค่าความสม่ำเสมอของการติดเชื้อมากที่สุด ส่วนปรสิตสกุล *Plasmodium* ไม่สามารถหาค่าความสม่ำเสมอได้ เนื่องจากจำนวนนกที่ติดเชื้อต่อจำนวนประชากรที่ติดเชื้อชนิดนี้มีค่าเท่ากัน การกระจายตัวหรือการติดเชื้อปรสิตแต่ละสกุล โดยค่าความสม่ำเสมอของการติดเชื้อในนกตัวให้อาศัยแต่ละชนิดมีค่าแตกต่างกัน เช่นเดียวกับในนกตัวให้อาศัยที่มีสถานภาพการอพยพที่ต่างกัน การติดเชื้อปรสิตโปรโตซัวในเลือดที่มีค่าความชุกของการติดเชื้อสูง ทั้งปรสิตในสกุล *Haemoproteus* และ *Plasmodium* มีค่าความสม่ำเสมอของการติดเชื้อมีแนวโน้มต่ำกว่าปรสิตที่มีค่าความชุกของการติดเชื้อต่ำ การติดเชื้อปรสิต haemosporidian แต่ละสกุลมีความจำเพาะได้ทั้งนกตัวให้อาศัยมีปัจจัยต่อความจำเพาะนี้ที่เกี่ยวข้องกับประสิทธิภาพของการแพร่เชื้อของปรสิตในนกตัวให้อาศัยชนิดหนึ่งที่เกี่ยวข้องกับสภาพพื้นที่การแพร่กระจาย และความหนาแน่นของแมลงพาหะ และสิ่งแวดล้อมที่เหมาะสม แต่ปรสิตที่สามารถพบได้ทั่วไปไม่จำเพาะต่อนกตัวให้อาศัย พบในปรสิตที่มีสายสัมพันธ์หลายสาย

(polyphyly) จึงแพร่กระจายได้ทั่วไป ไม่มีแหล่งการแพร่กระจายที่จำเพาะ แต่เกิดจากการรวมกลุ่มของปรสิตหลายสายสัมพันธ์ ดังนั้นตำแหน่งทางสังคมของปรสิต และการแพร่กระจายของปรสิต ต้องอาศัยความหลากหลายของตัวให้อาศัยร่วมด้วย (Belo *et al.*, 2012; Ishtiaq *et al.*, 2012)

การศึกษาความสัมพันธ์ระหว่างสายวิวัฒนาการทางชีวภูมิศาสตร์ (Phylogeography) ของตัวให้อาศัย และความหลากหลายของ haemosporidian ในนกตัวให้อาศัยกลุ่ม Passerine เกี่ยวกับการเปลี่ยนแปลงของกลุ่มสังคมปรสิต (parasite community) ด้วยวิวัฒนาการของนกตัวให้อาศัยที่มีลักษณะแบบแยกออกจากกัน (genetic divergence) ระหว่างประชากรของตัวให้อาศัย ส่วนความแตกต่างของ haemosporidian ที่พบในตัวให้อาศัยแต่ละชนิด สามารถบ่งบอกความหลากหลายในช่วงปรับเปลี่ยน (beta diversity) ของสังคมปรสิตนั้น เช่นเดียวกับความหลากหลายของแมลงพาหะ รวมทั้งการหมุนเวียนของชนิดนกตัวให้อาศัย และ/หรือ ระยะห่างทางด้านภูมิศาสตร์ เมื่อระยะห่างทางด้านภูมิศาสตร์มีค่าปรับตัวเพิ่มมากขึ้น ทำให้ความหลากหลายของ haemosporidian ในนกบางชนิด (*Loxigilla* spp.) มีค่าลดลง แต่ไม่พบความสัมพันธ์ทั้งความหลากหลายของปรสิต และแมลงพาหะ และชนิดของนกตัวให้อาศัย นอกจากนี้สายวิวัฒนาการทางชีวภูมิศาสตร์ของนกตัวให้อาศัยต่อการปรับตัวทางด้านความหลากหลาย ไม่ได้รับอิทธิพลมาจากสายสัมพันธ์ของปรสิต haemosporidian ส่วนลักษณะการติดเชื้อของปรสิตในนกตัวให้อาศัยชนิดหนึ่งๆ สามารถเป็นตัวแทนของกลุ่มปรสิต Haemosporidian นี้ในตัวให้อาศัยชนิดอื่นๆ ได้ (Bensch *et al.*, 2007b; Svensson-Coelho and Ricklefs, 2011)

จะเห็นได้ว่า ความสม่ำเสมอของการติดเชื้อปรสิตจึงมีค่าแตกต่างกัน ตามสายวิวัฒนาการชีวภูมิศาสตร์ของนกตัวให้อาศัยที่มีความสัมพันธ์ทั้งแหล่งที่อยู่อาศัย และความสามารถในการติดเชื้อของปรสิตซึ่งเกี่ยวกับความหนาแน่นของแมลงพาหะรวมทั้งปัจจัยทางกายภาพที่เหมาะสม ทำให้ปรสิตที่มีความหลากหลายทางพันธุกรรมสูงสามารถพบการติดเชื้อได้ทั่วไป สามารถแพร่เชื้อไปยังนกตัวให้อาศัยหลากหลายชนิด หรือประสิทธิภาพในการติดเชื้อที่สูงกว่าพบปรสิตโปรโตซัวในเลือดที่พบการติดเชื้อในนกตัวให้อาศัยอย่างจำเพาะ

ความกว้างของแหล่งที่อยู่อาศัย (niche breadth; B) เป็นค่าดัชนีของความจำเพาะของการติดเชื้อปรสิตแต่ละสกุล (host specificity) ที่แสดงถึงความสามารถในการติดเชื้อของปรสิตแต่ละสกุล

อาจพบการติดเชื้อได้อย่างจำเพาะ (specialist) หรือพบการติดเชื้อได้ทั่วไป (generalist) ในประชากรของนกตัวให้อาศัย แม้ความจำเพาะต่อตัวให้อาศัยไม่แตกต่างกันทางสถิติ ปรสิต *microfilaria* มีแนวโน้มความจำเพาะต่อนกตัวให้อาศัยที่ติดเชื้อมากกว่าปรสิตกลุ่มอื่น *Plasmodium* *Haemoproteus* และ *Trypanosoma* ที่มีความจำเพาะน้อยหรือมีความสามารถพบการติดเชื้อได้ในนกตัวให้อาศัยทั่วไปมากขึ้นตามลำดับ ความกว้างของแหล่งที่อยู่อาศัยมักเป็นข้อมูลที่เกี่ยวข้องกับการแพร่กระจายของกลุ่มสิ่งมีชีวิตที่ดำรงชีวิตอย่างอิสระ (free living organism) ตามทฤษฎีความกว้างของแหล่งที่อยู่อาศัย แต่ทฤษฎีนี้เป็นข้อมูลที่เหมาะสมต่อความแปรปรวนของความจำเพาะต่อตัวให้อาศัยในปรสิตต่างชนิด และเป็นข้อมูลที่นำไปสู่วิวัฒนาการของความจำเพาะต่อตัวให้อาศัย ซึ่งขนาดของความจำเพาะต่อตัวให้อาศัย (degree of host specificity) มีความสัมพันธ์ร่วมเชิงลบต่อขนาดการแพร่กระจายทางภูมิศาสตร์ นั่นคือการแพร่กระจายมีพื้นที่มากของตัวให้อาศัยมีพื้นที่เพิ่มมากขึ้น ทำให้ขนาดของความจำเพาะของปรสิตในตัวให้อาศัยนั้นๆ มีค่าลดลง หรือมีแนวโน้มการติดเชื้อได้แบบทั่วไป แต่การแพร่กระจายตัวของปรสิตเป็นการกระจายตัวแบบไม่ต่อเนื่อง (spatial distribution) อย่างการแพร่กระจายของปรสิต (ทั้ง หมัด และกลุ่มหนอนพยาธิ) ด้วยวิธีการเชิงเปรียบเทียบ สามารถนำมาใช้อธิบายรูปแบบและขั้นตอนทางชีวภูมิศาสตร์ หลายวิธียังคงตรวจสอบปัจจัยที่เกี่ยวกับสายวิวัฒนาการ ทั้งความห่างทางวิวัฒนาการที่ขึ้นกับคุณลักษณะของผู้ให้ (given character) การแพร่กระจายของความแปรปรวนของปฏิกริยาระหว่างปรสิตและตัวให้อาศัยที่แสดงออกของลักษณะเฉพาะ จนอาจทำให้คุณลักษณะของผู้ให้กลายเป็นคุณลักษณะของปรสิต เมื่อคุณลักษณะของตัวให้อาศัยเป็นคุณลักษณะที่มีการเปลี่ยนแปลงร่วมกัน แต่เป็นการเกี่ยวเนื่องเพียงส่วนหนึ่งเท่านั้น ดังนั้นการวิเคราะห์ต้องครอบคลุมทั้งสายวิวัฒนาการของปรสิตและตัวให้อาศัย เพื่อตรวจสอบอิทธิพลของคุณลักษณะร่วม การใช้วิธีการเชิงเปรียบเทียบแสดงให้เห็นคุณลักษณะสำคัญของปรสิต 2 ประการ คือ ความกว้างของแหล่งที่อยู่อาศัยของปรสิตเหล่านั้น (ความจำเพาะต่อตัวให้อาศัย) และวัฏจักรชีวิตในธรรมชาติที่ใช้อธิบายความสัมพันธ์ระหว่างปรสิตและตัวให้อาศัย และระดับความแปรผันของขนาดแต่ละช่วงของสภาพภูมิศาสตร์ หรืออัตราการลดลงของระยะห่างทางสังคมปรสิตที่คล้ายคลึงกัน (Krasnov *et al.*, 2005; Poulin *et al.*, 2011)

การแพร่กระจายของปรสิต avian blood parasite โดยการติดเชื้อในตัวให้อาศัยชนิดใหม่ที่อยู่ภายในวงศ์เดียวกัน สามารถตรวจสอบการแพร่กระจายและความจำเพาะต่อนกตัวให้อาศัยจากการใช้ลำดับสารพันธุกรรมและหาความสัมพันธ์จากระยะห่างเฉลี่ยของลำดับสารพันธุกรรม โดย

Haemoproteus 2 ชนิดหลัก ต่างสายสัมพันธ์ (จำแนกโดย maximum likelihood phylogeny) จากตัวให้อาศัยวงศ์เดียวกันเกือบไม่แตกต่างกัน โดยระยะห่างเฉลี่ยของลำดับสารพันธุกรรมเท่ากับ 0 ($n=12$, $P\text{-value}=0.001$) และ 0.014 ($n=11$, $P\text{-value}<0.001$) ตามลำดับ ค่าความจำเพาะต่อตัวให้อาศัย ขึ้นกับระยะห่างเฉลี่ยของลำดับสารพันธุกรรม เท่ากับ 0.029 และ 0.007 โดย logistic regression และเป็นข้อมูลสนับสนุน ความจำเพาะต่อวงศ์ของตัวให้อาศัยในปรสิต *Haemoproteus* อย่างไรก็ดีตามระดับความจำเพาะต่อตัวให้อาศัยอาจเกิดแปรผันในหมู่ปรสิต haemosporidian ทำให้ช่วงกว้างของตัวให้อาศัยในธรรมชาติ ทำให้คุณลักษณะทางอนุกรมวิธานภายในระบบการจัดหมวดหมู่ของปรสิตเหล่านี้ขาดความเชื่อมั่นได้ ข้อมูลจากลำดับสารพันธุกรรมบางส่วนของ cytochrome b gene ใช้ศึกษาความจำเพาะต่อตัวให้อาศัยตามธรรมชาติของทั้ง *Haemoproteus* และ *Plasmodium* ในพื้นที่เฉพาะ พบหลายสายสัมพันธ์ของปรสิตสามารถติดเชื่อได้ในนก passeriform แต่ต่างวงศ์กัน ปรสิตบางชนิดมีความจำเพาะน้อย เช่น *Haemoproteus major* ซึ่งพบว่ามีแนวโน้มทางด้านพันธุกรรมต่อการมีตัวให้อาศัยที่มีช่วงกว้าง นอกจากนี้ความเกี่ยวข้องของสายสัมพันธ์ของ *Haemoproteus* และ *Leucocytozoon* จากตัวให้อาศัยวงศ์เดียวกัน ต่างจาก *Plasmodium* ที่มีความจำเพาะต่อนกตัวให้อาศัยน้อยกว่า เป็นเหตุของความชุกของการติดเชื่อปรสิตที่เพิ่มมากขึ้นตามความจำเพาะต่อวงศ์ของนกตัวให้อาศัย (Beadell *et al.*, 2004; Krizanaskiene *et al.*, 2006; Silva-Iturriza *et al.*, 2012)

การพิจารณาความจำเพาะต่อตัวให้อาศัยสามารถใช้คุณลักษณะของการปรับตัว หรือพัฒนาจากนิเวศวิทยาของเชื้อก่อโรคที่มีความเกี่ยวพันกันของสายวิวัฒนาการ ตัวให้อาศัยที่มีศักยภาพต่อการติดเชื่อทำให้เกิดการติดเชื่อแบบทั่วไป ส่วนการติดเชื่อซ้ำภายในตัวให้อาศัยชนิดใดชนิดหนึ่งทำให้เกิดการติดเชื่อแบบจำเพาะ และความจำเพาะต่อตัวให้อาศัยนี้พัฒนาเป็น ดัชนีความจำเพาะต่อตัวให้อาศัยเพื่อแยกสายสัมพันธ์ของปรสิตภายในกลุ่ม จากการจับคู่ (matching) สายสัมพันธ์ ปรสิตถูกแบ่งออกเป็นกลุ่มย่อย (clade) ภายในสายวิวัฒนาการของทั้ง *Haemoproteus* และ *Plasmodium* แบ่งสายสัมพันธ์ที่สามารถเข้าคู่กับปรสิตที่มีรายงานสายสัมพันธ์อยู่แล้วออกตามชนิดของปรสิต สายสัมพันธ์ของปรสิต *Plasmodium* พบการติดเชื่อในช่วงกว้าง พบการติดเชื่อในนกตัวให้อาศัยหลากหลายวงศ์เป็นการติดเชื่อได้อย่างทั่วไป หรือแสดงสมบัติแนวโน้มการติดเชื่อที่อุดมด้วยตัวให้อาศัยและเป็นตัวให้อาศัยต่างชนิดกัน แต่สายสัมพันธ์ของ *Haemoproteus* โดยทั่วไปมีความจำเพาะต่อ 1 หรือ 2 ชนิด หรือวงศ์ของตัวให้อาศัย และแสดงถึงความภักดีต่อตัวให้อาศัยมากกว่า *Plasmodium* คุณลักษณะของความจำเพาะต่อตัวให้อาศัยนี้ยังสามารถแสดงออกต่อการมีอิทธิพลต่อ

ค่าความชุกของการติดเชื้อในนกตัวให้อาศัยชนิดหนึ่งๆ และยังส่งผลต่อรูปแบบของการติดเชื้อระดับสังคมของนกตัวให้อาศัยด้วย บางครั้งความจำเพาะต่อการติดเชื้อเกิดจากความสัมพันธ์ระหว่างชนิดสิ่งมีชีวิต โดยการค้นหาแหล่งทรัพยากรแบบความจำเพาะต่อแหล่งอาศัย และใช้เวลานานกว่าแบบทั่วไป ความจำเพาะต่อตัวให้อาศัยจึงขึ้นกับระยะเวลาหนึ่งของการแพร่กระจาย (time-limited disperser model) เป็นการคาดการณ์เกี่ยวกับสัตว์ที่สามารถค้นหาแหล่งทรัพยากรเป็นเวลานานถือว่ามีความจำเพาะ ขณะที่สัตว์ที่การค้นหาทรัพยากรมีเวลาที่จำกัดถือว่าเป็นลักษณะทั่วไป ความสัมพันธ์ระหว่างความกว้างของแหล่งที่อยู่อาศัยของแมลงแต่ละชนิด กับคุณลักษณะการดำรงชีวิต (ขนาดของแหล่งอาศัยประจำถิ่น, การต่อต้านต่อความกดดันทางกายภาพ, ความเร็วในการเคลื่อนย้าย และระยะเวลาในแหล่งอาศัย) ภายใต้ระยะเวลาค้นหาที่กำหนด (ชุดควบคุม) ซึ่งแหล่งอาศัยที่มีความจำเพาะ มีระยะเวลาในแหล่งอาศัยนั้นยาวนาน ใช้เวลาในการดำรงชีวิตเป็นส่วนใหญ่ และสามารถเคลื่อนไหวได้เร็วกว่า แหล่งอาศัยแบบทั่วไป แต่ความจำเพาะต่อแหล่งอาศัยนี้ ต้องไม่พบระหว่างช่วงภาวะวิกฤติ (การทนต่อแรงกดดันทางกายภาพ) นอกจากนี้การพิจารณาความจำเพาะต่อตัวให้อาศัยสามารถใช้ความอุดมสมบูรณ์ การครอบครองแหล่งอาศัยเป็นแนวทางในการศึกษา จากการวิเคราะห์คุณลักษณะทางชีวภาพภายในความกว้างของแหล่งที่อยู่อาศัยที่แตกต่างกัน และความอุดมสมบูรณ์ ร่วมกับการครอบครองพื้นที่ในแต่ละชนิด โดยที่ความแตกต่างระหว่างแหล่งอาศัยที่จำเพาะ และแหล่งอาศัยทั่วไป จากการวิเคราะห์สมรูปสถิติ (goodness of fit) ของความสัมพันธ์ของความอุดมสมบูรณ์ การครอบครองพื้นที่ บ่อยครั้งการแพร่กระจายภายในพื้นที่ครอบครองเป็นรูปแบบ bimodal ในแหล่งอาศัยแบบทั่วไปมักพบ ผู้ติดตาม (satellite species) ที่อาศัยร่วมกับ ผู้อาศัยหลัก (core species) แหล่งอาศัยแบบทั่วไป ปรากฏการแพร่กระจายอย่างกว้างขวาง แต่มีความอุดมสมบูรณ์น้อยกว่า แหล่งอาศัยแบบจำเพาะ แต่แหล่งอาศัยแบบจำเพาะมีหลายชนิดที่ใช้เวลาในวัฏจักรชีวิตร่วมกันได้ ความสามารถในการแพร่กระจาย (dispersal capacity) ต่ำ มักเป็นพื้นที่ที่เฉพาะ แต่แหล่งอาศัยแบบทั่วไป เป็นแหล่งใช้ชีวิตที่ยาวนานของหลายชนิดในระยะตัวเต็มวัย การสืบพันธุ์มีการแพร่กระจายตามช่วงเวลา และพบการแพร่กระจายอย่างมาก มักไม่สามารถคาดเดาแหล่งอาศัยนี้ได้ นั่นคือ แหล่งอาศัยที่จำเพาะมีบทบาทระหว่าง ความต่างของแหล่งอาศัย (แหล่งอาหาร การใช้พื้นที่แหล่งอาศัย) และที่สำคัญมีการแพร่กระจายแบบไม่ต่อเนื่อง (spatial distribution) ตามภาวะสิ่งแวดล้อมทำให้เกิดการแข่งขัน การกระจัด และความแตกต่างของชนิดที่ประสบความสำเร็จ แต่แหล่งอาศัยแบบทั่วไป มีความแตกต่างของโคโลนี และอัตราการสูญพันธุ์ระหว่างชนิดล้วนแล้วแต่มีความสำคัญต่อการพิจารณาความจำเพาะ บางครั้งความหลากหลาย

และการแลกเปลี่ยนการติดเชื้อปรสิต ทั้ง *Haemoproteus* และ *Plasmodium* ในบริเวณที่เชื่อมต่อกัน และนกตัวให้อาศัยมีลักษณะคล้ายคลึงกัน สามารถแพร่กระจายในพื้นที่เดียวกัน เกี่ยวข้องกับการเพิ่มปริมาณของ DNA บนสาย Cyt. B gene เพื่อการแบกรับต่อความหลากหลายของปรสิตที่มีมากขึ้น ค่าความชุกที่เพิ่มมากขึ้นของนกตัวให้อาศัยที่คล้ายคลึงกัน เกิดจากการติดเชื้อปรสิต *Haemoproteus* ที่มีสายสัมพันธ์ร่วมกัน (sister lineage) การพบการติดเชื้อข้าม (cross-species infection) ในบริเวณเดียวกัน แต่การแพร่กระจายของปรสิตไม่เท่าเทียมกัน หรือเมื่อนกตัวให้อาศัยเพิ่มหลากหลายมากขึ้น แล้วค่าความชุกของการติดเชื้อปรสิตลดลงตามลำดับ นั่นคือ ชนิดของนกตัวให้อาศัยมีบทบาทสำคัญต่อการติดเชื้อปรสิต (barrier) ในบริเวณที่เชื่อมต่อกัน หรือเป็นตัวจำกัดการแพร่กระจายของปรสิต แม้การเปลี่ยนนกตัวให้อาศัยสามารถเกิดขึ้นได้ และเป็นข้อมูลสนับสนุนแนวคิดการแข่งขันการติดเชื้อของปรสิต และเป็นเหตุของการเปลี่ยนนกตัวให้อาศัยที่บริเวณที่เชื่อมต่อกัน เป็นบทบาทของภาวะปรสิต (parasitism) ที่มีการแลกเปลี่ยนนกตัวให้อาศัยในบริเวณที่เชื่อมต่อกัน (Prinzing, 2003; Reullier *et al.*, 2006; Verberk *et al.*, 2010; Okanga *et al.*, 2014)

เมื่อพิจารณาเฉพาะประชากรนกประจำถิ่นที่มีการติดเชื้อปรสิตสกุล *Plasmodium* และ *Haemoproteus* พบการติดเชื้อในตัวให้อาศัยเฉพาะกลุ่มตัวให้อาศัยมากกว่าปรสิตสกุล *Trypanosoma* ที่สามารถติดเชื้อได้ในนกถึงสามชนิด ขณะที่ประชากรของนกอพยพที่ติดเชื้อ *Plasmodium* และ *Haemoproteus* สามารถติดเชื้อในตัวให้อาศัยน้อยชนิด ต่างจากการติดเชื้อของปรสิตหนอนพยาธิตัวกลม *microfilaria* ที่สามารถติดเชื้อได้ในตัวให้อาศัยได้หลากหลายชนิด จะเห็นได้ว่าความกว้างของแหล่งอาศัยสามารถเกิดความผันแปรได้จากลักษณะสภาพแวดล้อมที่ต่างกัน และมีความเกี่ยวข้องกับปัจจัยทางกายภาพที่มีความสัมพันธ์กันวัฏจักรชีวิตของปรสิต ส่งผลต่อความอุดมสมบูรณ์ การแพร่กระจาย และความจำเพาะต่อการติดเชื้อของปรสิต ปัจจัยที่ส่งผลต่อความแปรปรวนของความกว้างของแหล่งที่อยู่อาศัยของปรสิตเกิดได้จากการตอบสนองต่ออุณหภูมิต่อการติดเชื้อปรสิต nematodes (*H. aoronymphium*) ที่ความเกี่ยวข้องกับการรอดชีวิต และการฟักไข่ของแมลงหวี่กินเห็ด (mycophagous drosophila) ค่าความชุกของการติดเชื้อสูงขึ้นหลังจากฝนตกในฤดูร้อน และในรอบปีหนึ่งจะไม่พบการติดเชื้อช่วงฤดูฝน แต่หลังจากนั้นค่าความชุกของการติดเชื้อจึงสูงขึ้น การวิเคราะห์ทางภูมิศาสตร์ของความสัมพันธ์ระหว่างความอุดมสมบูรณ์ของแมลงหวี่ต่างชนิดที่เหมาะสมต่อแหล่งอาหารของตัวอ่อน นอกจากนั้นแหล่งอาศัยในเขตภูมิอากาศร้อน (trophic)

ของกบ (Anura :Leptodactylidae) ซึ่งเป็นกบผู้ล่ามีเหยื่อมากถึง 17 ชนิด โดยเฉพาะแมลงจำพวกด้วง (coleopterans) ที่พบการติดเชื้อปรสิตสูงถึง 20 ชนิด 4 กลุ่ม (trematodes, cestodes, nematodes และ acanthocephalan) ภายในอวัยวะภายในต่างๆ จนถึงได้ว่ากบชนิดนี้คือ ความกว้างของแหล่งที่อยู่อาศัยของกลุ่มสัตว์ปรสิตชนิดต่างๆ นี้ ดังนั้นการติดเชื้อปรสิตในแมลงหมี และในกบผู้ล่า มีความเกี่ยวข้องกับปัจจัยทางกายภาพ คือ อุณหภูมิ ที่มีผลต่อความอุดมด้วยตัวให้อาศัยทั้งชนิดของแมลงหมี และเหยื่อของกบผู้ล่าซึ่งทั้งสองปัจจัยมีความสำคัญต่อค่าความกว้างของแหล่งที่อยู่อาศัยของปรสิตที่พบการติดเชื้อได้ทั้งแมลงหมีและกบผู้ล่า (Jaenike and Perlman, 2002; Schaefer *et al.*, 2006)

ในส่วนของการวัดความอุดมสมบูรณ์ และความกว้างของแหล่งอาศัย ทั้งความจำเพาะต่อตัวให้อาศัยที่สามารถติดเชื้อเข้ากับตัวให้อาศัยต่างประชากรภายในตัวให้อาศัยชนิดเดียวกัน แต่อาจเป็นแรงกดดันจากอิทธิพลภายนอกขึ้นกับกลุ่มของปรสิตบางชนิด ในกลุ่มปรสิต gamasid mites พบบนสัตว์เลี้ยงลูกด้วยนมขนาดเล็ก จากสภาพภูมิศาสตร์ที่ต่างกัน 26 แห่ง การทดสอบความอุดมสมบูรณ์ และความจำเพาะต่อตัวให้อาศัย ที่วัดได้จากจำนวนของชนิดตัวให้อาศัยความเหมือนอย่างมีนัยสำคัญของประชากรของไรชนิดเดียวกัน มากกว่าไรต่างชนิดกัน การจำแนกชนิดของตัวให้อาศัยอ้างอิงจากชนิดของไร ที่สามารถติดเชื้อเข้าไปในประชากรของไรชนิดเดียวกัน ชนิดของตัวให้อาศัยจะใช้ทั้งสามค่าดัชนี คือ ความอุดมสมบูรณ์ จำนวนชนิดตัวให้อาศัย และความชัดเจนทางด้านการจัดจำแนก ใช้ค่าความแปรปรวนร่วม เป็นองค์ประกอบภายในปัจจัยทางสิ่งแวดล้อมหนึ่งหรือหลายปัจจัย เช่น การรวมกลุ่มตัวให้อาศัยในพื้นที่ธรรมชาติ อุณหภูมิ และ precipitation ผ่านทางพื้นที่ภูมิศาสตร์ ไม่มีรูปแบบที่สามารถเป็นตัวแทนของไรต่างชนิดได้ จะเห็นได้ว่ารูปแบบไม่ต่อเนื่องที่พบได้ทั่วไปของความอุดมสมบูรณ์ และความจำเพาะต่อตัวให้อาศัยของปรสิต สามารถนำมาใช้ในการจำแนกชนิดของตัวให้อาศัยได้ (Korallo-Vinarskaya *et al.*, 2009)

ความกว้างของแหล่งที่อยู่อาศัยในแง่มุมของการแพร่กระจายปรสิต haemosporidian จากการติดเชื้อในตัวให้อาศัยต่างชนิด เป็นข้อมูลที่มีความเกี่ยวข้องต่อความจำเพาะของการติดเชื้อของปรสิตที่เกิดจากการมีวิวัฒนาการร่วมกันจากหลักฐานเชิงเปรียบเทียบลำดับสารพันธุกรรม ความจำเพาะต่อการใช้ทรัพยากรที่เหมาะสมต่อการดำรงชีวิตทำให้สามารถพบได้ในพื้นที่เฉพาะ แต่ความกว้างของแหล่งที่อยู่อาศัยอาจเกิดการแปรผันได้ จากปัจจัยทางกายภาพที่มีความเกี่ยวข้อง

กับวัฏจักรชีวิตขั้นตอนใดขั้นตอนหนึ่ง จนทำให้ขนาดของความกว้างของแหล่งที่อยู่อาศัยเปลี่ยนแปลงไป และอาจส่งผลกระทบต่อแหล่งอาศัยชนิดใหม่นั้น แต่ความกว้างของแหล่งที่อยู่อาศัยสามารถนำมาใช้เพื่อระบุชนิดของตัวให้อาศัยที่มีความจำเพาะต่อปรสิตได้ โดยอาศัยข้อมูลเกี่ยวกับการแพร่กระจายของปรสิตประกอบการพิจารณา

4. การศึกษาการติดเชื้อไวรัสไข้สมองอักเสบจากนกตัวให้อาศัยในเขตพื้นที่บึงบอระเพ็ด

การติดเชื้อไวรัสไข้สมองอักเสบชนิดแฉะปนนิชในนกธรรมชาติในพื้นที่เขตบึงบอระเพ็ด พบนกที่มีภูมิคุ้มกันต่อเชื้อไวรัสไข้สมองอักเสบชนิดแฉะปนนิชเพียง 1 ตัวเท่านั้น คิดเป็นค่าความชุกของการติดเชื้อไวรัสไข้สมองอักเสบชนิดแฉะปนนิชเป็นร้อยละ 0.2 เท่านั้น จากลักษณะภูมิประเทศของพื้นที่บึงบอระเพ็ดเป็นพื้นที่ชุ่มน้ำเหมาะสมต่อการแพร่พันธุ์ของแมลงพาหะ ประกอบกับเป็นพื้นที่อนุรักษ์จึงเป็นแหล่งที่อยู่อาศัยทั้งนกประจำถิ่นและนกอพยพ โดยเฉพาะนกน้ำในวงศ์ Ardeidae นับว่าเป็นแหล่งรังโรค (Rodrigues *et al.*, 1981; Jamgaonkar *et al.*, 2003) แม้การศึกษาในครั้งนี้ นกยางไฟหัวดำ (*I. sinensis*) และนกยางไฟธรรมดา (*I. cinnamomeus*) ไม่พบการติดเชื้อไวรัสไข้สมองอักเสบชนิดแฉะปนนิชนี้ แต่โดยทั่วไปแหล่งแพร่ระบาดของเชื้อไวรัสไข้สมองอักเสบนี้มักมีความสัมพันธ์กับการเลี้ยงสุกรที่มีบทบาทเป็นแหล่งเพิ่มปริมาณ (amplifying host) ของเชื้อไวรัสนี้ (Gingrich *et al.*, 1987; Nemeth *et al.*, 2010) ซึ่งไม่พบแหล่งเลี้ยงสุกรอยู่ใกล้เคียงแหล่งที่อยู่อาศัยของนกหรือแหล่งรังโรค ส่วนแมลงพาหะของเชื้อไวรัสไข้สมองอักเสบมีหลากหลายชนิด โดยเฉพาะ *Culex gelidus* และ *C. tritaeniorhynchus* ที่เป็นพาหะสำคัญ (competence vector) ส่วน *C. gelidus*, *C. fuscocephala*, และ *C. annulirostris* เป็นพาหะที่มีความสำคัญรองลงมา นอกจากนี้ยังมีปัจจัยอื่นๆ ทั้งอุณหภูมิ ความชื้น ปริมาณน้ำฝนที่มีผลต่อความอยู่รอดของแมลงพาหะด้วย (van den Hurk *et al.*, 2009; Misra and Kalita, 2010; Tiawsirisup and Nuchprayoon, 2010) ค่าความชุกของการติดเชื้อไวรัสไข้สมองแฉะปนนิชครั้งนี้ พบการติดเชื้อใน Sturnidae และนกในสกุลนี้ (*Sturnus vulgaris*; European starling) ยังถูกจัดให้เป็นแหล่งรังโรคที่สำคัญ (reservoir competence) ในธรรมชาติของเชื้อไวรัสไข้สมองอักเสบชนิดอีสเทอร์นอีไควน (eastern equine encephalitis) (Komar *et al.*, 1999) แต่การติดเชื้อไวรัสไข้สมองอักเสบแฉะปนนิชนี้มีรายงานในนกป่าหลายชนิด เช่นเดียวกับการติดเชื้อในนกสกุล *Anas* และนกในกลุ่ม American passerine (Yang *et al.*, 2011; Nemeth *et al.*, 2012a) อย่างไรก็ตามการติดเชื้อไวรัสไข้สมองอักเสบเป็นอิสระจากชนิดของนกตัว

ให้อาศัย หรือการติดเชื้อไวรัสไข้สมองอักเสบแฉะแปนนิชไม่มีความจำเพาะต่อชนิดของนกตัวให้อาศัย แม้จะพบภูมิคุ้มกันต่อการติดเชื้อไวรัสไข้สมองอักเสบนี้ แต่ผลของการติดเชื้อยังคงมีการสร้างภูมิคุ้มกันได้นาน (Hasegawa *et al.*, 1975) การพบการติดเชื้อไวรัสไข้สมองอักเสบสามารถเกิดขึ้นในสถานะที่เหมาะสมเท่านั้น และต้องอาศัยนกตัวให้อาศัยแหล่งรังโรคและแมลงพาหะที่สำคัญ จึงสามารถเกิดการระบาดในสัตว์ ตลอดจนส่งผลกระทบต่อสาธารณสุขมนุษย์ได้

5. การศึกษาความสัมพันธ์ของการติดเชื้อปรสิตโปรโตซัวในเลือดของนกตัวให้อาศัย และการติดเชื้อไวรัสไข้สมองอักเสบในเขตพื้นที่บึงบอระเพ็ด

การศึกษาความสัมพันธ์ระหว่างการติดเชื้อไวรัสไข้สมองอักเสบไข้สมองอักเสบชนิดแฉะแปนนิชและการติดเชื้อปรสิตโปรโตซัวในเลือดแต่ละสกุล คือ *Haemoproteus Plasmodium Trypanosoma* และปรสิตหนอนตัวกลม *Microfilaria* ซึ่งการศึกษาครั้งนี้ไม่พบนกตัวให้อาศัยที่มีการติดเชื้อร่วมกันของเชื้อทั้งสองกลุ่มนี้ และจากการวิเคราะห์ข้อมูลการติดเชื้อทั้งสองพบว่า การติดเชื้อไวรัสไข้สมองอักเสบชนิดแฉะแปนนิชเป็นอิสระจากการติดเชื้อปรสิตแต่ละสกุล ทั้งในระดับประชากรนกทั้งหมดที่เป็นตัวอย่างในการศึกษานี้ ระดับวงศ์ (Family Sturnidae) และชนิดของนกตัวให้อาศัย (*Sturnus contra*) ที่พบการติดเชื้อไวรัสไข้สมองอักเสบนี้ แม้จะพบการติดเชื้อปรสิตทั้ง *Plasmodium Trypanosoma* และปรสิตภายนอกก็ตาม อย่างไรก็ตามความสัมพันธ์ของเชื้อต่างชนิดที่มีความใกล้ชิดกันภายในกลุ่ม Flavivirus ด้วยกัน สัตว์หรือมนุษย์ที่ติดเชื้อไวรัสไข้สมองอักเสบแฉะแปนนิช (JEV) สามารถต่อต้านการเกิดไข้สมองอักเสบหรือการป่วยตายที่เกิดจากการรับเชื้อไวรัสไข้สมองอักเสบเวสต์ไนล์ (WNV) และภูมิคุ้มกันไม่สามารถบอกความแตกต่างระหว่างการติดเชื้อทั้งสองได้ (Tesh *et al.*, 2002; Paramasivan *et al.*, 2003b) การตรวจวินิจฉัยการติดเชื้อในตัวให้อาศัยในธรรมชาติทั้งในนกยางและนกกระสา (ardeid bird) grey partridge และ quail มีบทบาทในการเก็บกัก (maintenance) เชื้อไวรัสทั้งสองชนิด แม้การติดเชื้อ WNV พบได้เป็นครั้งคราวในนกประจำถิ่นแต่พบได้น้อยมากในนกอพยพ ทำให้การระบาดของเชื้อเป็นการอุบัติซ้ำ (re-emerging) เฉพาะพื้นที่ ปัจจัยที่สนับสนุนการอุบัติซ้ำอาจเนื่องจากมีแมลงพาหะหลายชนิดที่มีความสำคัญ (potential) ต่อการแพร่เชื้อ (Jamgaonkar *et al.*, 2003; Paramasivan *et al.*, 2003b; Mishra *et al.*, 2012) การจำแนกเชื้อก่อโรคทั้งสองสามารถตรวจวินิจฉัยด้านอนุชีววิทยาอาศัยการออกแบบชุด primers ที่สร้างสายสารพันธุกรรมที่มีความยาวแตกต่างกัน (Shirato *et al.*, 2005)

6. การศึกษาความสัมพันธ์ระหว่างการติดเชื้อปรสิตโปรโตซัวในเลือดและการติดเชื้อปรสิตภายนอกในเขตพื้นที่บึงบอระเพ็ด

การศึกษาปัจจัยที่อาจมีผลต่อการติดเชื้อปรสิตโปรโตซัวในเลือดทั้งปัจจัยภายนอกที่ส่งผลกระทบต่อนกตัวให้อาศัยโดยตรง และปัจจัยภายในที่เกี่ยวข้องกับพฤติกรรมหรือสถานภาพการอพยพที่มีผลต่อสภาพร่างกายของนกตัวให้อาศัยที่ต้องปรับตัวกับสภาพแวดล้อมใหม่ และการสูญเสียพลังงานจากการเดินทางระยะไกลจนเป็นเหตุเกิดการติดเชื้อในทางอ้อม จึงกำหนดให้ปัจจัยข้างต้นเป็นปัจจัยที่ส่งเสริมให้เกิดการติดเชื้อหรือ ปัจจัยเสี่ยง (risk factor) ต่อการติดเชื้อปรสิต โดยที่ปัจจัยภายนอกที่นำมาพิจารณาคือ การติดเชื้อปรสิตภายนอก (Ectoparasite) มีบทบาทในการเป็นทั้งพาหะนำเชื้อปรสิตชนิดอื่นและอาจรวมทั้งปรสิตโปรโตซัวในเลือดด้วย (Mullens *et al.*, 2006) และยังส่งผลต่อนกตัวให้อาศัยในแง่ของความสัมพันธ์ระหว่างสิ่งมีชีวิตและสิ่งมีชีวิต ซึ่งผู้ที่เสียประโยชน์คือนกตัวให้อาศัยจะต้องปรับเปลี่ยนสภาพแวดล้อมจากการแพร่กระจายตามความเครียดจากปรสิตภายนอกและการแข่งขันกับนกต่างชนิด (Malenke *et al.*, 2011) ดังนั้นการติดเชื้อปรสิตภายนอกจึงจัดให้เป็นปัจจัยเสี่ยงภายนอก ส่วนปัจจัยภายในตัวให้อาศัยพิจารณาจากสถานภาพการอพยพของนกตัวให้อาศัย (Krkosek *et al.*, 2007) ในการศึกษาครั้งนี้

การติดเชื้อปรสิตโปรโตซัวในเลือดแต่ละสกุลและปรสิตภายนอกบนนกตัวให้อาศัยที่ติดเชื้อร่วมกันแบ่งตามสกุลของปรสิตโปรโตซัวในเลือดแต่ละสกุล *Haemoproteus Plasmodium* และปรสิตหนอนตัวกลม *microfilaria* จำนวน 32, 3 และ 1 ตัว ตามลำดับ นกตัวให้อาศัยที่ติดเชื้อ *Trypanosoma* ไม่พบการติดเชื้อร่วมกับปรสิตภายนอก การศึกษาความสัมพันธ์ของการติดเชื้อปรสิตภายนอกต่อการติดเชื้อ *Haemoproteus* ให้ผลในทางบวก พบว่านกตัวให้อาศัยที่ติดเชื้อปรสิตภายนอกมีความเสี่ยงต่อการติดเชื้อปรสิตสกุล *Haemoproteus* คิดเป็นสัดส่วน 1.76 เท่า ($PR=1.76\pm0.15$) และอัตราอุบัติการณ์ (incidence rate หรือ odd ratio) ในนกที่ติดเชื้อปรสิตภายนอกมีค่ามากกว่านกที่ไม่ติดเชื้อ 2.37 เท่า ($OR=2.37\pm0.25$) ในขณะที่การติดเชื้อปรสิตภายนอกต่อการติดเชื้อ *Plasmodium* ให้ผลในทางลบ โดยที่นกตัวให้อาศัยที่ติดเชื้อปรสิตภายนอกแล้วติดเชื้อปรสิตสกุล *Plasmodium* เพียง 0.68 เท่าของนกที่ไม่ติดเชื้อปรสิตภายนอกเท่านั้น และพบอัตราอุบัติการณ์มีค่าเท่ากับ 0.61 แสดงว่านกที่ติดเชื้อปรสิตภายนอกอาจมีปัจจัยบางอย่างที่ต่อต้านการติดเชื้อปรสิตสกุล *Plasmodium* ด้วย เช่นเดียวกับการติดเชื้อปรสิต *P. lophurae* ในนกเอี้ยงต่าง แต่ในการติดเชื้อ

ปรสิต *P. elongatum* ในนกยางไฟห้วดำ การติดเชื้อปรสิตภายนอกเป็นปัจจัยที่มีผลทางด้านบวก โดยที่นกยางไฟห้วดำที่ติดเชื้อปรสิตภายนอกมีอัตราความชุกของการติดเชื้อ *P. elongatum* เป็น 4.60 เท่าของนกตัวให้อาศัยที่ติดเชื้อปรสิต และอัตราอุบัติการณ์สูงถึง 5.50 เท่าของนกที่ไม่ติดเชื้อ ปรสิตภายนอกเป็นปัจจัยที่ส่งเสริมการติดเชื้อ *P. elongatum* แม้การติดเชื้อปรสิตภายนอกเป็นอิสระจากการติดเชื้อปรสิตในสกุล *Plasmodium* ก็ตาม เช่นเดียวกับการทดสอบการติดเชื้อปรสิตต่อการติดเชื้อปรสิตหนอนตัวกลม *microfilaria* ที่ค่าอัตราความชุกของการติดเชื้อปรสิตเป็นในทางลบ เช่นเดียวกับ *P. lophurae* (PR=0.87) และอัตราอุบัติการณ์ของปรสิตหนอนตัวกลม *microfilaria* เพียง 0.73 เท่านั้น แม้การติดเชื้อปรสิตสกุล *Haemoproteus Plasmodium* และปรสิตหนอนตัวกลม *microfilaria* เป็นอิสระจากการติดเชื้อปรสิตภายนอก แต่อาจเป็นการบ่งชี้ถึงประวัติการดำรงชีวิต (life history) ของนกแต่ละตัว หรือพฤติกรรมทางด้านสังคมต่อการติดเชื้อปรสิตภายนอกกลุ่มเหา (lice หรือ louse) และเห็บ (mites) ซึ่งการติดเชื้อสามารถเกิดได้ทั้ง การติดเชื้อสายตรง (vertical transmission) และการติดเชื้อระหว่างตัวให้อาศัยชนิดเดียวกัน (horizontal transmission) การติดเชื้อต่างลักษณะกันนี้ก่อผลกระทบต่อตัวให้อาศัยแตกต่างกัน การติดเชื้อปรสิตภายนอกแบบสายตรงมักส่งผลต่อตัวให้อาศัยตัวใหม่จะไม่รุนแรงเท่าการติดเชื้อระหว่างตัวให้อาศัยชนิดเดียวกัน หรือ อยู่ภาวะความเหมาะสมของตัวให้อาศัย (host fitness) ซึ่งการติดเชื้อปรสิตภายนอก แม้จะไม่ส่งผลต่อปัจจัยทางกายภาพต่อตัวนกตัวให้อาศัย แต่สามารถเกิดผลกระทบต่อคุณสมบัติของเม็ดเลือดแดง (red blood cell indices; RBC indices) ทั้งความเข้มข้นของเซลล์เม็ดเลือดแดง haemoglobin และ haematocrit ที่ทำให้ความอยู่รอดของตัวให้อาศัยลดลง ตลอดจนส่งผลกระทบต่อประชากรของนกตัวให้อาศัยในช่วงการเปลี่ยนฤดูกาล หรือความหนาแน่นที่เพิ่มมากขึ้นของนกตัวให้อาศัย อาจกล่าวได้ว่า การติดเชื้อปรสิตภายนอกทำให้ภาวะความเหมาะสมของตัวให้อาศัยเปลี่ยนแปลงไปจนทำให้เกิดการติดเชื้อซ้ำ (secondary infection) ดังนั้นการติดเชื้อปรสิตภายนอกเป็นปัจจัยที่มีความเสี่ยงต่อการติดเชื้ออื่นๆ รวมทั้งการติดเชื้อปรสิตโปรโตซัวในเม็ดเลือดด้วย จากอัตราการติดเชื้อ *Haemoproteus* ทั้ง *H. payevski* และ *H. orizivora* ของนกตัวให้อาศัยที่ติดเชื้อปรสิตภายนอกเป็น 1.76 เท่าของนกตัวให้อาศัยที่ไม่ติดเชื้อภายนอก แต่เด่นชัดมากระหว่างการติดเชื้อปรสิตภายนอกของนกตัวให้อาศัยต่อเชื้อ *Plasmodium elongatum* ที่มีอัตราการติดเชื้อมากกว่าถึง 4.60 เท่า (Lehmann, 1992; Clayton and Tompkins, 1994; Brooke Mde, 2010)

อย่างไรก็ตามการติดเชื้อปรสิตภายนอกอาจส่งผลในทางลบต่อการติดเชื้อปรสิตโปรโตซัวในเม็ดเลือด แม้การต่อต้านการติดเชื้อจะไม่ชัดเจนดังข้อมูลอัตราการติดเชื้อ *P. lophurae* และ ปรสิตหนอนตัวกลม *microfilaria* อาจเกิดเนื่องจาก ความเหมาะสมของสภาวะปรสิต (parasite fitness) เป็นกลไกการควบคุมการติดเชื้อของตัวให้อาศัยผ่านทางองค์ประกอบของสิ่งที่ปรสิตต้องการ คือ แหล่งของสารอาหาร และการตอบสนองทางภูมิคุ้มกันของตัวให้อาศัย ความเหมาะสมของการติดเชื้อปรสิตมีประสิทธิภาพสูงสุดเมื่อปัจจัยทั้งสองมีความสมดุลกัน การอยู่รอดของปรสิตขึ้นกับคุณภาพของร่างกายของตัวให้อาศัย (body condition) หากตัวให้อาศัยที่มีคุณภาพของร่างกายไม่เหมาะสมจนทำให้ประสิทธิภาพของระบบภูมิคุ้มกันลดลง สภาวะปรสิตอาจเป็นสัญญาณเตือนเนื่องจากแหล่งสารอาหารไม่เพียงพอในร่างกายที่มีคุณภาพไม่เหมาะสม ทำให้ภูมิคุ้มกันของตัวให้อาศัยนำมาใช้ในการประเมินปฏิกริยาระหว่างตัวให้อาศัยและปรสิต (host-parasite interaction) การตอบสนองทางภูมิคุ้มกันของปรสิตจึงถือเป็นคุณค่าของความเหมาะสมต่อตัวให้อาศัย (host fitness costs) การต่อต้านการติดเชื้อผ่านทางกลไกของการอักเสบ การพัฒนาการซ่อมแซมเนื้อเยื่อ การสืบพันธุ์ และการอยู่รอด ความหลากหลายของพันธุกรรมที่เกี่ยวข้องกับภูมิคุ้มกันมีอิทธิพลต่อการตอบสนองโดยการอักเสบที่ส่งผลต่อการกักกิน (infestation) นกตัวให้อาศัย ความมากน้อยของกลไกการอักเสบเป็นพีไรไทป์ของ major histocompatibility complex (MHC) โดยเฉพาะปรสิตภายนอกพวกไร (mite) ที่ส่งผลต่อการอักเสบของเนื้อเยื่อบริเวณผิวหนัง และทำให้จำนวนและขนาดของเซลล์ที่ผิวหนังเพิ่มมากขึ้น รวมทั้งทำให้เซลล์เม็ดเลือดขาว (leukocyte) เข้ามาและกระตุ้นให้หลั่งสารคัดหลั่งบริเวณที่เกิดการอักเสบ ทำให้ผนังหนาขึ้นจนส่วนปาก (mouthpart) ของปรสิตตัวขาปล้องไม่สามารถดูดกินเลือดของนกตัวให้อาศัยได้ ส่งผลต่อความอยู่รอดและการสืบพันธุ์ของปรสิตภายนอก ดังนั้นการติดเชื้อปรสิตภายนอกพวกไรการตอบสนองด้วยระบบภูมิคุ้มกัน และกลไกการอักเสบของนกตัวให้อาศัย ทำให้แมลงพาหะที่เป็นปรสิตภายนอกเช่นเดียวกัน ขาดความเหมาะสมต่อการกักกิน และลดโอกาสการแพร่เชื้อปรสิตโปรโตซัวในเลือดเป็นการต้านการติดเชื้อปรสิตทางอ้อม (Bize *et al.*, 2008; Owen *et al.*, 2009)

7. การศึกษาความสัมพันธ์ระหว่างการติดเชื้อปรสิตโปรโตซัวในเลือดและสถานภาพการอพยพของนกตัวให้อาศัยในเขตพื้นที่บึงบอระเพ็ด

การศึกษาความสัมพันธ์ของสถานภาพการอพยพของนกตัวให้อาศัยต่อการติดเชื้อปรสิตโปรโตซัวในเลือด พบปรสิตโปรโตซัวในเลือดเพียงสองสกุลเท่านั้น คือ *Haemoproteus* และ *Plasmodium* ที่มีการติดเชื้อทั้งนกอพยพ และนกประจำถิ่น โดยที่การติดเชื้อปรสิตทั้งสองชนิดเป็นอิสระจากสถานะภาพของการอพยพของนกตัวให้อาศัย การติดเชื้อปรสิตต้องอาศัยปัจจัยทางนิเวศเพื่อการแพร่กระจายไปยังพื้นที่ต่างๆ ทำให้การติดเชื้อ haemosporidian นี้แสดงลักษณะเป็นแบบแผนของการติดเชื้อ (infection pattern) ตามช่วงเวลาและช่วงว่าง (time และ space) ทำให้ค่าความชุก (prevalence) ของการติดเชื้อปรสิตในนกอพยพมีค่าแตกต่างกันในแต่ละพื้นที่ในช่วงเวลาที่มี การอพยพ เช่นเดียวกับการศึกษาค่าความชุกของการติดเชื้อ *Haemoproteus belopolnyi* ในนก *Acrocephalus arundinaceus* ในช่วงฤดูใบไม้ร่วง ค่าความชุกของการติดเชื้อมีค่าแตกต่างกันในแต่ละสถานศึกษา จากการศึกษายาสัมพันธ์ (lineage) ของทั้ง *Haemoproteus* และ *Plasmodium* ที่อพยพระหว่างประเทศอินเดีย เมียนมาร์ และเกาหลีใต้ แล้วไม่พบสายสัมพันธ์ระหว่างประเทศอินเดียและเกาหลีใต้ เนื่องจากเส้นทาง (flyway) การอพยพของนกที่มาจากประเทศอินเดียและเกาหลีใต้มาจากแหล่งที่ต่างกัน การติดเชื้อข้าม (cross transmission) เกิดขึ้นน้อยมาก และค่าความชุกของการติดเชื้อยังไม่มีความสัมพันธ์กับวงศ์ของนกตัวให้อาศัยด้วย จากการเปรียบเทียบการติดเชื้อปรสิตในบริเวณพบนกตัวให้อาศัยชนิดเดียวกันและสภาพแหล่งที่อยู่อาศัยคล้ายคลึงกันค่าความชุกของการติดเชื้อ Haematozoans แตกต่างกัน นอกจากนี้ค่าความชุกของการติดเชื้อยังแตกต่างกันในแต่ละปี คล้ายกับค่าความชุกของการติดเชื้อ *H. belopolnyi* ในนก *A. schoenobaenus* ที่มีค่าลดลงจากการติดเชื้อปรสิตโปรโตซัวในเลือดชนิดอื่น (*Plasmodium* spp.) ในนกชนิดเดียวกัน ที่อาจเกิดจากสภาพแวดล้อมที่เปลี่ยนแปลงไป รวมทั้งปริมาณของแมลงพาหะชุกชุมในแหล่งที่มีเชื้อปรสิตเป็นปัจจัยทำให้ค่าความชุกแตกต่างกันระหว่างช่วงปีที่ศึกษา หรืออาจเกิดการติดเชื้อปรสิตต่างชนิดแบบผสม (mixed infection) ความสัมพันธ์ของปรสิตต่างกลุ่มนี้เป็นปฏิสัมพันธ์ในทางตรงข้ามกัน ทั้งทางตรงจากการแย่งแหล่งสารอาหาร หรือทางอ้อมจากผลของการตอบสนองทางภูมิคุ้มกันข้าม (cross immune response) ความแตกต่างระหว่างสังคมปรสิต (parasite community) ที่มาจากประชากรกลุ่มเดียวกัน (Ishtiaq *et al.*, 2007; Shurulinkov and Ilieva, 2009; Santiago-Alarcon *et al.*, 2011b)

อย่างไรก็ตามความแตกต่างของค่าความชุกอาจเกิดจากความจำเพาะต่อตัวให้อาศัย (host specific) ที่เป็นผลมาจาก การตอบสนองต่อระบบภูมิคุ้มกันของตัวให้อาศัย (immunological resistance) ผลมาจากบทบาทขององค์ประกอบทางพันธุกรรมต่อความไวต่อการติดเชื้อ (susceptibility) และผลจากการติดเชื้อซึ่งความสัมพันธ์ระหว่างทั้งจำนวนคู่ของยีน (allele) ของ Major histocompatibility complex (MHC) class I และยีนที่ความจำเพาะต่อ MHC allele กับค่าความชุกของการติดเชื้อ *Plasmodium* แมลงพาหะที่มีประสิทธิภาพ (potential vector) มีความสำคัญต่อการติดเชื้อ และการปรับเปลี่ยนพฤติกรรมต่อคุณลักษณะทางการภาพ (physical condition) ที่ส่งเสริมการสัมผัสต่อแมลงพาหะ จนเกิดผลกระทบของวิวัฒนาการ และแบบแผนการแพร่กระจาย ในฤดูหนาวของนกอพยพ (Deviche *et al.*, 2001a; Waldenstrom *et al.*, 2002; Westerdahl *et al.*, 2005a)

ส่วนอัตราความชุกของการติดเชื้อ *Haemoproteus* และ *Plasmodium* ในนกอพยพต่ำกว่า การติดเชื้อในนกประจำถิ่น ปัจจัยที่มีผลต่ออัตราความชุก และอัตราอุบัติการณ์มีความเกี่ยวข้องกับ ประชากรของนกตัวให้อาศัย และจำนวนตัวให้อาศัยทั้งนกอพยพและนกประจำถิ่นที่พบการติดเชื้อ ปรสิตร haemosporidian parasite เป็นค่าเดินทางอพยพ (cost of migration) นกอพยพหลายชนิดเกิด การติดเชื้อของนกประจำถิ่นต่างพื้นที่ สามารถส่งผลทางตรงต่อประชากรของนกอพยพ เนื่องจากการติดเชื้อปรสิตร โปรโตซัวในเลือดส่งผลด้านลบต่อสภาพร่างกายของตัวให้อาศัย นำไปสู่ผลกระทบต่อการประสบความสำเร็จของการสืบพันธุ์ระหว่างฤดูผสมพันธุ์ของนก *Delichon urbica* จากอัตราการเจริญของขนหางมีค่าลดลงตามสภาพของการติดเชื้อ haemosporidian parasite และทำให้จำนวนวันในการพักไข่ยาวนานกว่าปกติ ดังนั้นการติดเชื้อปรสิตรเป็นแรงผลักดันให้เกิด ผลสืบเนื่อง (carry-over effect) จนทำให้ประชากรของนกอพยพแตกต่างกันตามความเหมาะสม (Westerdahl *et al.*, 2005a; Marzal *et al.*, 2013)

สรุปและข้อเสนอแนะ

การใช้ตาข่ายดักนก (mist net) ระหว่างปี พ.ศ. 2552 ถึง 2553 ภายในพื้นที่เขตห้ามล่าสัตว์ป่าบึงบอระเพ็ด พบนกจำนวน 6 อันดับ 15 วงศ์ 35 จำนวนทั้งสิ้น 633 ตัว พบนกที่ติดเชื้อปรสิตโปรโตซัวในเลือดจำนวนเพียง 2 อันดับ 6 วงศ์ ได้แก่ อันดับ Ciconiiformes พบปรสิตโปรโตซัวในเลือดเฉพาะนกในวงศ์ Ardeidae คือ นกยางไฟหัวดำ (*Ixobrychus sinensis*) ได้แก่ *Haemoproteus herodiadis* และ *Plasmodium elongatum* พบการติดเชื้อปรสิตโปรโตซัวในเลือดจำนวน 2 สกุล และอันดับ Passeriformes พบนกที่ติดเชื้อปรสิตโปรโตซัวในเลือดจำนวน 5 วงศ์ ได้แก่ นกตัวให้อาศัยในวงศ์ Corvidae พบการติดเชื้อปรสิตโปรโตซัวในนกอีแรดแถบอกดำ (*Rhipidura javanica*) คือ *H. fallisi* และ นกแซงแซวหางปลา (*Dicrurus macrocercus*) คือ *H. dicruri* นกในวงศ์ Sturnidae พบปรสิตโปรโตซัวในเลือดของนกเอี้ยงดำ (*Sturnus contra*) 2 ชนิด คือ *P. lophurae* และ *Typanosoma avium* ส่วนนกในวงศ์ Pycnonotidae พบปรสิตในนกตัวให้อาศัย 2 ชนิด คือ นกปรอดสวน (*P. blanfordi*) นกปรอดหน้าवल (*Pycnonotus goiavier*) พบการติดเชื้อปรสิต *H. otocompsae* และ *H. sanguinis* ตามลำดับ วงศ์ Sylviidae พบการติดเชื้อปรสิตโปรโตซัว *H. payevski* ในนกพงใหญ่พันธุ์ญี่ปุ่น (*Acrocephalus orientalis*) และนกพงกึ่งดำ (*A. bistrigiceps*) ส่วน *P. vaughani* พบในนกพงปากหนา (*Acrocephalus aedon*) และหนอนพยาธิตัวกลม microfilaria เฉพาะในนกสกุล *Acrocephalus* นกพงใหญ่พันธุ์ญี่ปุ่นและนกพงกึ่งดำ ในขณะที่นกในวงศ์ Passeridae พบนกที่ติดเชื้อปรสิตโปรโตซัวถึง 4 ชนิด ได้แก่ *H. passeris* พบในนกกระจาบธรรมดา (*Ploceus philippinus*) *H. orizivora* พบในนกกระตักขี้หมู (*Lonchura punctulata*) *P. circumflexum* พบในนกกระตักขี้หมู และ *T. avium* จาก นกกระตักสีอิฐ (*Lonchura malacca*) และนกกระจาบอกลาย (*Ploceus manyar*)

ค่าความชุกของการติดเชื้อปรสิตโปรโตซัวในเลือดคิดเป็นร้อยละ 15.64 และปรสิตที่พบการติดเชื้อมากที่สุดคือ *H. orizivora* ในนกกระตักขี้หมู (*Lonchura punctulata*) พบนกที่ติดเชื้อปรสิตชนิดนี้ถึง 41 ตัว จากทั้งหมด 62 ตัว คิดเป็นร้อยละ 66.13 เช่นเดียวกับความหนาแน่นของการติดเชื้อมากเป็น 61.33 ใน 10,000 เซลล์เม็ดเลือดแดง และปรสิตโปรโตซัวสกุล *Haemoproteus* มีความหลากหลายทางชนิดของนกตัวให้อาศัยมากกว่าปรสิตชนิดอื่น แต่นกตัวให้อาศัยมีความสม่ำเสมอ หรือโอกาสติดเชื้อปรสิตโปรโตซัว *Trypanosoma* เท่าเทียมกัน ขณะที่ปรสิตโปรโตซัวที่พบในการศึกษามีความจำเพาะต่อตัวให้อาศัย

การตรวจวินิจฉัยการติดเชื้อไวรัสไข้สมองอักเสบ 2 สายพันธุ์ คือ เชื้อไวรัสไข้สมองอักเสบ แจแปนนิช และเชื้อไข้สมองอักเสบเวสต์ไนล์ไวรัสด้วยวิธี reverse transcriptase polymerase chain reaction ไม่พบการติดเชื้อทั้งไวรัสไข้สมองอักเสบทั้ง 2 สายพันธุ์ จึงตรวจหาภูมิคุ้มกันต่อการติดเชื้อไวรัสไข้สมองอักเสบแจแปนนิชด้วยวิธี hemagglutination inhibition test พบภูมิคุ้มกันต่อเชื้อไข้สมองอักเสบแจแปนนิชในนกเอี้ยงต่าง ค่าความชุกของการติดเชื้อคิดเป็นร้อยละ 0.2 เท่านั้น

การศึกษาการแพร่กระจายตัวของปรสิตผ่านทางค่าความชุก และความหนาแน่นของการติดเชื้อของปรสิตแต่ละชนิด ตลอดจนการพิจารณาในระดับสังคมปรสิตทั้งปรสิตแต่ละสกุล เพื่อใช้ประเมินความเสี่ยงต่อการติดเชื้อ และการคาดการณ์ผลกระทบต่อการติดเชื้อที่สามารถเกิดขึ้นได้ จึงมีความสำคัญต่อการเฝ้าระวังการแพร่กระจายการติดเชื้อ หากการหาค่าความชุกของการติดเชื้อของปรสิตเหล่านี้นำมาเปรียบเทียบภายใต้ปัจจัยต่างชนิดกัน เพื่อเป็นข้อมูลพื้นฐานเกี่ยวข้องกับปัจจัยเหล่านั้นต่อผลของการติดเชื้อปรสิต และเพื่อการพัฒนาต่อยอดในด้านการควบคุมการติดเชื้อปรสิตอย่างมีประสิทธิภาพ นอกจากนี้การศึกษาทางด้านความหลากหลายของปรสิตทั้ง ดัชนีความหลากหลาย ดัชนีความสม่ำเสมอ และดัชนีความกว้างของแหล่งอาศัย เป็นข้อมูลประกอบที่เกี่ยวข้องระหว่างตัวให้อาศัย และปรสิต เป็นข้อมูลที่เกี่ยวข้องทั้งวิวัฒนาการการอยู่ร่วมกันของสิ่งมีชีวิต ซึ่งมีความสำคัญต่อการดำรงเผ่าพันธุ์ทั้งตัวให้อาศัย และปรสิต จึงเป็นข้อมูลที่ทำให้เราสามารถเข้าใจภาวะปรสิตมากยิ่งขึ้น

เอกสารและสิ่งอ้างอิง

- โอภาส ขอบเขตต์. 2541. **นกในบึงบอระเพ็ด**. สำนักงานนโยบายและแผนสิ่งแวดล้อม, กรุงเทพมหานคร.
- โอภาส ขอบเขตต์. 2542. **หนังสือชุด นกในเมืองไทย เล่ม 2**. สำนักพิมพ์สารคดี กรุงเทพมหานคร.
- โอภาส ขอบเขตต์. 2543. **หนังสือชุด นกในเมืองไทย เล่ม 3**. สำนักพิมพ์สารคดี กรุงเทพมหานคร.
- จารุจินต์ นฤตะกัญ, กานต์ เลชะกุล และ วัชรระ สวงนสมบัติ. 2550. **คู่มือดูนก หมอบูญส่ง เลชะกุล นกเมืองไทย**. คณะบุคคล นายแพทย์บุญส่ง เลชะกุล, กรุงเทพมหานคร.
- ส่วนอนุรักษ์สัตว์ป่า. 2542. **เขตห้ามล่าสัตว์ป่าในประเทศไทย**. กรมป่าไม้ กระทรวงเกษตรและสหกรณ์ กรุงเทพมหานคร.
- อาคม สังข์วรานนท์. 2545. **ปรสิตวิทยาคลินิกทางสัตวแพทย์**. สำนักพิมพ์มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์. กรุงเทพมหานคร.
- Adriano, E.A. and N.S. Cordeiro. 2001. Prevalence and Intensity of *Haemoproteus Columbae* in Three Species of Wild Doves from Brazil. **Mem Inst Oswaldo Cruz**. 96(2): 175-178.
- Aikawa, M., C.G. Huff and H. Sprinz. 1967. Fine Structure of the Asexual Stages of *Plasmodium Elongatum*. **J Cell Biol**. 34(1): 229-249.
- Apanius, V., N. Yorinks, E. Bermingham and R.E. Ricklefs. 2000. Island and Taxon Effects in Parasitism and Resistance of Lesser Antillean Birds. **Ecology**. 81(7): 1959-1969.

- Arriero, E. and A.P. Moller. 2008. Host Ecology and Life-History Traits Associated with Blood Parasite Species Richness in Birds. **Journal of Evolutionary Biology**. 21(6): 1504-1513.
- Arunachalam, N., P.P. Samuel, J. Hiriyan, V. Thenmozhi and A. Gajanana. 2004. Japanese Encephalitis in Kerala, South India: Can *Mansonia* (Diptera: Culicidae) Play a Supplemental Role in Transmission? **J Med Entomol**. 41(3): 456-461.
- Arunachalam, N., P. Philip Samuel, J. Hiriyan, V. Thenmozhi, A. Balasubramanian, A. Gajanana and K. Satyanarayana. 2002. Vertical Transmission of Japanese Encephalitis Virus in *Mansonia* Species, in an Epidemic-Prone Area of Southern India. **Ann Trop Med Parasitol**. 96(4): 419-420.
- Baker, J.R. 1968. The Host Restriction of *Haemoproteus* Columbæ. **The Journal of Protozoology**. 15(2): 334-335.
- Baker, J.R. and R.G. Bird. 1968. *Trypanosoma Avium*: Fine Structure of All Developmental Stages. **J Protozool**. 15(2): 298-308.
- Ballweber, L.R. 2004. Waterfowl Parasites. **Seminars in Avian and Exotic Pet Medicine**. 13(4): 197-205.
- Banet-Noach, C., L. Simanov and M. Malkinson. 2003. Direct (Non-Vector) Transmission of West Nile Virus in Geese. **Avian Pathol**. 32(5): 489-494.
- Barnard, W.H. and R.D. Bair. 1986. Prevalence of Avian Hematozoa in Central Vermont. **J Wildl Dis**. 22(3): 365-374.

- Beadell, J.S., E. Gering, J. Austin, J.P. Dumbacher, M.A. Peirce, T.K. Pratt, C.T. Atkinson and R.C. Fleischer. 2004. Prevalence and Differential Host-Specificity of Two Avian Blood Parasite Genera in the Australo-Papuan Region. **Molecular Ecology**. 13(12): 3829-3844.
- Belo, N.O., A. Rodriguez-Ferraro, E.M. Braga and R.E. Ricklefs. 2012. Diversity of Avian Haemosporidians in Arid Zones of Northern Venezuela. **Parasitology**. 139(8): 1021-1028.
- Belo, N.O., R.T. Pinheiro, E.S. Reis, R.E. Ricklefs and E.M. Braga. 2011. Prevalence and Lineage Diversity of Avian Haemosporidians from Three Distinct Cerrado Habitats in Brazil. **Plos One**. 6(3):
- Bennett, G. 1993. Phylogenetic Distribution and Possible Evolution of the Avian Species of the Haemoproteidae. **Systematic Parasitology**. 26(1): 39-44.
- Bennett, G., M. Peirce and R. Earlé. 1994a. An Annotated Checklist of the Valid Avian Species of Haemoproteus, Leucocytozoon (Apicomplexa: Haemosporida) and Hepatozoon (Apicomplexa: Haemogregarinidae). **Systematic Parasitology**. 29(1): 61-73.
- Bennett, G.F. 1970a. Trypanosoma Avium Danilewsky in the Avian Host. **Canadian Journal of Zoology**. 48(4): 803-807.
- Bennett, G.F. 1970b. Development of Trypanosomes of the T. Avium Complex in the Invertebrate Host. **Canadian Journal of Zoology**. 48(5): 945-957.
- Bennett, G.F. and A.G. Campbell. 1972. Avian Haemoproteidae. I. Description of Haemoproteus Fallisi N. Sp. And a Review of the Haemoproteids of the Family Turdidae. **Canadian Journal of Zoology**. 50(10): 1269-1275.

- Bennett, G.F. and M.A. Peirce. 1988. Morphological Form in the Avian Haemoproteidae and an Annotated Checklist of the Genus *Haemoproteus* Kruse, 1890. **Journal of Natural History**. 22(6): 1683-1696.
- Bennett, G.F. and M.A. Peirce. 1991. The Haemoproteids of the Weaver Finches (Passeriformes). **Journal of Natural History**. 25(1): 7-22.
- Bennett, G.F., M.A. Bishop and M.A. Peirce. 1991. The Species and Distribution of the Haemoproteids of the Avian Family Muscicapidae Sensu Latu (Passeriformes). **Journal of Natural History**. 25(1): 23-43.
- Bennett, G.F., R.A. Earle and D. Squires-Parsons. 1994b. Trypanosomes of Some Sub-Saharan Birds. **Onderstepoort J Vet Res**. 61(3): 263-271.
- Bennett, G.F., A.D. Smith, W. Whitman and M. Cameron. 1975. Hematozoa of the Anatidae of the Atlantic Flyway. Ii. The Maritime Provinces of Canada. **Journal of Wildlife Diseases**. 11(2): 280-289.
- Bensch, S., J. Waldenström, N. Jonzán, H. Westerdahl, B. Hansson, D. Sejberg and D. Hasselquist. 2007a. Temporal Dynamics and Diversity of Avian Malaria Parasites in a Single Host Species. **Journal of Animal Ecology**. 76(1): 112-122.
- Bensch, S., J. Waldenstrom, N. Jonzen, H. Westerdahl, B. Hansson, D. Sejberg and D. Hasselquist. 2007b. Temporal Dynamics and Diversity of Avian Malaria Parasites in a Single Host Species. **Journal of Animal Ecology**. 76(1): 112-122.
- Berthová, L., G. Valkiūnas and Z. Országhová. 2012. The First Report of Nine Species of Haemosporidian Parasites (Haemosporida: *Haemoproteus*, *Plasmodium* and *Leucocytozoon*) in Wild Birds from Slovakia. **Biologia**. 67(5): 931-933.

- Bhattacharya, S., S.K. Chakraborty, S. Chakraborty, K.K. Ghosh, A. Palit, K.K. Mukherjee, M.S. Chakraborty, N. Tandon and A.K. Hati. 1986. Density of *Culex Vishnui* and Appearance of Je Antibody in Sentinel Chicks and Wild Birds in Relation to Japanese Encephalitis Cases. **Trop Geogr Med.** 38(1): 46-50.
- Bize, P., C. Jeanneret, A. Klopfenstein and A. Roulin. 2008. What Makes a Host Profitable? Parasites Balance Host Nutritive Resources against Immunity. **Am Nat.** 171(1): 107-118.
- Braga, E.M., P. Silveira, N.O. Belo and G. Valkiunas. 2011. Recent Advances in the Study of Avian Malaria: An Overview with an Emphasis on the Distribution of *Plasmodium* Spp in Brazil. **Mem Inst Oswaldo Cruz.** 106 Suppl 1(3-11).
- Brojer, C., E.O. Agren, H. Uhlhorn, K. Bernodt, D.S. Jansson and D. Gavier-Widen. 2012. Characterization of Encephalitis in Wild Birds Naturally Infected by Highly Pathogenic Avian Influenza H5n1. **Avian Dis.** 56(1): 144-152.
- Brooke Mde, L. 2010. Vertical Transmission of Feather Lice between Adult Blackbirds *Turdus Merula* and Their Nestlings: A Lousy Perspective. **J Parasitol.** 96(6): 1076-1080.
- Bruce, D. 1911. The Morphology of *Trypanosoma Evansi* (Steel). **Proceedings of the Royal Society of London. Series B, Containing Papers of a Biological Character.** 84(570): 181-187.
- Burke, D.S., A. Nisalak and C.H. Hoke, Jr. 1986. Field Trial of a Japanese Encephalitis Diagnostic Kit. **J Med Virol.** 18(1): 41-49.
- Burke, D.S., M. Tingpalapong, G.S. Ward, R. Andre and C.J. Leake. 1985. Intense Transmission of Japanese Encephalitis Virus to Pigs in a Region Free of Epidemic Encephalitis. **Southeast Asian J Trop Med Public Health.** 16(2): 199-206.

- Burt, F.J., A.A. Grobbelaar, P.A. Leman, F.S. Anthony, G.V.F. Gibson and R. Swanepoel. 2002. Phylogenetic Relationships of Southern African West Nile Virus Isolates. **Emerging Infectious Diseases**. 8(8): 820-826.
- Chakravarty, M. and A.B. Kar. 1945. Studies on Haemosporidian from Indian Birds. **J. Royal Asiatic Society of Bengal** 3, 2 **Science** 11): 36-39.
- Chang, K.J. 2002. Seasonal Prevalence of Anti-Japanese Encephalitis Virus Antibody in Pigs in Different Regions of Taiwan. **J Microbiol Immunol Infect**. 35(1): 12-16.
- Chasar, A., C. Loiseau, G. Valkiunas, T. Iezhova, T.B. Smith and R.N.M. Sehgal. 2009. Prevalence and Diversity Patterns of Avian Blood Parasites in Degraded African Rainforest Habitats. **Molecular Ecology**. 18(19): 4121-4133.
- Chaudhuri, N., B.P. Shaw, K.C. Mondal and C.R. Maity. 1992. Epidemiology of Japanese Encephalitis. **Indian Pediatr**. 29(7): 861-865.
- Clayton, D.H. and D.M. Tompkins. 1994. Ectoparasite Virulence Is Linked to Mode of Transmission. **Proc Biol Sci**. 256(1347): 211-217.
- Corradetti, A. and M. Scanga. 1973. The Plasmodium Vaughani--Complex. **Exp Parasitol**. 34(3): 344-349.
- Cosgrove, C.L., M.J. Wood, K.P. Day and B.C. Sheldon. 2008. Seasonal Variation in Plasmodium Prevalence in a Population of Blue Tits Cyanistes Caeruleus. **Journal of Animal Ecology**. 77(3): 540-548.
- Cumming, G.S., E. Shepard, S. Okanga, A. Caron, M. Ndlovu and J.L. Peters. 2013. Host Associations, Biogeography, and Phylogenetics of Avian Malaria in Southern African Waterfowl. **Parasitology**. 140(2): 193-201.

- Dawson, R.D. and G.R. Bortolotti. 2000. Effects of Hematozoan Parasites on Condition and Return Rates of American Kestrels. **Auk**. 117(2): 373-380.
- Demaree, R.S., Jr. and W.C. Marquardt. 1971. Avian Trypanosome Division; a Light and Electron Microscope Study. **J Protozool**. 18(3): 388-391.
- Deviche, P., E.C. Greiner and X. Manteca. 2001a. Interspecific Variability of Prevalence in Blood Parasites of Adult Passerine Birds During the Breeding Season in Alaska. **J Wildl Dis**. 37(1): 28-35.
- Deviche, P., E.C. Greiner and X. Manteca. 2001b. Seasonal and Age-Related Changes in Blood Parasite Prevalence in Dark-Eyed Juncos (*Junco Hyemalis*, Aves, Passeriformes). **Journal of Experimental Zoology**. 289(7): 456-466.
- Deviche, P., K. McGraw and E.C. Greiner. 2005. Interspecific Differences in Hematozoan Infection in Sonoran Desert *Aimophila* Sparrows. **J Wildl Dis**. 41(3): 532-541.
- Donovan, T.A., M. Schrenzel, T.A. Tucker, A.P. Pessier and I.H. Stalis. 2008. Hepatic Hemorrhage, Hemocoelom, and Sudden Death Due to *Haemoproteus* Infection in Passerine Birds: Eleven Cases. **J Vet Diagn Invest**. 20(3): 304-313.
- Durden, L.A., R.G. McLean, J.H. Oliver, Jr., S.R. Ubico and A.M. James. 1997. Ticks, Lyme Disease Spirochetes, Trypanosomes, and Antibody to Encephalitis Viruses in Wild Birds from Coastal Georgia and South Carolina. **J Parasitol**. 83(6): 1178-1182.
- el-Zein, A., N. Saad and V. Ghoraib. 1973. Research Note--Avian Encephalitis Virus as a Chicken Kidney Cell-Culture Contaminant and Its Effect on the Growth of Infectious Bronchitis Virus. **Avian Dis**. 17(3): 666-670.

- Estep, L.K., C.J. McClure, N.D. Burkett-Cadena, H.K. Hassan, T.L. Hicks, T.R. Unnasch and G.E. Hill. 2011. A Multi-Year Study of Mosquito Feeding Patterns on Avian Hosts in a Southeastern Focus of Eastern Equine Encephalitis Virus. **Am J Trop Med Hyg.** 84(5): 718-726.
- Evans, G.O. 1994. Removal of Blood from Laboratory Mammals and Birds. **Lab Anim.** 28(2): 178-179.
- Fecchio, A., M.R. Lima, M. Svensson-Coelho, M.A. Marini and R.E. Ricklefs. 2013. Structure and Organization of an Avian Haemosporidian Assemblage in a Neotropical Savanna in Brazil. **Parasitology.** 140(2): 181-192.
- Forrester, D.J., E.C. Greiner and R.W. McFarlane. 1977a. Blood Parasites of Some Columbiform and Passeriform Birds from Chile. **Journal of Wildlife Diseases.** 13(1): 94-96.
- Forrester, D.J., E.C. Greiner, G.F. Bennett and M.K. Kigaye. 1977b. Avian Haemoproteidae. 7. A Review of the Haemoproteids of the Family Ciconiidae (Storks) and Descriptions of Haemoproteus Brodkorbi Sp.Nov. And H. Peircei Sp.Nov. **Canadian Journal of Zoology.** 55(8): 1268-1274.
- Gajanana, A., V. Thenmozhi, P.P. Samuel and R. Reuben. 1995. A Community-Based Study of Subclinical Flavivirus Infections in Children in an Area of Tamil Nadu, India, Where Japanese Encephalitis Is Endemic. **Bull World Health Organ.** 73(2): 237-244.
- Garcia-Tapia, D., D.E. Hassett, W.J. Mitchell, Jr., G.C. Johnson and S.B. Kleiboeker. 2007. West Nile Virus Encephalitis: Sequential Histopathological and Immunological Events in a Murine Model of Infection. **J Neurovirol.** 13(2): 130-138.

- Garvin, M.C. and S.J. Schoech. 2006. Hormone Levels and Infection of Haemoproteus Danilewskyi in Free-Ranging Blue Jays (Cyanocitta Cristata). **J Parasitol.** 92(3): 659-662.
- Garvin, M.C., B.L. Homer and E.C. Greiner. 2003. Pathogenicity of Haemoproteus Danilewskyi, Kruse, 1890, in Blue Jays (Cyanocitta Cristata). **J Wildl Dis.** 39(1): 161-169.
- George, S., M.V. Reddy, P.N. Yergolkar and K.M. Pavri. 1986. Absorption of IgG with Staphylococcus Aureus in a Diagnostic Test for IgM Antibodies to Japanese Encephalitis, West Nile & Dengue Viruses. **Indian J Med Res.** 84(239-246).
- Gingrich, J.B., A. Nisalak, J.R. Latendresse, J. Pomsdhit, S. Paisansilp, C.H. Hoke, C. Chantalakana, C. Satayaphantha and K. Uechiewcharnkit. 1987. A Longitudinal Study of Japanese Encephalitis in Suburban Bangkok, Thailand. **Southeast Asian J Trop Med Public Health.** 18(4): 558-566.
- Godfrey, R.D., A.M. Fedynich and D.B. Pence. 1987. Quantification of Hematozoa in Blood Smears. **Journal of Wildlife Diseases.** 23(4): 558-565.
- Greiner, E.C. 1975. Prevalence and Potential Vectors of Haemoproteus in Nebraska Mouring Doves. **J Wildl Dis.** 11(2): 150-156.
- Gresser, I., J.L. Hardy, S.M. Hu and W.F. Scherer. 1958. Factors Influencing Transmission of Japanese B Encephalitis Virus by a Colonized Strain of Culex Tritaeniorhynchus Giles, from Infected Pigs and Chicks to Susceptible Pigs and Birds. **Am J Trop Med Hyg.** 7(4): 365-373.

- Grillo, E.L., R.C. Fithian, H. Cross, C. Wallace, C. Viverette, R. Reilly and D.C.G. Mayer. 2012. Presence of Plasmodium and Haemoproteus in Breeding Prothonotary Warblers (Protonotaria Citrea: Parulidae): Temporal and Spatial Trends in Infection Prevalence. **Journal of Parasitology**. 98(1): 93-102.
- Hasegawa, M., N. Tuno, N.T. Yen, V.S. Nam and M. Takagi. 2008. Influence of the Distribution of Host Species on Adult Abundance of Japanese Encephalitis Vectors Culex Vishnui Subgroup and Culex Gelidus in a Rice-Cultivating Village in Northern Vietnam. **Am J Trop Med Hyg**. 78(1): 159-168.
- Hasegawa, T., Y. Takehara and K. Takahashi. 1975. Natural and Experimental Infections of Japanese Tree Sparrows with Japanese Encephalitis Virus. **Arch Virol**. 49(4): 373-376.
- Hasselquist, D. 1998. Polygyny in Great Reed Warblers: A Long-Term Study of Factors Contributing to Male Fitness. **Ecology**. 79(7): 2376-2390.
- Hasselquist, D., O. Ostman, J. Waldenstrom and S. Bensch. 2007. Temporal Patterns of Occurrence and Transmission of the Blood Parasite Haemoproteus Payevskyi in the Great Reed Warbler Acrocephalus Arundinaceus. **Journal of Ornithology**. 148(4): 401-409.
- Hellgren, O., A. Križanauskiene, G. Valkiūnas and S. Bensch. 2007. Diversity and Phylogeny of Mitochondrial Cytochrome B Lineages from Six Morphospecies of Avian Haemoproteus (Haemosporida: Haemoproteidae). **Journal of Parasitology**. 93(4): 889-896.
- Hellgren, O., A. Križanauskiene, D. Hasselquist and S. Bensch. 2011. Low Haemosporidian Diversity and One Key-Host Species in a Bird Malaria Community on a Mid-Atlantic Island (Sao Miguel, Azores). **Journal of Wildlife Diseases**. 47(4): 849-859.

- Herman, C.M. 1975. *Plasmodium Circumflexum*: Age as a Factor in Isodiagnosis in Anatidae. **Exp Parasitol.** 38(1): 83-86.
- Hsioh-Teh, C., C. Fu-Hsi and W. Hua-Ch'Eng. 1954. A Diagnostic Skin Test for Epidemic Encephalitis Due to Japanese B Virus. **Chin Med J.** 72(1): 25-32.
- Iii, C.v.R., S.G.v. Riper, M.L. Goff and M. Laird. 1986. The Epizootiology and Ecological Significance of Malaria in Hawaiian Land Birds. **Ecological Monographs.** 56(4): 327-344.
- Imura, T., Y. Suzuki, H. Ejiri, Y. Sato, K. Ishida, D. Sumiyama, K. Murata and M. Yukawa. 2012. Prevalence of Avian Haematozoa in Wild Birds in a High-Altitude Forest in Japan. **Veterinary Parasitology.** 183(3-4): 244-248.
- Ishtiaq, F., J.S. Beadell, B.H. Warren and R.C. Fleischer. 2012. Diversity and Distribution of Avian Haematozoan Parasites in the Western Indian Ocean Region: A Molecular Survey. **Parasitology.** 139(2): 221-231.
- Ishtiaq, F., E. Gering, J.H. Rappole, A.R. Rahmani, Y.V. Jhala, C.J. Dove, C. Milensky, S.L. Olson, M.A. Peirce and R.C. Fleischer. 2007. Prevalence and Diversity of Avian Hematozoan Parasites in Asia: A Regional Survey. **J Wildl Dis.** 43(3): 382-398.
- Jaenike, J. and S.J. Perlman. 2002. Ecology and Evolution of Host-Parasite Associations: Mycophagous *Drosophila* and Their Parasitic Nematodes. **American Naturalist.** 160(S23-S39).
- Jamgaonkar, A.V., P.N. Yergolkar, G. Geevarghese, G.D. Joshi, M.V. Joshi and A.C. Mishra. 2003. Serological Evidence for Japanese Encephalitis Virus and West Nile Virus Infections in Water Frequenting and Terrestrial Wild Birds in Kolar District, Karnataka State, India. A Retrospective Study. **Acta Virol.** 47(3): 185-188.

- Jovani, R., J.L. Tella, M.G. Forero, M. Bertellotti, G. Blanco, O. Ceballos and J.A. Donazar. 2001. Apparent Absence of Blood Parasites in the Patagonian Seabird Community: Is It Related to the Marine Environment? **Waterbirds**. 24(3): 430-433.
- Julian, R.J. and D.E. Galt. 1980. Mortality in Muscovy Ducks (*Cairina Moschata*) Caused by *Haemoproteus* Infection. **J Wildl Dis**. 16(1): 39-44.
- Khalakdina, A., S.K. Shrestha, S. Malla, S. Hills, B. Thaisomboonsuk, B. Shrestha, R.V. Gibbons and J. Jacobson. 2010. Field Evaluation of Commercial Immunoglobulin M Antibody Capture Elisa Diagnostic Tests for the Detection of Japanese Encephalitis Virus Infection among Encephalitis Patients in Nepal. **Int J Infect Dis**. 14 Suppl 3(e79-84.
- Kistler, W.M., S.M. Hernandez, S.E.J. Gibbs, J.R. Ballard, S.L. Arnold, T. Johnson and M.J. Yabsley. 2013. Evaluation of a Restriction Fragment Length Enzyme Assay for Differentiation of *Haemoproteus* and *Plasmodium* across a Standard Region of the Mitochondrial Genome. **Journal of Parasitology**. 99(6): 1133-1136.
- Klopfleisch, R., P.U. Wolf, C. Wolf, T. Harder, E. Starick, M. Niebuhr, T.C. Mettenleiter and J.P. Teifke. 2007. Encephalitis in a Stone Marten (*Martes Foina*) after Natural Infection with Highly Pathogenic Avian Influenza Virus Subtype H5n1. **J Comp Pathol**. 137(2-3): 155-159.
- Komar, N., D.J. Dohm, M.J. Turell and A. Spielman. 1999. Eastern Equine Encephalitis Virus in Birds: Relative Competence of European Starlings (*Sturnus Vulgaris*). **Am J Trop Med Hyg**. 60(3): 387-391.
- Korallo-Vinarskaya, N.P., B.R. Krasnov, M.V. Vinarski, G.I. Shenbrot, D. Mouillot and R. Poulin. 2009. Stability in Abundance and Niche Breadth of Gamasid Mites across Environmental Conditions, Parasite Identity and Host Pools. **Evolutionary Ecology**. 23(3): 329-345.

- Krasnov, B.R., R. Poulin, G.I. Shenbrot, D. Mouillot and I.S. Khokhlova. 2005. Host Specificity and Geographic Range in Haematophagous Ectoparasites. **Oikos**. 108(3): 449-456.
- Krizanaskiene, A., O. Hellgren, V. Kosarev, L. Sokolov, S. Bensch and G. Valkiunas. 2006. Variation in Host Specificity between Species of Avian Hemosporidian Parasites: Evidence from Parasite Morphology and Cytochrome B Gene Sequences. **Journal of Parasitology**. 92(6): 1319-1324.
- Krkosek, M., A. Gottesfeld, B. Proctor, D. Rolston, C. Carr-Harris and M.A. Lewis. 2007. Effects of Host Migration, Diversity and Aquaculture on Sea Lice Threats to Pacific Salmon Populations. **Proc Biol Sci**. 274(1629): 3141-3149.
- Kurane, I., K. Shibasaki, A. Kotaki, Y. Hijioka and T. Takasaki. 2013. The Effect of Precipitation on the Transmission of Japanese Encephalitis (Je) Virus in Nature: A Complex Effect on Antibody-Positive Rate to Je Virus in Sentinel Pigs. **Int J Environ Res Public Health**. 10(5): 1831-1844.
- Lacorte, G.A., G.M.F. Felix, R.R.B. Pinheiro, A.V. Chaves, G. Almeida, F.S. Neves, L.O. Leite, F.R. Santos and E.M. Braga. 2013. Exploring the Diversity and Distribution of Neotropical Avian Malaria Parasites - a Molecular Survey from Southeast Brazil. **Plos One**. 8(3):
- Laird, M. and F.A. Lari. 1958. Observations on Plasmodium Circumflexum Kikuth and P. Vaughani Novy and Macneal from East Pakistan. **J Parasitol**. 44(2): 136-152.
- Laurance, S.G.W., D. Jones, D. Westcott, A. Mckeown, G. Harrington and D.W. Hilbert. 2013. Habitat Fragmentation and Ecological Traits Influence the Prevalence of Avian Blood Parasites in a Tropical Rainforest Landscape. **Plos One**. 8(10):

- Lehmann, T. 1992. Ectoparasite Impacts on *Gerbillus Andersoni* Allenbyi under Natural Conditions. **Parasitology**. 104 (Pt 3)(479-488.
- Lekagul, B. 1974. **Bird Guide of Thailand / Boonsong Lekagul and Edward W. Cronin, Jr. ; Foreward by S. Dillon Ripley**. 2nd rev. ed. Bangkok : Kurusapa, 1974, Bangkok : Kurusapa, 1974.
- Lekagul, B. 1991. **A Guide to the Birds of Thailand / Boonsong Lekagul, Philip D. Round ; Foreword by Ben King ; Illustrated by Mongkol Wongkalasin, Kamol Komolphalin**. Bangkok : Saha Karn Bhaet, c1991, Bangkok : Saha Karn Bhaet, c1991.
- Levine, N.D. and G.R. Campbell. 1971. A Check-List of the Species of the Genus *Haemoproteus* (Apicomplexa, Plasmodiidae)*. **The Journal of Protozoology**. 18(3): 475-484.
- Litzba, N., C.S. Klade, S. Lederer and M. Niedrig. 2010. Evaluation of Serological Diagnostic Test Systems Assessing the Immune Response to Japanese Encephalitis Vaccination. **PLoS Negl Trop Dis**. 4(11): e883.
- Lord, R.D., T.H. Work, P.H. Coleman and J.G. Johnston, Jr. 1973. Virological Studies of Avian Hosts in the Houston Epidemic of St. Louis Encephalitis, 1964. **Am J Trop Med Hyg**. 22(5): 662-671.
- Malenke, J.R., N. Newbold and D.H. Clayton. 2011. Condition-Specific Competition Governs the Geographic Distribution and Diversity of Ectoparasites. **Am Nat**. 177(4): 522-534.
- Manwell, R.D. and C. Herman. 1935. The Occurrence of the Avian Malaras in Nature. **The American Journal of Tropical Medicine and Hygiene**. s1-15(6): 661-673.

- Manwell, R.D. and J.M. Nadler. 1942. Periodicity in Plasmodium Vaughani. **The American Journal of Tropical Medicine and Hygiene.** s1-22(2): 165-175.
- Margolis, L., G.W. Esch, J.C. Holmes, A.M. Kuris and G.A. Schad. 1982. The Use of Ecological Terms in Parasitology (Report of an Ad Hoc Committee of the American Society of Parasitologists). **The Journal of Parasitology.** 68(1): 131-133.
- Martinsen, E.S., I. Paperna and J.J. Schall. 2006. Morphological Versus Molecular Identification of Avian Haemosporidia: An Exploration of Three Species Concepts. **Parasitology.** 133(Pt 3): 279-288.
- Marzal, A. and T. Albayrak. 2012. Geographical Variation of Haemosporidian Parasites in Turkish Populations of Kruper's Nuthatch Sitta Krueperi. **Journal of Ornithology.** 153(4): 1225-1231.
- Marzal, A., M. Reviriego, I.G. Hermosell, J. Balbontin, S. Bensch, C. Relinque, L. Rodriguez, L. Garcia-Longoria and F. de Lope. 2013. Malaria Infection and Feather Growth Rate Predict Reproductive Success in House Martins. **Oecologia.** 171(4): 853-861.
- Mello, I.F.d. 1935. A Distribution to the Study of the Blood Parasite of Some Indian Birds. **Proc. Indian Acad. Sci. . Sec B.**(1): 349-358.
- Merino, S., J. Moreno, J.J. Sanz and E. Arriero. 2000. Are Avian Blood Parasites Pathogenic in the Wild? A Medication Experiment in Blue Tits (Parus Caeruleus). **Proceedings of the Royal Society B-Biological Sciences.** 267(1461): 2507-2510.
- Merino, S., J. Hennicke, J. Martinez, K. Ludynia, R. Torres, T.M. Work, S. Stroud, J.F. Masello and P. Quillfeldt. 2012. Infection by Haemoproteus Parasites in Four Species of Frigatebirds and the Description of a New Species of Haemoproteus (Haemosporida: Haemoproteidae). **J Parasitol.** 98(2): 388-397.

- Miller, J.C. 1980. Niche Relationships among Parasitic Insects Occurring in a Temporary Habitat. **Ecology**. 61(2): 270-275.
- Mishra, N., S. Kalaiyarasu, S. Nagarajan, M.V. Rao, A. George, R. Sridevi, S.P. Behera, S.C. Dubey, T. McCracken and S.H. Newman. 2012. Serological Evidence of West Nile Virus Infection in Wild Migratory and Resident Water Birds in Eastern and Northern India. **Comp Immunol Microbiol Infect Dis**. 35(6): 591-598.
- Misra, U.K. and J. Kalita. 2010. Overview: Japanese Encephalitis. **Prog Neurobiol**. 91(2): 108-120.
- Mullens, B.A., C.J. Cardona, L. McClellan, C.E. Szijj and J.P. Owen. 2006. Culicoides Bottimeri as a Vector of Haemoproteus Lophortyx to Quail in California, USA. **Vet Parasitol**. 140(1-2): 35-43.
- Munoz, E., D. Ferrer, R. Molina and R.D. Adlard. 1999. Prevalence of Haematozoa in Birds of Prey in Catalonia, North-East Spain. **Veterinary Record**. 144(23): 632-636.
- Murata, K., A. Tamada, Y. Ichikawa, M. Hagihara, Y. Sato, H. Nakamura, M. Nakamura, T. Sakanakura and M. Asakawa. 2007. Geographical Distribution and Seasonality of the Prevalence of Leucocytozoon Lovati in Japanese Rock Ptarmigans (Lagopus Mutus Japonicus) Found in the Alpine Regions of Japan. **J Vet Med Sci**. 69(2): 171-176.
- Murty, U.S., M.S. Rao and N. Arunachalam. 2010. The Effects of Climatic Factors on the Distribution and Abundance of Japanese Encephalitis Vectors in Kurnool District of Andhra Pradesh, India. **J Vector Borne Dis**. 47(1): 26-32.
- Nandi, N.C. and G.F. Bennett. 1994. Re-Description of Trypanosoma Corvi Stephans and Chistophers, 1908 Emed Baker, 1976 and Remarks on the Trypanosome of Avian Family Corvidae. **Mem.Inst.Oswaldo Cruz, Rio De Janeiro**. 89(2): 145-151.

- Nemeth, N., A. Bosco-Lauth, P. Oesterle, D. Kohler and R. Bowen. 2012a. North American Birds as Potential Amplifying Hosts of Japanese Encephalitis Virus. **Am J Trop Med Hyg.** 87(4): 760-767.
- Nemeth, N., A. Bosco-Lauth, P. Oesterle, D. Kohler and R. Bowen. 2012b. North American Birds as Potential Amplifying Hosts of Japanese Encephalitis Virus. **American Journal of Tropical Medicine and Hygiene.** 87(4): 760-767.
- Nemeth, N.M., A.M. Bosco-Lauth, R.H. Sciulli, R.B. Gose, M.T. Nagata and R.A. Bowen. 2010. Serosurveillance for Japanese Encephalitis and West Nile Viruses in Resident Birds in Hawai'i. **J Wildl Dis.** 46(2): 659-664.
- Neva, F.A. and H.W. Brown. 1994. **Basic Clinical Parasitology.** Prentice-Hall International.
- Novy, F.G. and W. MacNeal. 1905. On the Trypanosomes of Birds. **The Journal of Infectious Diseases.** 2(2): 256-308.
- Oda, K., A. Igarashi, C.T. Kheong, C.C. Hong, B. Vijayamalar, M. Sinniah, S.S. Hassan and H. Tanaka. 1996. Cross-Sectional Serosurvey for Japanese Encephalitis Specific Antibody from Animal Sera in Malaysia 1993. **Southeast Asian J Trop Med Public Health.** 27(3): 463-470.
- Ogaki, M. 1949. Bird Malaria Parasites Found in Malay Peninsula. **Am J Trop Med Hyg.** 29(4): 459-462.
- OIE. 2010. **Manual of Diagnostic Tests and Vaccines for Terrestrial Animals.**
- Okanga, S., G.S. Cumming, P.A.R. Hockey, L. Nupen and J.L. Peters. 2014. Host Specificity and Co-Speciation in Avian Haemosporidia in the Western Cape, South Africa. **Plos One.** 9(2):

- Ortego, J., P.J. Cordero, J.M. Aparicio and G. Calabuig. 2007. No Relationship between Individual Genetic Diversity and Prevalence of Avian Malaria in a Migratory Kestrel. **Molecular Ecology**. 16(22): 4858-4866.
- Owen, J.P., M.E. Delany, C.J. Cardona, A.A. Bickford and B.A. Mullens. 2009. Host Inflammatory Response Governs Fitness in an Avian Ectoparasite, the Northern Fowl Mite (*Ornithonyssus Sylviarum*). **Int J Parasitol**. 39(7): 789-799.
- Pant, G.R. 2006. A Serological Survey of Pigs, Horses, and Ducks in Nepal for Evidence of Infection with Japanese Encephalitis Virus. **Ann N Y Acad Sci**. 1081(124-129).
- Paperna, I. and I.H. Gil. 2003. Schizogonic Stages of *Haemoproteus* from Wenyon's Baghdad Sparrows Are Also Found in *Passer Domesticus Biblicus* in Israel. **Parasitol Res**. 91(6): 486-490.
- Paramasivan, R., A.C. Mishra and D.T. Mourya. 2003a. West Nile Virus: The Indian Scenario. **Indian Journal of Medical Research**. 118(101-108).
- Paramasivan, R., A.C. Mishra and D.T. Mourya. 2003b. West Nile Virus: The Indian Scenario. **Indian J Med Res**. 118(101-108).
- Peirce, M.A. 1976. *Haemoproteid* Parasites of *Passer* Spp. **Parasitology**. 73(03): 407-415.
- Peirce, M.A. 1981. Distribution and Host-Parasite Check-List of the Haematozoa of Birds in Western Europe. **Journal of Natural History**. 15(3): 419-458.
- Peirce, M.A. 1984a. Haematozoa of Zambian Birds. **Journal of Natural History**. 18(1): 105-122.

- Peirce, M.A. 1984b. Haematozoa of Zambian Birds Vi. Haemoproteids of Small Passerines with Particular Reference to Haemoproteus Passeris and the H. Fringillae/H. Orizivorae Complex. **Journal of Natural History**. 18(4): 559-566.
- Peirce, M.A. 1984c. Haematozoa of Zambian Birds. Iv. Description of Leucocytozoon Balmorali Sp. Nov. From Malaconotidae. **Journal of Natural History**. 18(2): 223-226.
- Peirce, M.A. 1984d. Haematozoa of Zambian Birds. Ii. Description of Haemoproteus Balmorali Sp. Nov. From Turdidae and Muscicapidae. **Journal of Natural History**. 18(1): 123-125.
- Peirce, M.A. 1984e. Haematozoa of Zambian Birds Ix. Redescription of Haemoproteus Otocompsae, a Parasite of Pycnonotidae. **Journal of Natural History**. 18(6): 965-967.
- Peirce, M.A. 1984f. Haematozoa of Zambian Birds V. Redescription of Haemoproteus Wenyoni from Cisticola Erythrops (Sylviidae). **Journal of Natural History**. 18(4): 555-557.
- Porter, R.J. and C.G. Huff. 1940. Review of the Literature on Exo-Erythrocytic Schizogony in Certain Malarial Parasites and Its Relation to the Schizogonic Cycle in Plasmodium Elongatum. **The American Journal of Tropical Medicine and Hygiene**. s1-20(6): 869-888.
- Poulin, R. and S. Morand. 2004. Parasite Biodiversity. **Parasite biodiversity**.
- Poulin, R., B.R. Krasnov, D. Mouillot and D.W. Thieltges. 2011. The Comparative Ecology and Biogeography of Parasites. **Philosophical Transactions of the Royal Society B-Biological Sciences**. 366(1576): 2379-2390.
- Prinzing, A. 2003. Are Generalists Pressed for Time? An Interspecific Test of the Time-Limited Disperser Model. **Ecology**. 84(7): 1744-1755.

- Rahal, E.M., M.A. Bishop and G.F. Bennett. 1987. Avian Haemoproteidae. 25. The Haemoproteids of the Avian Family Pycnonotidae (Bulbuls). **Canadian Journal of Zoology**. 65(2): 322-328.
- Reuben, R., V. Thenmozhi, P.P. Samuel, A. Gajanana and T.R. Mani. 1992. Mosquito Blood Feeding Patterns as a Factor in the Epidemiology of Japanese Encephalitis in Southern India. **Am J Trop Med Hyg**. 46(6): 654-663.
- Reullier, J., J. Perez-Tris, S. Bensch and J. Secondi. 2006. Diversity, Distribution and Exchange of Blood Parasites Meeting at an Avian Moving Contact Zone. **Mol Ecol**. 15(3): 753-763.
- Ricklefs, R.E., S.M. Fallon and E. Bermingham. 2004. Evolutionary Relationships, Cospeciation, and Host Switching in Avian Malaria Parasites. **Systematic Biology**. 53(1): 111-119.
- Ricklefs, R.E., B.L. Swanson, S.M. Fallon, A. Martinez-Abrain, A. Scheuerlein, J. Gray and S.C. Latta. 2005. Community Relationships of Avian Malaria Parasites in Southern Missouri. **Ecological Monographs**. 75(4): 543-559.
- Rigdon, R.H. and C.B. Mc. 1947. Some Factors That Influence the Degree of Parasitemia in Ducks Infected with *P. Lophurae*. **Am J Trop Med Hyg**. 27(6): 673-681.
- Rodrigues, F.M., S.N. Guttikar and B.D. Pinto. 1981. Prevalence of Antibodies to Japanese Encephalitis and West Nile Viruses among Wild Birds in the Krishna-Godavari Delta, Andhra Pradesh, India. **Trans R Soc Trop Med Hyg**. 75(2): 258-262.
- Rzharkhova, O.E. 1961. Preparation of Diagnostic Antisera to Russian Spring-Summer and Japanese B Encephalitis Viruses for Use in Complement-Fixation Test. **Probl Virol**. 6(259-262).

- Santiago-Alarcon, D., R. Bloch, G. Rolshausen, H.M. Schaefer and G. Segelbacher. 2011a. Prevalence, Diversity, and Interaction Patterns of Avian Haemosporidians in a Four-Year Study of Blackcaps in a Migratory Divide. **Parasitology**. 138(07): 824-835.
- Santiago-Alarcon, D., R. Bloch, G. Rolshausen, H.M. Schaefer and G. Segelbacher. 2011b. Prevalence, Diversity, and Interaction Patterns of Avian Haemosporidians in a Four-Year Study of Blackcaps in a Migratory Divide. **Parasitology**. 1-12.
- Savage, A.F. and E.C. Greiner. 2005. Haemoproteids of the Avian Family Dicruridae (the Drongos). **Journal of Parasitology**. 91(1): 131-134.
- Savage, H.M., C. Ceianu, G. Nicolescu, N. Karabatsos, R. Lanciotti, A. Vladimirescu, L. Laiv, A. Ungureanu, C. Romanca and T.F. Tsai. 1999. Entomologic and Avian Investigations of an Epidemic of West Nile Fever in Romania in 1996, with Serologic and Molecular Characterization of a Virus Isolate from Mosquitoes. **American Journal of Tropical Medicine and Hygiene**. 61(4): 600-611.
- Saxena, V., V.K. Mishra and T.N. Dhole. 2009. Evaluation of Reverse-Transcriptase Pcr as a Diagnostic Tool to Confirm Japanese Encephalitis Virus Infection. **Trans R Soc Trop Med Hyg**. 103(4): 403-406.
- Schaefer, E.F., M.I. Hamann, A.I. Kehr, C.E. Gonzalez and M.I. Dure. 2006. Trophic, Reproductive and Parasitological Aspects of the Ecology of *Leptodactylus Chaquensis* (Anura : Leptodactylidae) in Argentina. **Herpetological Journal**. 16(4): 387-394.
- Scheuerlein, A. and R.E. Ricklefs. 2004. Prevalence of Blood Parasites in European Passeriform Birds. **Proceedings of the Royal Society B-Biological Sciences**. 271(1546): 1363-1370.

- See, E., H.C. Tan, D.L. Wang, E.E. Ooi and M.A. Lee. 2002. Presence of Hemagglutination Inhibition and Neutralization Antibodies to Japanese Encephalitis Virus in Wild Pigs on an Offshore Island in Singapore. **Acta Tropica**. 81(3): 233-236.
- Sehgal, R.N., H.I. Jones and T.B. Smith. 2005. Blood Parasites of Some West African Rainforest Birds. **J Vet Med Sci**. 67(3): 295-301.
- Shemanchuk, J.A. 1969. Epidemiology of Western Encephalitis in Alberta: Response of Natural Populations of Mosquitoes to Avian Host. **J Med Entomol**. 6(3): 269-275.
- Shirato, K., H. Miyoshi, H. Kariwa and I. Takashima. 2005. Detection of West Nile Virus and Japanese Encephalitis Virus Using Real-Time Pcr with a Probe Common to Both Viruses. **J Virol Methods**. 126(1-2): 119-125.
- Shurulinkov, P. and N. Chakarov. 2006. Prevalence of Blood Parasites in Different Local Populations of Reed Warbler (*Acrocephalus Scirpaceus*) and Great Reed Warbler (*Acrocephalus Arundinaceus*). **Parasitology Research**. 99(5): 588-592.
- Shurulinkov, P. and M. Ilieva. 2009. Spatial and Temporal Differences in the Blood Parasite Fauna of Passerine Birds During the Spring Migration in Bulgaria. **Parasitol Res**. 104(6): 1453-1458.
- Silva-Iturriza, A., V. Ketmaier and R. Tiedemann. 2012. Prevalence of Avian Haemosporidian Parasites and Their Host Fidelity in the Central Philippine Islands. **Parasitol Int**. 61(4): 650-657.
- Solomon, T. 2006. Control of Japanese Encephalitis--within Our Grasp? **N Engl J Med**. 355(9): 869-871.

- Svensson-Coelho, M. and R.E. Ricklefs. 2011. Host Phylogeography and Beta Diversity in Avian Haemosporidian (Plasmodiidae) Assemblages of the Lesser Antilles. **Journal of Animal Ecology**. 80(5): 938-946.
- Takahashi, M. 1976. The Effects of Environmental and Physiological Conditions of *Culex Tritaeniorhynchus* on the Pattern of Transmission of Japanese Encephalitis Virus. **J Med Entomol**. 13(3): 275-284.
- Tesh, R.B., A.P. Travassos da Rosa, H. Guzman, T.P. Araujo and S.Y. Xiao. 2002. Immunization with Heterologous Flaviviruses Protective against Fatal West Nile Encephalitis. **Emerg Infect Dis**. 8(3): 245-251.
- Tiawsirisup, S. and S. Nuchprayoon. 2010. Mosquito Distribution and Japanese Encephalitis Virus Infection in the Immigration Bird (Asian Open-Billed Stork) Nested Area in Pathum Thani Province, Central Thailand. **Parasitol Res**. 106(4): 907-910.
- Ting, S.H., H.C. Tan, W.K. Wong, M.L. Ng, S.H. Chan and E.E. Ooi. 2004. Seroepidemiology of Neutralizing Antibodies to Japanese Encephalitis Virus in Singapore: Continued Transmission Despite Abolishment of Pig Farming? **Acta Trop**. 92(3): 187-191.
- Trager, W. 1941. Studies on Conditions Affecting the Survival in Vitro of a Malarial Parasite (*Plasmodium Lophurae*). **J Exp Med**. 74(5): 441-462.
- Tseng, H.F., H.F. Tan, C.K. Chang, W.L. Huang and W.C. Ho. 2003. Seroepidemiology Study of Japanese Encephalitis Neutralizing Antibodies in Southern Taiwan: A Comparative Study between Urban City and Country Townships. **American Journal of Infection Control**. 31(7): 435-440.
- Valkiunas, G. 2005. **Avian Malaria Parasites and Other Haemosporidia**. Taylor & Francis.

- Valkiunas, G. and T.A. Iezhova. 2001. Parasites in Hosts with Special Life Histories. **Acta Zoologica Lituanica**. 11(4): 391-394.
- Valkiunas, G. and T.A. Iezhova. 2004. Detrimental Effects of Haemoproteus Infections on the Survival of Biting Midge *Culicoides Impunctatus* (Diptera: Ceratopogonidae). **J Parasitol**. 90(1): 194-196.
- Valkiunas, G., T.A. Iezhova, C.V. Bolshakov and V. Kosarev. 2006. Blood Parasites of the House Sparrow *Passer Domesticus* from Northwestern Russia, with Remarks on Trends of Global Geographical Distribution in This Bird. **Journal of Natural History**. 40(29-31): 1709-1718.
- Valkiunas, G., T.A. Iezhova, J.S. Carlson and R.N. Sehgal. 2011. Two New *Trypanosoma* Species from African Birds, with Notes on the Taxonomy of Avian Trypanosomes. **J Parasitol**. 97(5): 924-930.
- van den Hurk, A.F., S.A. Ritchie and J.S. Mackenzie. 2009. Ecology and Geographical Expansion of Japanese Encephalitis Virus. **Annu Rev Entomol**. 54(17-35).
- Verberk, W.C.E.P., G. van der Velde and H. Esselink. 2010. Explaining Abundance-Occupancy Relationships in Specialists and Generalists: A Case Study on Aquatic Macroinvertebrates in Standing Waters. **Journal of Animal Ecology**. 79(3): 589-601.
- Votycka, J., M. Obornik, P. Volf, M. Svobodova and J. Lukes. 2002. *Trypanosoma Avium* of Raptors (Falconiformes): Phylogeny and Identification of Vectors. **Parasitology**. 125(Pt 3): 253-263.
- Waldenstrom, J., S. Bensch, S. Kiboi, D. Hasselquist and U. Ottosson. 2002. Cross-Species Infection of Blood Parasites between Resident and Migratory Songbirds in Africa. **Mol Ecol**. 11(8): 1545-1554.

- Wallace, F.G., E.P. Camargo, R.B. McGhee and I. Roitman. 1983. Guidelines for the Description of New Species of Lower Trypanosomatids1. **The Journal of Protozoology**. 30(2): 308-313.
- Westerdahl, H., M. Stjernman, L. Raberg, M. Lannefors and J.A. Nilsson. 2013. Mhc-I Affects Infection Intensity but Not Infection Status with a Frequent Avian Malaria Parasite in Blue Tits. **Plos One**. 8(8):
- Westerdahl, H., J. Waldenstrom, B. Hansson, D. Hasselquist, T. von Schantz and S. Bensch. 2005a. Associations between Malaria and Mhc Genes in a Migratory Songbird. **Proc Biol Sci**. 272(1571): 1511-1518.
- Westerdahl, H., J., B. Waldenstrom, D. Hansson, T.V. Hasselquist, Schantz and S. Bensch. 2005b. Associations between Malaria and Mhc Genes in a Migratory Songbird. **Proc.R.Soc.B**. 272. 1511-1518.
- Yamamoto, Y., K. Nakamura, K. Kitagawa, N. Ikenaga, M. Yamada, M. Mase and M. Narita. 2007. Severe Nonpurulent Encephalitis with Mortality and Feather Lesions in Call Ducks (*Anas Platyrhyncha* Var. *Domestica*) Inoculated Intravenously with H5n1 Highly Pathogenic Avian Influenza Virus. **Avian Dis**. 51(1): 52-57.
- Yang, D.K., Y.I. Oh, H.R. Kim, Y.J. Lee, O.K. Moon, H. Yoon, B. Kim, K.W. Lee and J.Y. Song. 2011. Serosurveillance for Japanese Encephalitis Virus in Wild Birds Captured in Korea. **J Vet Sci**. 12(4): 373-377.
- Yeh, J.Y., J.H. Lee, J.Y. Park, H.J. Seo, J.S. Moon, I.S. Cho, H.P. Kim, Y.J. Yang, K.M. Ahn, S.G. Kyung, I.S. Choi and J.B. Lee. 2012. A Diagnostic Algorithm to Serologically Differentiate West Nile Virus from Japanese Encephalitis Virus Infections and Its Validation in Field Surveillance of Poultry and Horses. **Vector Borne Zoonotic Dis**. 12(5): 372-379.

- Yohannes, E., A. Krizanauskiene, M. Valcu, S. Bensch and B. Kempenaers. 2009. Prevalence of Malaria and Related Haemosporidian Parasites in Two Shorebird Species with Different Winter Habitat Distribution. **Journal of Ornithology**. 150(1): 287-291.
- Zamora-Vilchis, I., S.E. Williams and C.N. Johnson. 2012. Environmental Temperature Affects Prevalence of Blood Parasites of Birds on an Elevation Gradient: Implications for Disease in a Warming Climate. **Plos One**. 7(6):
- Zehtindjiev, P., M. Ilieva, A. Krizanauskiene, O. Oparina, M. Oparin and S. Bensch. 2009. Occurrence of Haemosporidian Parasites in the Paddyfield Warbler, *Acrocephalus Agricola* (Passeriformes, Sylviidae). **Acta Parasitologica**. 54(4): 295-300.
- Zidkova, L., I. Cepicka, J. Szabova and M. Svobodova. 2012. Biodiversity of Avian Trypanosomes. **Infect Genet Evol**. 12(1): 102-112.

ภาคผนวก

ภาคผนวก ก
ภาพการเก็บตัวอย่าง



ก1-1



ก1-2



ก1-3



ก1-4

ภาพผนวกที่ ก1 สภาพแวดล้อมของบึงบอระเพ็ด และสถานที่ดักจับนกตัวอย่าง; บึงบอระเพ็ดเป็นแหล่งน้ำจืดขนาดใหญ่ปริมาณน้ำขึ้นอยู่กับการฤดูกาล ภายในบึงบอระเพ็ดมีพืชน้ำหลายชนิด สามารถพบเห็นได้ทั่วไป จึงเหมาะต่อการแพร่พันธุ์ของสัตว์หลายชนิด โดยเฉพาะพวกแมลง (ก1-1), พื้นที่รอบบึงบอระเพ็ดปกคลุมด้วยไม้ล้มลุกทั้งไม้ราบ พงหญ้าต่างๆ ช่วยปกคลุมหน้าดินตลอดทั้งปี เหมาะสมต่อการทำรังวางไข่สำหรับนกหลากหลายชนิด (ก1-2 และ ก1-3), พื้นที่ตอนกลางบึงบอระเพ็ดมีลักษณะเป็นเกาะสามารถพบไม้ยืนต้นได้ทั่วไป และยังเป็นแหล่งทำรังของนกหลายชนิดทั้งที่อยู่รวมกันเป็นกลุ่ม หรือบางชนิดอยู่แบบเดี่ยว (ก1-4)



ก2-1



ก2-2



ก2-3

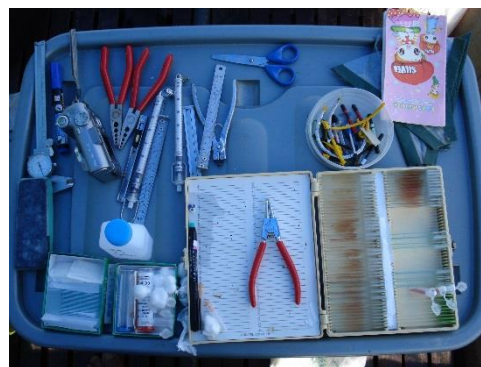


ก2-4

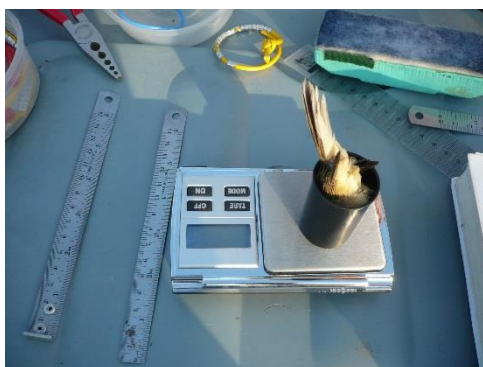
ภาพผนวกที่ ก2 การใช้ตาข่ายดักนก (mist net); การติดตั้งตาข่ายดักนกต้องติดตั้งให้เสร็จก่อนนกออกจากรัง (ก2-1), การตรวจสอบนกตัวอย่างที่ติดตาข่ายดักนกต้องตรวจตราทุกๆ 15 นาที (ก2-2), นกตัวอย่างที่ติดตาข่ายดักนก (ก2-3) และการปลดนกตัวอย่างออกจากตาข่ายดักนกโดยเจ้าหน้าที่ผู้ชำนาญการจับบังคับนก (ก2-4) แล้วเก็บนกตัวอย่างใส่ถุงผ้าที่ปิดสนิท



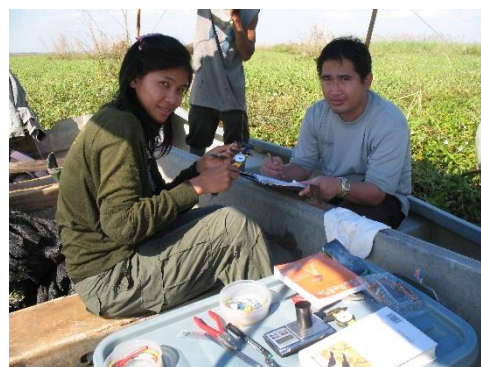
ก3-1



ก3-2



ก3-3



ก3-4

ภาพผนวกที่ ก3 อุปกรณ์และการปฏิบัติการเก็บข้อมูลทางกายภาพนกตัวอย่างที่ติดตามล่าดักนก; การพ่นนกตัวอย่างในถุงผ้าเพื่อลดความเครียดของนกตัวอย่าง และการแขวนบนราวไม้เพื่อความสะดวกระหว่างการรอเก็บข้อมูลทางกายภาพและการเก็บตัวอย่าง (ก3-1), อุปกรณ์ที่ใช้ในการติดป้ายนกตัวอย่างและการเก็บตัวอย่างสำหรับตรวจวิเคราะห์ (ก3-2), การชั่งน้ำหนักนกตัวอย่างด้วยการจับบังคับในกระบอกที่บดแสง (ก3-3) และการจำแนกชนิดนกจากการเทียบเคียงจากเอกสารประกอบการดูนก (ก3-4)



ก4-1



ก4-2



ก4-3



ก4-4

ตารางผนวกที่ ก4 การติดป้ายนกตัวอย่างและการเก็บตัวอย่างเลือดนก; การติดป้ายบนนกตัวอย่างต้องเก็บข้อมูลทางกายภาพซึ่งเป็นข้อมูลประกอบการจำแนกชนิดนก (ก4-1), เจ้าหน้าที่เก็บข้อมูลทางกายภาพและจัดบันทึกข้อมูลทางกายภาพ (ก4-2), การเก็บตัวอย่างเลือดโดยใช้หลอด capillary ดูดเลือดจากหลอดเลือดที่บริเวณปีกของนกตัวอย่าง (ก4-3) และการเกลี่ยตัวอย่างเลือดจากนกตัวอย่างเพื่อเตรียมฟิล์มเลือดตัวอย่างที่นำมาใช้ในการตรวจการติดเชื้อปรสิตโปรโตซัวในเลือด (ก4-4)

ภาคผนวก ข
ภาพนกตัวอย่าง



ข1-1



ข1-2



ข1-3



ข1-4

ภาพนกที่ ข1 นกตัวอย่างที่ได้จากการดักจับด้วยตาข่ายดักนก (mist net); นกแซงแซวหางปลา (*Dicrurus macrocercus*) (ข1-1), นกเอี้ยงดำ (*Sturnus contra*) (ข1-2), นกกระต๊ด จี๋หนู (*Lonchura punctulata*) (ข1-3) และนกกระต๊ดสีอิฐ (*Lonchura malacca*) (ข1-4)



ข2-1



ข2-2



ข2-3



ข2-4

ภาพนกที่ ข2 นกตัวอย่างที่ได้จากการดักจับด้วยตาข่ายดักนก (mist net); นกปรอทสวน (*Pycnonotus blanfordi*) (ข2-1), นกปรอทหน้าขาว (*Pycnonotus goiavier*) (ข2-2), นกพงใหญ่พันธุ์ญี่ปุ่น (*Acrocephalus orientalis*) (ข2-3), นกพงคิ้วดำ (*Acrocephalus bistrigiceps*) (ข2-4)



ข3-1



ข3-2



ข3-3



ข3-4

ภาพนกที่ ข3 นกตัวอย่างที่ได้จากการดักจับด้วยตาข่ายดักนก (mist net); นกกระจาบบรรณดา (*Ploceus philippinus*) (ข3-1), นกกระจาบบอกลาย (*Ploceus manyar*) (ข3-2), นกยางไฟหัวดำ (*Ixobrychus sinensis*) (ข3-3), นกอีแพรดแถบอกดำ (*Rhipidura javanica*) (ข3-4)

ประวัติการศึกษาและการทำงาน

ชื่อ	นายภิรมย์ พรหมพิราม
เกิดวันที่	25 พฤศจิกายน 2519
สถานที่เกิด	ตำบลท่าชัย อำเภอศรีสัชนาลัย จังหวัดสุโขทัย
ประวัติการศึกษา	วท.บ. (ชีววิทยา) มหาวิทยาลัยนเรศวร วท.ม. (สัตววิทยา) มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์
ตำแหน่งปัจจุบัน	ผู้ช่วยวิจัย
สถานที่ทำงานปัจจุบัน	ศูนย์เฝ้าระวังและติดตามโรคจากสัตว์ป่า สัตว์ต่างถิ่น และสัตว์อพยพ คณะสัตวแพทยศาสตร์ มหาวิทยาลัยมหิดล
ทุนการศึกษาที่ได้รับ	ได้รับทุนอุดหนุนการวิจัย ประเภทบัณฑิตศึกษา ประจำปี 2555 จาก สำนักงานคณะกรรมการวิจัยแห่งชาติ (วช.)