การสำรวจความชุกของเชื้อ *Bartonella* spp. โดยเทคนิคปฏิกริยาลูกโซ่พอลิเมอร์เรสในแมวที่อาศัยในจังหวัดสตูล และจังหวัดสงขลา

The prevalence survey of *Bartonella* spp. infected cat roamed in Satun and Songkla province. by using Polymerase Chain Reaction (PCR) technique

พชรธร สิมกิ่ง[1*] , เกศรา เวียงสิมมา[1] , สุภาพร สอนทา[1], ฑิฆัมพร มากมูล[1], สุวดี อิสรายุวพร[1], การันต์ ชีพนุรัตน์ [1]
บุรินทร์ นิ่มสุพรรณ[2] และสินสมุทร แซ่โง้ว[1]
Simking P[1]., Wiangsimma K[1]., Sontha S[1]., Makmoon T[1]., Isarayuwaporn S[1]., Cheepnurat K[1]., Nimsupan B[2] and Sae Ngow S[1].
[1]สาขาวิทยศาสตร์สุขภาพสัตว์ คณะเทคโนโลยีการเกษตร มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีราชมงคลธัญบุรี
[2]ภาควิชาปรสิตวิทยา คณะสัตวแพทย์ศาสตร์ มหาวิทยาลัยเกษตรศาสตร์ วิทยาเขตบางเขน
**ผู้ประสานงานหลัก อีเมล: pacharathon_s@rmutt.ac.th*

บทคัดย่อ

โรคบาร์โทเนลโลซิสเป็นโรคทีเกิดจากเชื้อแบคทีเรียชนิดริกเก็ตเซียสายพันธ์ *Bartonella* spp. และมีการกระจายตัวอยู่ทั่วโลก อาการสำคัญของโรคนี้ได้แก่สภาวะโลหิตจางในแมวและมีบางสายพันธ์เป็นโรคสัตว์สู่คน (zoonosis) การศึกษาครั้งนี้มีจุดประสงค์เพื่อตรวจหาค่าความชุกของโรคบาร์โทเนลโลซิสในแมวที่เลี้ยงใน 8 อำเภอจากจังหวัดสงขลาและจังหวัดสตูลโดยอาศัยเทคนิค PCR ทำการตรวจหายีน *rpo B* ที่จำเพาะต่อเชื้อ *Bartonella* spp. และทำการเก็บข้อมูลอันได้แก่ พื้นที่ที่ทำการเก็บตัวอย่าง อายุและเพศของสัตว์ รูปแบบการเลี้ยงและการพบปรสิตภายนอกตัวสัตว์มาคำนวนความสัมพันธ์ทางสถิติเพื่อวิเคราะห์หาปัจจัยเสี่ยงต่อการแพร่ระบาดของเชื้อ ผลการทดลองพบว่าจากตัวอย่างเลือดทั้งหมด 204 ตัวอย่างพบว่ามีจำนวนตัวอย่างที่พบว่ายีนจำเพาะของเชื้อเชื้อทั้งหมด 8 ตัวอย่าง (3.9%)โดยพบว่าจังหวัดที่มีความชุกของโรคสูงสุดได้แก่จ.สตูลโดยพบความชุกอยู่ที่ 4.54% (4/88) แต่อย่างไรก็ตามพบว่าปัจจัยต่าง ๆ ที่นำมาวิเคราะห์นั้นไม่พบความสัมพันธุ์อย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ ($p>0.05$) ต่อการแพร่ระบาดของโรค ข้อมูลที่ได้จากการศึกษาครั้งนี้สามารถนำไปใช้ในการเฝ้าระวังการระบาดของโรคจากสัตว์สู่สัตว์และสัตว์สู่มนุษย์ในพื้นที่ทำการศึกษาต่อไป

คำสำคัญ: *บาร์โทเนลโลซิส, แมว, เทคนิคพีซีอาร์, จ.สตูล, จ. สงขลา*

Abstract

Bartonellosis is the important rickettsia disease which caused by Bartonella spp. and widely distributed around the world. The important clinical sign in cat is anemia and some *Bartonella* spp can caused of zoonotic disease. The objective of this study is to evaluate the prevalence of barotnellosis infection in cats roamed in 8 districts of Songkla and Satun province by using PCR technique to detect Bartonella *rpo B* gene. In addition, the animal data have been recorded; location, age, sex, living pattern and the ectoparasite detection, and used to analyzed the statistical correlation as the risk factor for disease distribution. The result showed 8 samples (3.9%) from total 204 cat's blood samples were detected the specific gene of the pathogen while the highest prevalence was found in Satun province at 4.54% (4/88). However, the statistical analysis indicated the no

significant (p>0.05) correlation of each factor as the risk factor for disease distribution. These informations will be benefit for the zoonotic disease preventing and controlling program in the population in study areas.

Keywords: *Bartonellosis, cat, PCR technique, Satun, Songkla*

บทนำ

Bartonella spp.เป็นแบคทีเรียที่เป็นสาเหตุทำให้เกิดภาวะโลหิตจางจากการทำลายเม็ดเลือดในแมว (hemolytic anemia)ชนิดหนึ่งและเป็นโรคติดต่อจากสัตว์สู่คนทำให้เกิดโรคแมวข่วนหรือcat scratch diseases (CSD) หรือโรคบาร์โทเนลโลซิส (Bartonellosis) ทั้งนี้โรคบาร์โทเนลโลซิสเป็นโรคติดต่อสำคัญที่และในเชื้อ Bartonella บางสายพันธุ์สามารถติดต่อจากสัตว์สู่คน (Zoonoses)และมีพาหะคือหมัดซึ่งสามารถนำเชื้อสามารถพบแพร่กระจายอยู่ในทั่วโลก อาการที่พบในผู้ที่ติดเชื้อได้แก่อาการมีไข้ และต่อมน้ำเหลืองบวม ภายใน 1-3 สัปดาห์หลังจากติดเชื้อ ในผู้ป่วยส่วนใหญ่มักหายได้เอง (self-limiting illness) แต่อาการต่อมน้ำเหลืองบวมอาจใช้เวลาหลายสัปดาห์หรือเป็นเดือนจึงทุเลาลง สายพันธุ์ที่พบได้ในสัตว์เลี้ยง เช่น *Bartonella henselae* พบในแมวและสัตว์ป่าตระกูลแมว *Bartonella vinsoni* subsp. *berkhoffii* พบในสุนัขและสัตว์ป่าตระกูลสุนัข ทั้งนี้เนื่องจากเชื้อ *Bartonella* spp.ได้มีการแพร่กระจายเป็นอย่างมากในทั่วโลกและสามารถติดต่อจากสัตว์สู่คนได้จึงทำให้มีการเริ่มศึกษาสายพันธ์ของเชื้อ *Bartonella* spp.ในแมวเพิ่มขึ้นมากขึ้น[1-2]

สำหรับข้อมูลทางระบาดวิทยาพบว่าการติดเชื้อ*Bartonella* spp. ในแมวสามารถพบได้ในหลายประเทศทั่วโลกทั้งในทวีปอเมริกาเหนือ อเมริกาใต้ยุโรป เอเชีย และโอเชียเนีย โดยพบว่าค่าความชุกของการติดเชื้อ *Bartonella* spp. ในกระแสเลือดแตกต่างกันในแต่ละพื้นที่ ประชากรแมวที่สำรวจความชุกอยู่ระหว่าง 0% ถึง 62.3% และความชุกทางซีรั่ม (seroprevalence) พบได้ตั้งแต่ 1% ถึง 93% [3] การติดเชื้อร่วมกันของ *B. henselae* และ *B. clarridgeiae*พบได้ทั่วไปโดยความชุกของ *B. henselae* จะเพิ่มขึ้นในเขตร้อนและชื้นซึ่งสภาพอากาศเป็นปัจจัยสำคัญต่อการเพิ่มจำนวนหมัดที่เป็นพาหะในพื้นที่นั้นๆและแมวจรจัดมีความชุกของการติดเชื้อสูงกว่าแมวเลี้ยง [4-6]

สำหรับประเทศไทยมีรายงานพบความชุกของ *B. henselae* ในแมวในกรุงเทพฯถึง 32.3% [7] การศึกษาต่อมาพบว่าสามารถเพาะเชื้อ *B. henselae*และ *B. clarridgeiae*ได้จากเลือดของแมวถึง 27.6% ของแมวที่อาศัยอยู่ในหลายจังหวัดของประเทศทั้งในภาคเหนือ ภาคกลาง ภาคอีสาน และภาคใต้ โดยในปีค.ศ. 2001 มีการรายงานที่จังหวัดขอนแก่นทำการตรวจขและเพาะเชื้อ *Bartonella* spp. ได้จากแมวถึง 50% ของแมวในพื้นที่ในขณะที่กรุงเทพฯทำการตรวจเพาะเชื้อได้จากแมวเลี้ยงคิดเป็น 16.7% [8] ทั้งนี้สำหรับการตรวจความชุกของการติดเชื้อ *Bartonella* spp.ในแมวจรจัดในกรุงเทพฯได้มีการรายงานเพิ่มเติมในปีค.ศ. 2009 และพบว่าความชุกของเชื้อ *Bartonella* spp. คิดเป็น 16.3% โดยประมาณโดยพบว่า98% ของ *Bartonella* spp. ที่เพาะเชื้อได้คือ *B. henselae* [9] และในปีค.ศ. 2011 ได้มีการศึกษาสำรวจตัวอย่างหมัด *C. felis*และ *C. canis*ที่เก็บจากแมวพบว่ามีการตรวจพบสารพันธุกรรมของเชื้อ *B. henselae*และ *B. clarridgeiae*ถึง 18.5% [10] นอกจากนี้ล่าสุดจากการศึกษาในปีค.ศ.2012ซึ่งทำการสำรวจความชุกของ *Bartonella* spp.ในแมวที่โรงพยาบาลสัตว์เล็ก คณะสัตวแพทย์ศาตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย โดยการเก็บตัวอย่างเลือดและหมัดซึ่งส่วนใหญ่เป็นสายพันธุ์ *C. felis* เพื่อนำไปตรวจหา DNA ของ *Bartonella* spp. และเก็บตัวอย่างซีรั่มจากแมวไปตรวจหา IgG antibody ต่อ *Bartonella* spp. พบความชุกของ *Bartonella* spp. DNA ในแมวและหมัด 17% และ 32% ตามลำดับ โดยในการศึกษาครั้งนี้ยังพบว่าการติดเชื้อ *B. henselae* มีความสัมพันธ์กับอายุ การมีหมัดและการควบคุมหมัดอย่างมีนัยสำคัญ โดยแมวอายุน้อยกว่าหนึ่งปีมีโอกาสติดเชื้อ *B. henselae*มากกว่า 4.3 เท่า แมวมีหมัดมีโอกาสติดเชื้อมากกว่า 7 เท่า และแมวที่ได้รับการควบคุมหมัดจะลดโอกาสติดเชื้อลง 4 เท่า[11]

อย่างไรก็ตามยังไม่มีการศึกษาเชื้อนี้ในทางใต้ของประเทศไทยด้วยภูมิประเทศและสภาพแวดล้อมของพื้นที่ดังกล่าวเป็นป่าและมีความชื้นมากเป็นพิเศษเหมาะแก่แพร่หมัดซึ่งพาหะของเชื้อรวมทั้งการเลี้ยงสัตว์ในบริเวณที่เป็นพื้นที่กสิกรรมทำให้ง่ายต่อการติดแมลงพาหะจึงเป็นที่มาของวัตถุประสงค์ในการศึกษาครั้งนี้ การศึกษาครั้งนี้มีจุดมุ่งหมายเพื่อตรวจหาความชุกของเชื้อ

Bartonella spp. และปัจจัยที่มีผลต่อการเกิดโรคบาร์โทเนลโลซิสอันได้แก่ พื้นที่อาศัย เพศ อายุ รูปแบบการเลี้ยงและการพบปรสิตภายนอกจากตัวอย่างแมวใน 4 อำเภอของจังหวัดสตูลและ 4 อำเภอของจังหวัดสงขลาซึ่งค่าความชุกและปัจจัยที่นำมาวิเคราะห์นั้นสามารถใช้เป็นข้อมูลการเฝ้าระวังและป้องกันการแพร่กระจายของเชื้อระหว่างสัตว์สู่สัตว์หรือสายพันธุ์ที่อาจติดต่อจากสัตว์สู่ในพื้นที่ศึกษาต่อไปในอนาคต

วิธีดำเนินการวิจัย

1. พื้นที่ศึกษาและการเก็บตัวอย่างเลือดแมว

กำหนดพื้นที่เก็บตัวอย่างเลือดจากแมวของจังหวัดสตูลทั้งสิ้น 88 ตัวอย่าง ใน 4 อำเภอ ได้แก่ 1) อำเภอเมืองสตูล 25 ตัวอย่าง 2) อำเภอควนโดน 14 ตัวอย่าง 3) อำเภอควนกาหลง 27 ตัวอย่าง 4) อำเภอท่าแพ 22 ตัวอย่าง และเก็บตัวอย่างเลือดจากแมวของจังหวัดสงขลาจำนวนทั้งสิ้น 116 ตัวอย่างจาก4 อำเภอ ได้แก่1) อำเภอรัตภูมิ 30 ตัวอย่าง 2) อำเภอหาดใหญ่ 45 ตัวอย่าง 3) อำเภอคลองหอยโข่ง 33 ตัวอย่าง 4) อำเภอสะเดา 8 ตัวอย่าง

การเก็บตัวอย่างเลือดแมวโดยการเจาะเลือดบริเวณเส้นเลือดดำ Jugular โดยทำการเก็บในปริมาณ 3-5 ml. และนำเลือดมาสกัด DNA โดยทำการแบ่งเลือดสัตว์ออกมาเพื่อการสกัดเป็นปริมาณ100 µl. เพื่อใช้ในการสกัด สารพันธุกรรม (DNA) โดยใช้เทคนิค Phenol – chloroform extraction(12)

2. การตรวจหาเชื้อ *Bartonella* spp.โดยเทคนิค Polymerase Chain Reaction (PCR)

การตรวจเชื้อ *Bartpnella* spp. ตามวิธีการจากการศึกษาก่อนหน้านี้(13) โดยใช้ไพร์เมอร์ 1400F 3’ – CGC – ATT – GGC – TTA – CTT – CGT – ATG 5’ และ 2300R 3’ – GTA – GAC – TGA – TTA – GAA – CGC – TG – 5’ ในขบวนการเพิ่มชิ้นส่วน *Bartonella rpo B* gene ความเข้มข้นของสารในการทำ PCR จะใช้ปริมาณสารต่างๆตามที่กำหนด ส่วนสภาวะในการทำต่างๆได้แก่ เริ่มปฏิกิริยาที่ 95°C เป็นเวลา 5 นาที จากนั้นทำปฏิกิริยาลูกโซ่วน 35 รอบโดย Denaturation ที่ 95°C, 20 วินาที Annealingที่ 42°C, 30 วินาที และ Extension ที่ 60°C, 1 นาที จากนั้นให้เข้าสู่ Extension ครั้งสุดท้ายที่ 72°C เป็นเวลา 5 นาที

หลังจากปฏิกิริยาลูกโซ่เพอรีเมอเรส เสร็จสิ้นให้นำเอาสารที่ได้จากการทำปฏิกิริยามาตรวจด้วยวิธีGel Electrophoresis โดยใช้ Agarose gel 1% ความต่างศักย์ไฟฟ้า 100 volt โดยใช้ระยะเวลา 40 นาที ซึ่งก่อนทำการใส่ตัวอย่างลงในหลุมเจลให้ผสมกับสีผสมสารพันธุกรรมที่มีส่วนผสมของ GelStar® Nucleic Acid Gel Stain แล้วทำการส่องตรวจดูเส้นแถบ DNA ภายใต้แสง ultraviolet ซึ่งหากมีการติดเชื้อให้สัตว์ป่วยดังกล่าวจะสามารถเห็นการเรืองแสงของ DNA ที่มีขนาด 825 bpสำหรับ *Bartonella* spp. *rpo B* gene

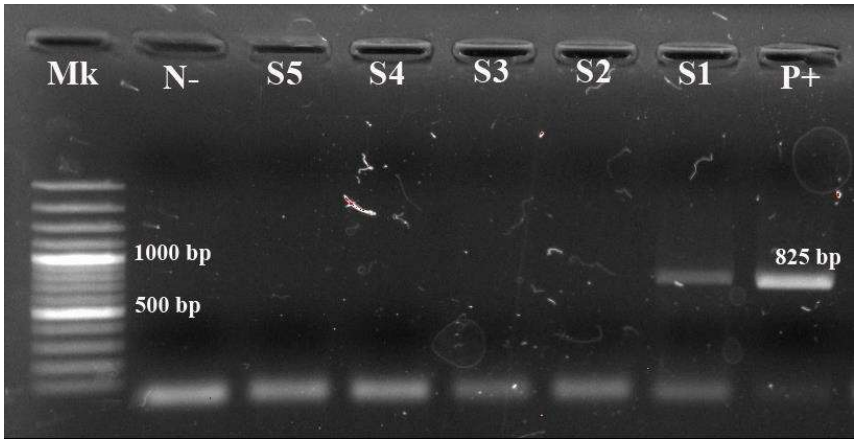
3. การวิเคราะห์ปัจจัยที่มีผลต่อการเกิดโรคบาร์โทเนลโลซิส

ปัจจัยที่อาจจะมีส่วนต่อการแพร่กระจายและติดเชื้อได้แก่ พื้นที่ที่ศึกษา เพศ อายุ รูปแบบการเลี้ยงดูและการพบปรสิตภายนอกจะถูกนำมาวิเคราะห์ในรูปแบบสถิติเชิงพรรนณาโดยใช้โปรแกรม Number Cruncher Statistical System (NCSS) ver. 2000 (Kaysville, UT) เพื่อหาความสัมพันธ์ทางสถิติของแต่ละปัจจัยต่อการระบาดของโรคในแต่ละกลุ่มประชากรสัตว์ที่นำมาศึกษาครั้ง

ผลการวิจัยและอภิปรายผล

จากผลการทดลองตรวจหาเชื้อ *Bartonella* spp.ในแมวเลี้ยงที่อาศัยอยู่ในจังหวัดสตูลและสงขลา ด้วยเทคนิคการตรวจ PCR จากตัวอย่างเลือดทั้งหมดจำนวน 204 ตัวอย่างโดยเป็นตัวอย่างในจังหวัดสตูล 88 ตัวอย่าง และจังหวัดสงขลา 116 ตัวอย่าง พบผลบวกต่อการติดเชื้อ*Bartonella* spp. เป็นจำนวน 8 ตัวคิดเป็นร้อยละ 3.4 ของจำนวนตัวอย่างทั้งหมด โดยจากการตรวจ

ด้วยเทคนิค PCR โดยใช้ *rpoB* gene พบว่าจะสามารถตรวจพบ DNA ของเชื้อได้ที่ขนาด 825 bp (ดังแสดงในภาพที่ 1) โดยพบความชุกของเชื้อสูงสุดที่ อ.ควนโดน จ.สตูล (21.4%; 3/14) (แสดงในตารางที่1)



ภาพที่ 1 แสดงลักษณะ DNA target ของ *rpo B* gene ของเชื้อ *Bartonella* spp. จากตัวอย่างแมวที่ทำการศึกษา โดย (Mk) DNA marker, N-: negative control, S1 – S5:ตัวอย่างที่ทำการศึกษา, P+: positive control

ข้อมูลเกี่ยวกับปัจจัยทางด้านอายุเพศสภาพแวดล้อมที่อยู่อาศัยและการติดปรสิตภายนอกแมวที่นำตัวอย่างมาตรวจจะได้รับการบันทึกข้อมูลดังต่อไปนี้จากจำนวนแมวที่ทำการศึกษาทั้งหมด 204 ตัวอย่าง การแบ่งกลุ่มจะแบ่งตามปัจจัยต่าง ๆ ที่ใช้ในการวิเคราะห์อันได้แก่ กลุ่มอายุ เพศ วิธีการเลี้ยง การพบปรสิตภายนอก และพื้นที่ศึกษา กลุ่มอายุของแมวได้แก่แมวกลุ่มอายุต่ำกว่า 1 ปีตัวอย่างทั้งหมดจำนวน 44 ตัวอย่างและพบจำนวนตัวอย่างติดเชื้อคิดเป็นร้อยละ 2.3 กลุ่มอายุตั้งแต่ 1 ปีขึ้นไปจนถึงอายุ 7 ปีมีจำนวน 157 ตัวอย่างและพบจำนวนตัวอย่างติดเชื้อคิดเป็นร้อยละ 3.3 และกลุ่มแมวที่อายุมากกว่า 7 ปีขึ้นไปมีจำนวน 9 ตัวอย่างและพบจำนวนตัวอย่างติดเชื้อคิดเป็นร้อยละ 11.1 โดยเป็นแมวเพศผู้น้อยกว่าเพศเมียมีจำนวน 80 และ 124 ตัวคิดเป็นร้อยละ 5.0 และ 2.4 ตามลำดับพื้นที่อยู่อาศัยของกลุ่มแมว ตัวอย่างถูกปล่อยอิสระเป็นสัดส่วนมากที่สุดพบติดเชื้อคิดเป็นร้อยละ 40.1 รองลงมาเป็นแมวที่เลี้ยงอยู่ภายในบริเวณบ้านอย่างเดียวพบติดเชื้อคิดเป็นร้อยละ 32.1 เป็นแมวที่เลี้ยงทั้งภายนอกและภายในบริเวณพบติดเชื้อคิดเป็นร้อยละ 6.5 และเป็นกลุ่มแมวทุกตัวที่ถูกเก็บตัวอย่างจะถูกประเมินการติดปรสิตภายนอกด้วยตาเปล่าพบว่าเป็นแมวที่ตรวจไม่พบปรสิตภายนอกจำนวน 188 ตัวอย่างคิดเป็นร้อยละ 2.7 และแมวจำนวน 16 ตัวอย่างพบการติดปรสิตภายนอกแบ่งออกเป็นกลุ่มแมวที่พบเห็บเพียงอย่างเดียวจำนวน 16 ตัวอย่างคิดเป็นร้อยละ 12.5 (ดังแสดงในตารางที่ 2)

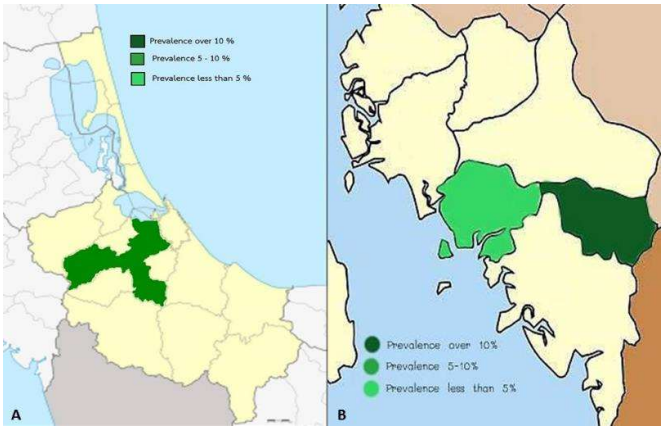
ตารางที่ 1 แสดงความชุกในแต่ละอำเภอของเชื้อ *Bartonella* spp. ในแมวที่อาศัยอยู่ในจังหวัดสงขลาและสตูล

พื้นที่		Total (ตัว)	Positive (%)
จังหวัดสงขลา		**116**	**4 (3.45)**
	อำเภอหอยโข่ง	33	-
	อำเภอสะเดา	8	-
	อำเภอหาดใหญ่	45	4 (8.9)
	อำเภอรัตนภูมิ	30	-
จังหวัดสตูล		**88**	**4 (4.54)**
	อำเภอควนกาหลง	27	-

พื้นที่	Total (ตัว)	Positive (%)
อำเภอเมืองสตูล	25	-
อำเภอท่าแพร	22	1 (4.5)
อำเภอควนโดน	14	3 (21.4)
จำนวนตัวอย่างทั้งหมด	**204**	**8 (3.9)**

ตารางที่ 2 แสดงผลการตรวจเชื้อ *Bartonella spp.* ด้วยวิธี PCR จากกลุ่มตัวอย่างและข้อมูลทางด้านปัจจัยที่มีผลต่อการติดเชื้อ อันได้แก่ จังหวัดที่ทำการศึกษา อายุ เพศ รูปแบบการเลี้ยงและการติดปรสิตภายนอก

ปัยจัยวิเคราะห์	จำนวนทั้งหมด	ผลบวก (%)	ค่าวิเคราะห์ทางสถิติ		
			X^2	df	*P* value
จังหวัด			0.579	1	0.68
-สงขลา	116	4 (3.4)			
-สตูล	88	4 (4.5)			
อายุ			1.553	2	0.45
-ลูกแมว (0-1 ปี)	48	1 (2.3)			
-แมวโตเต็มวัย (1-7ปี)	157	6 (4.0)			
-แมวแก่(มากกว่า 7ปี)	9	1 (11.1)			
เพศ			1.893	1	0.16
-ผู้	80	5 (6.3)			
-เมีย	124	3 (2.4)			
รูปแบบการเลี้ยง			1.641	2	0.44
- นอกบ้าน	98	4 (4.1)			
- ในบ้าน	60	1 (1.7)			
- ทั้งสองแบบ	46	3 (6.5)			
การติดปรสิตภายนอก			3.390	1	0.06
-พบ	16	2 (12.5)			
-ไม่พบ	188	6 (3.2)			
จำนวนทั้งหมด	**204**	**8 (3.9)**			



ภาพที่ 2 แสดงความชุกของเชื้อ *Bartonella* spp. ในประชากรแมวที่ทำการศึกษาในแต่ละพื้นที่

สรุปและวิจารณ์ผลการทดลอง

จากผลการศึกษาในครั้งนี้พบวาตัวอยางเลือดแมวที่นำมาศึกษาจากจังหวัดสตูลและสงขลา ทั้งหมด 204 ตัวอย่าง แบ่งออกเป็นจังหวัดสตูล88 ตัวอย่าง จาก 4 อำเภอไดแก อำเภอควนกาหลง อำเภอควนโดน อำเภอเมืองและอำเภอทาแพ พบแมวที่ให ผลบวกตอการติดเชื้อ *Bartonella* spp.ดวยวิธี PCR เปนจำนวน 4 ตัว คิดเปนรอยละ 4.5 และจังหวัดสงขลา 116 ตัวอย่าง จาก 4 อำเภอไดแก่ อำเภอรัตภูมิ อำเภอหาดใหญ่ อำเภอคลองหอยโข่งและอำเภอสะเดา พบแมวที่ใหผลบวกตอการติดเชื้อ Bartonella spp.ดวยวิธี PCR เปนจำนวน 4 ตัว คิดเปนรอยละ 3.4จากจำนวนตัวอยางที่นำมาศึกษาทั้งหมด เมื่อนำผลการศึกษาที่ไดนี้มาเปรียบเทียบกับผลการรายงานที่ศึกษาในแมวที่อาศัยอยูในจังหวัดกรุงเทพฯพบผลการติดเชื้อ *Bartonella* spp. คิดเปนรอยละ 18.5[11] จากผลดังกลาวแสดงใหเห็นวาแมวที่อาศัยอยูในจังหวัดสตูลและสงขลานั้นมีจำนวนร้อยละของการติดเชื้อต่ำกวาในจังหวัดกรุงเทพฯ

การศึกษาปจจัยทางดานอายุ ครั้งนี้จะแบ่งแมวออกเป็น 3 กลุ่ม (ดังตารางที่ 2) แมวกลุ่มที่ 1 จัดอยู่ในช่วงอายุนอยกวา 1 ป จาก 48 ตัวอย่าง พบแมวที่ใหผลบวกตอการติดเชื้อ *Bartonella* spp.คิดเปนรอยละ2.3 แมวกลุ่มที่ 2 จัดอยู่ในช่วงอายุ1-7 ปี จาก 157 ตัวอย่าง พบแมวที่ใหผลบวกตอการติดเชื้อ *Bartonella* spp.คิดเปนรอยละ4 และแมวกลุ่มที่ 3 จัดอยู่ในช่วงอายุมากกว่า7 ปี จาก 9 ตัวอย่าง พบแมวที่ใหผลบวกตอการติดเชื้อ *Bartonella* spp.คิดเปนรอยละ11.1 ปัจจัยนี้ไม่มีความสัมพันธ์กับการติดเชื้อผลดังกลาวแสดงใหเห็นวานัยสำคัญทางสถิติ ($p>0.05$)

การศึกษาปจจัยทางดานเพศของแมวตอการติดเชื้อ *Bartonella* spp.จากผลการทดลองในครั้งนี้พบวาแมวทั้งเพศผูและเพศเมียมีการตรวจพบการติดเชื้อทั้ง 2 เพศ จึงอาจเปนไปไดวาแมวเพศผู้จาก 80 ตัวอย่าง พบผลบวกตอการติดเชื้อ *Bartonella* spp.คิดเปนรอยละ6.3 และแมวเพศเมียจาก 124 ตัวอย่างพบผลบวกตอการติดเชื้อ *Bartonella* spp.คิดเปนรอยละ2.4 เพศของแมวไม่มีความสัมพันธกับการติดเชื้อ และจากการคำนวณทางสถิติก็พบวาผลการติดเชื้อระหวางเพศผูและเพศเมียไมมีความแตกต่างอยางมีนัยสำคัญทางสถิติ ($p>0.05$)

ดานปจจัยที่อยูอาศัย ในการศึกษาครั้งนี้แมวที่ติดเชื้อแบ่งออกเป็นแมวที่อยู่ในบ้าน อยู่นอกบ้านและอยู่ทั้งในบ้านและนอกบ้าน (ตารางที่ 2) จากผลการศึกษาการติดเชื้อ *Bartonella* spp.ดวยวิธี PCR จากแมวที่อยูในบ้าน 98 ตัวอย่าง พบแมวที่ให ผลบวกตอการติดเชื้อคิดเปนรอยละ4.1 แมวที่อยู่นอกบ้าน 60 ตัวอย่าง พบแมวที่ใหผลบวกตอการติดเชื้อคิดเปนรอยละ1.7 และแมวที่อยู่ทั้งในบ้านและนอกบ้าน46 ตัวอย่าง พบแมวที่ใหผลบวกตอการติดเชื้อคิดเปนรอยละ6.5 ยังไม่พบการรายงานทางดานปจจัยที่อยูอาศัยกับการติดเชื้อ *Bartonella* spp.ในแมวเมื่อวิเคราะหทางสถิติยังไมพบความแตกตางระหวางบริเวณที่อยูอาศัยกับการติดเชื้ออยางมีนัยสำคัญ ($p>0.05$)จึงเปนไปไดวาแมวกลุมนี้ไม่มีความสัมพันธ์ในการติดเชื้อ

ปจจัยทางด่านปรสิตภายนอก จากการศึกษาในครั้งนี้ไดตรวจการติดปรสิตภายนอกโดยพบวาแมวที่ติดปรสิตภายนอก16 ตัวอย่างตรวจพบการติดเชื้อคิดเปนร้อยละ 12.5 และแมวที่ตรวจไมพบปรสิตภายนอก 188 ตัวอย่างตรวจพบการติดเชื้อคิดเปนร้อยละ 3.2 (ดังแสดงในตารางที่2) ซึ่งเมื่อวิเคราะหทางสถิติพบวาไมมีความแตกตางอยางมีนัยสำคัญระหวางการติดเชื้อ *Bartonella* spp.กับการพบปรสิตภายนอก ($p>0.05$)

โดยสรุบได้ว่าปัจจัยต่างๆที่นำมาวิเคราะห์หาความสัมพันธ์ต่อการแพร่ระบาดของเชื้อได้แก่ จังหวัดที่ทำการศึกษา อายุของสัตว์ เพศ รูปแบบการเลี้ยง(ในบ้านหรือนอกบ้าน) และการพบปรสิตภายนอกไม่ส่งผลต่อการติดเชื้ออย่างมีนัยสำคัญ อย่างไรก็ตามพบว่าปริมาณการติดเชื้อจะในกลุ่มที่มีปรสติภายนอกมากกว่ากลุ่มที่ไม่พบปรสิตและพบว่าค่าความชุกของสัตว์ในกลุ่มที่เลี้ยงนอกบ้าน(outdoor)มีค่าสูงกว่ากลุ่มที่เลี้ยงในบ้านแม้ว่าทั้งปัจจัยทั้งสองกลุ่มจะไม่แสดงค่าความแตกต่างอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติก็ตาม จากผลการทดลองครั้งนี้ทำให้ทราบว่ายังมีการระบาดของเชื้อ *Bartonella* spp. ในประชากรแมวภาคใต้ของประเทศไทยแม้จะมีค่าความชุกเพียง 3.9% แต่อย่างไรก็ตามควรมีการติดตามเฝ้าระวังโรคในพื้นที่ที่ทำการศึกษาและพื้นที่ใกล้เคียงเพื่อป้องกันการระบาดของเชื้อเข้าสู่สัตว์เลี้ยงรายอื่นๆต่อไป

เอกสารอ้างอิง

1. Breitschwerdt EB, Maggi RG, Chomel BB, Lappin MR. Bartonellosis: an emerging infectious disease of zoonotic importance to animals and human beings. J.Vet.Emerg.Crit.Care. 2010;20: 8 – 30.

2. Chomel BB, Boulouis HJ, Breitschwerdt EB. Cat scratch disease and other zoonotic *Bartonella* infections. J.Am.Vet.Med.Assoc. 2004;224: 1270 – 79.

3. Boulouis HJ, Chang C, Henn JB, Kasten RW, Chomel BB. Factors associated with the rapid emergence of zoonotic *Bartonella* infections. Vet.Res. 2005;36: 383 – 410.

4. Guptill L, Wu CC, Hogen Esch H, Slater L, Glickman N, Dunham A, et al. Prevalence, risk factors and genetic diversity of *Bartonella henselae* infections in pet cats in four regions of the United States. J. Clin. Microbiol. 2004;42: 652 – 59.

5. Jameson P, Greene C, Regnery R, Dryden M, Marks A, Brown J, et al. Prevalence *of Bartonella henselae* antibodies in pet cats throughout regions of North America. J.Infect.Dis. 1995;172:1145 – 49.

6. Juvet F, Lappin MR, Brennan S, Mooney CT. Prevalence of selected infectious agents in cats in Ireland. J.FelineMed.Surg. 2010;12: 476 – 82.

7. Boonmar S, Poapolathep A, Pisetpaisan K, Sanyathitiseree P, Maruyama S, Katsube Y. Prevalence of Bartonella henselae antibodies in domestic cats in Thailand. Kasetsart J (NatSci). 1997;31:268 – 70.

8. Maruyama S, Sakai T, Morita Y, Tanaka S, Kabeya H, Boonmar S, et al. Prevalence of Bartonella species and 16s rRNA gene types of *Bartonella henselae* from domestic cats in Thailand.Am. J. Trop. Med. Hyg. 2001;65: 783 – 87.

9. Inoue K, Maruyama S, Kabeya H, Kawanami K, Yanai K, Jitchum S, et al. Prevalence of Bartonella infection in cats and dogs in a metropolitan area, Thailand. Epidemiol. Infect. 2009;137: 1568 – 73.

10. Foongladda S, Inthawong D, Kositanont U, Gaywee J. Rickettsia, Ehrlichia, Anaplasma, and Bartonella in ticks and fleas from dogs and cats in Bangkok. VectorBorne Zoonotic Dis. 2011;11: 1335-1341

11. Assarasakorn S, Veir JK, Hawley JR, Brewer MM, Morris AK, Hill AE, et al. Prevalence of Bartonella species, hemoplasmas, and *Rickettsia felis* DNA in blood and fleas of cats in Bangkok, Thailand.Res.Vet.Sci. 2012;93:1213 – 1216.

12. Sambrook J, Russell DW. Molecular cloning: a laboratory manual,3rd ed. Cold Spring Harbor Laboratory Press.New York.

13. Renesto P, Gouvernet J, Drancourt M, Roux V, Raoult D. Use of rpbB gene analysis for detection and identification of Bartonella spcies. Jour.Clinical.Microb.2001;39:430 – 37.