

## บทที่ 4

### ผลการวิเคราะห์ข้อมูล

จากการคัดเลือกตัวอย่างอุจจาระที่พบ *Cryptosporidium* oocyst ในกลุ่มผู้ป่วยที่ติดเชื้อ HIV ที่มารับบริการการตรวจรักษา ณ โรงพยาบาลจุฬาลงกรณ์ พบว่าผู้ป่วยที่ให้อุจจาระเพียงพอ สำหรับการศึกษานี้ จำนวน 30 คน ซึ่งมารับบริการในระหว่างปี ค.ศ.1996 ถึง ปี ค.ศ.2000 เป็นเพศชาย จำนวน 23 คน เพศหญิงจำนวน 7 คน มีอายุเฉลี่ย  $30.96 \pm 14.10$  ปี ช่วงอายุที่มีประชากรมากที่สุดคือ 20 ถึง 40 ปี คิดเป็นร้อยละ 55.17 รองลงมาคือช่วงอายุ 41 ถึง 61 ปี คิดเป็นร้อยละ 27.58 และ 1 ถึง 20 ปี คิดเป็นร้อยละ 17.24 ส่วนใหญ่ผู้ป่วยที่มารับบริการอาศัยอยู่ในเขต กรุงเทพมหานคร และปริมณฑล จำนวน 17 คน คิดเป็นร้อยละ 58.62 ภาคเหนือจำนวน 2 คน คิดเป็นร้อยละ 6.89 ได้แก่จังหวัด เชียงราย และพะเยา ภาคกลางที่ไม่ใช่กรุงเทพและปริมณฑล จำนวน 5 คน คิดเป็นร้อยละ 17.24 ได้แก่จังหวัด สระบุรี สมุทรสาคร นครปฐม กาญจนบุรี และ นครนายก ภาคตะวันออกเฉียงเหนือมีจำนวน 2 คน คิดเป็นร้อยละ 6.89 ได้แก่จังหวัด เลยและอุดรธานี ภาคใต้ มีจำนวน 2 คน คิดเป็นร้อยละ 6.89 ได้แก่จังหวัด สุราษฎร์ธานี และกระบี่ ภาคตะวันออกจำนวน 1 คน คิดเป็นร้อยละ 3.44 ได้แก่จังหวัด ระยอง

ข้อมูลเกี่ยวกับอาชีพของผู้ป่วยมีดังนี้ ทำธุรกิจส่วนตัว จำนวน 9 คน คิดเป็นร้อยละ 30 อาชีพรับจ้างจำนวน 6 คน คิดเป็นร้อยละ 20 รับราชการ 1 คน คิดเป็นร้อยละ 3.33 ไม่ทราบข้อมูล 14 คน คิดเป็นร้อยละ 46.66 ระยะเวลาที่ตรวจพบการติดเชื้อ HIV ของผู้ป่วยมีดังนี้ ระยะเวลาในการติดเชื้อ 1 ปี มีจำนวน 12 คน คิดเป็นร้อยละ 40 ระยะเวลาในการติดเชื้อ 2 ปี มีจำนวน 6 คน คิดเป็นร้อยละ 20 ระยะเวลาในการติดเชื้อ 3 ปี มีจำนวน 3 คน คิดเป็นร้อยละ 10 ระยะเวลาในการติดเชื้อ 4 ปี มีจำนวน 4 คน คิดเป็นร้อยละ 13.33 ระยะเวลาในการติดเชื้อ 5 ปี มีจำนวน 1 คน คิดเป็นร้อยละ 3.33 ไม่ทราบระยะเวลาในการติดเชื้อ มีจำนวน 4 คน คิดเป็นร้อยละ 13.33 ที่มาหรือสาเหตุของการติดเชื้อ HIV เกิดจากมีเพศสัมพันธ์แบบรักต่างเพศ (heterosexual) จำนวน 9 คน คิดเป็นร้อยละ 30 เกิดจากมีเพศสัมพันธ์แบบรักร่วมเพศ (homosexual) จำนวน 1 คน คิดเป็นร้อยละ 3.33 เกิดจากติดเชื้อจากมารดาสู่ทารกในครรภ์ (vertical transmission) จำนวน 4 คน คิดเป็นร้อยละ 13.33 เกิดจากการ ใช้เข็มฉีดยาร่วมกัน (intravenous drug users, IVDU) จำนวน 2 คน คิดเป็นร้อยละ 6.66 และไม่ทราบที่มาของการติดเชื้อ 14 คน คิดเป็นร้อยละ 46.67 (ตารางที่ 3)

รหัส	อายุ	เพศ	ที่อยู่(จังหวัด)	อาชีพ	ระยะเวลาที่ตรวจพบ การติดเชื้อ HIV (ปี)	ที่มาหรือสาเหตุของการติด เชื้อ HIV
CR1	40	ชาย	กระบี่	ธุรกิจส่วนตัว	2	ND
CR3	33	ชาย	กรุงเทพฯ	ธุรกิจส่วนตัว	2	Heterosexual
CR5	32	ชาย	กรุงเทพฯ	ธุรกิจส่วนตัว	ND	IVDU
CR6	32	ชาย	กรุงเทพฯ	ธุรกิจส่วนตัว	ND	Heterosexual
CR7	28	ชาย	กรุงเทพฯ	ND	1	Heterosexual
CR8	5	ชาย	สระบุรี	ND	2	Vertical transmission
CR10	32	หญิง	กรุงเทพฯ	ธุรกิจส่วนตัว	4	ND
CR13	27	ชาย	สมุทรสาคร	ND	1	ND
CR17	46	หญิง	กรุงเทพฯ	ND	1	ND
CR18	45	ชาย	กรุงเทพฯ	ธุรกิจส่วนตัว	5	Homosexual
CR19	6	ชาย	เชียงราย	ND	2	Vertical transmission
CR20	38	ชาย	กาญจนบุรี	รับราชการ	3	ND
CR21	6	หญิง	กรุงเทพฯ	ND	6	Vertical transmission
CR22	49	ชาย	กรุงเทพฯ	รับจ้าง	3	ND
CR23	48	ชาย	นครปฐม	รับจ้าง	4	Heterosexual
CR26	ND	ชาย	ND	ND	ND	ND
CR27	29	ชาย	กรุงเทพฯ	รับจ้าง	2	ND
CR29	2	ชาย	อุดรธานี	ND	2	Vertical transmission
CR30	37	หญิง	ระยอง	ND	1	ND
CR31	26	ชาย	กรุงเทพฯ	ธุรกิจส่วนตัว	ND	ND
CR32	55	ชาย	กรุงเทพฯ	รับจ้าง	1	Heterosexual
CR34	29	ชาย	สุราษฎร์ธานี	ธุรกิจส่วนตัว	2	Heterosexual
CR36	43	ชาย	กรุงเทพฯ	รับจ้าง	4	ND
CR45	22	หญิง	นครนายก	ND	3	Heterosexual
CR46	30	ชาย	สมุทรปราการ	ธุรกิจส่วนตัว	1	ND
CR50	18	หญิง	พะเยา	ND	5	Heterosexual
CR51	27	ชาย	ปทุมธานี	ND	1	IVDU
CR52	43	ชาย	สมุทรปราการ	รับจ้าง	1	ND
CR53	46	ชาย	สมุทรปราการ	ND	1	Heterosexual
CR55	27	หญิง	เลย	ND	4	ND

ตารางที่ 3 แสดงข้อมูลทั่วไปของกลุ่มตัวอย่าง  
 ND หมายถึง ไม่มีข้อมูล IVDU = Intravenous drug users

ผลการวิเคราะห์การตรวจทางโลหิตวิทยาที่มีดังต่อไปนี้ ค่าเฉลี่ยระดับความเข้มข้นของเลือด (hematocrit) คิดเป็นร้อยละ  $34.80 \pm 9.04$  โดยมีค่าเฉลี่ยของปริมาณเม็ดเลือดแดงต่อ 1 ไมโครลิตร คิดเป็น  $3.68 \pm 0.77$  ล้าน ค่าเฉลี่ยของปริมาณเม็ดเลือดขาวต่อ 1 ไมโครลิตร คิดเป็น  $5,090 \pm 2,660$  ค่าเฉลี่ยจำนวน neutrophil คิดเป็นร้อยละ  $54.93 \pm 15.36$  ค่าเฉลี่ยจำนวน lymphocyte คิดเป็นร้อยละ  $29.98 \pm 12.21$  ค่าเฉลี่ยของ CD4+ และ CD8+ lymphocyte คิดเป็นร้อยละ  $103.72 \pm 134.203$  และ  $939.79 \pm 619.54$  เซลล์ต่อไมโครลิตร ตามลำดับ นอกจากนี้ยังพบว่าผู้ป่วยทุกรายมีค่าสัดส่วน CD4:CD8 ต่ำกว่า 0.5 โดยพบสัดส่วนต่ำสุดคือ 0.04 และสูงสุดคือ 0.33 สำหรับปริมาณเกร็ดเลือดไม่พบความผิดปกติชัดเจน ยกเว้นมีผู้ป่วย 8 รายมีปริมาณเกร็ดเลือดต่ำกว่าปกติเล็กน้อย (ตารางที่ 4)

สำหรับการติดเชื้ออื่นๆ ที่ตรวจพบร่วมด้วยในกลุ่มผู้ป่วยที่ศึกษาได้แก่ oral candidiasis (OC) จำนวน 9 คน pneumonia ที่ตอบสนองต่อการรักษาด้วย co-trimoxazole จำนวน 5 คน pulmonary tuberculosis จำนวน 8 คน sinusitis จำนวน 4 คน pruritic papular eruption (PPE) จำนวน 15 คน oral hairy leukoplakia (OHL) จำนวน 8 คน และเชื้ออื่นๆ ได้แก่ bronchitis, hepatitis B, hepatitis C, genital herpes, vaginal candidiasis, *Mycobacterium avium* complex, *Salmonella* group C, herpes zoster, condyloma acuminata และ tuberculosis meningitis จำนวน 13 คน (ตารางที่ 5)

อาการที่ผู้ป่วยมาพบแพทย์ทุกรายมีอาการท้องเสียเป็นน้ำเป็นส่วนใหญ่ และในบางรายมีอาการท้องเสียเป็นน้ำปนมูก นอกจากนี้ยังพบว่าผู้ป่วยบางรายมีอาการเบื่ออาหาร คลื่นไส้อาเจียน และปวดท้อง คิดเป็นร้อยละ 55.1 ร้อยละ 37.9 ร้อยละ 44.8 และร้อยละ 27.5 ตามลำดับ สำหรับอาการอื่นๆที่อาจพบร่วมด้วยได้แก่ ไข้ คิดเป็นร้อยละ 44.8 ไอ คิดเป็นร้อยละ 45.8 อ่อนเพลีย คิดเป็นร้อยละ 44.8 และปวดศีรษะ คิดเป็นร้อยละ 20.6 (ตารางที่ 6)

ผลการตรวจวินิจฉัยเชื้อ *Cryptosporidium* จากการย้อมอุจจาระผู้ป่วยที่ติดเชื้อไวรัส HIV ด้วยวิธี modified Kinyoun acid fast stain จะเห็นลักษณะของ oocyst ติดสีแดงภายในมี sporozoite รูปร่างคล้ายพระจันทร์เสี้ยวหรือกล้วยหอม และในส่วนของกากอุจจาระ เชื้อรวบรวมทั้งแบบที่เรียต่างๆ เห็นการติดสีเป็นสีเขียวซึ่งสามารถแยกออกจากลักษณะของ oocyst ได้อย่างชัดเจน (รูปที่ 3) ซึ่งมีความแตกต่างจากการดูอุจจาระสดภายหลังจากที่ได้ทำการแยกกากอุจจาระด้วยวิธี Sheather sugar flotation นำมาดูด้วยกล้องจุลทรรศน์กำลังขยาย 1000 เท่าสามารถเห็นลักษณะของ oocyst กลมรี และมีลักษณะวาวขนาดประมาณ 4-6 ไมครอน (รูปที่ 4)

รหัสน	Hct (%)	RBC ( $\times 10^6/\mu\text{l}$ )	WBC ( $\times 10^3/\mu\text{l}$ )	Ne (%)	Ly (%)	Mo (%)	Eo (%)	Ba (%)	Plt (%)	CD4 ( $\mu\text{l}$ )	CD8 ( $\mu\text{l}$ )	CD4:CD8
CR1	41.70	3.78	4.30	33.4	45	8.7	6.4	1	384	74	1035	0.07
CR3	21.10	4.04	1.20	15.1	44	11	28	1.7	358	15	231	0.06
CR5	40.20	3.58	3.80	44.4	41	11.6	2.6	0.6	130	62	1023	0.06
CR6	43.10	4.40	6.53	73.7	9.2	7	10	1	120	147	1688	0.09
CR7	36.00	4.74	1.73	52.8	27	19.1	1.2	0	155	32	363	0.08
CR8	34.80	3.90	9.50	33	56	8	3	0	341	736	2207	0.33
CR10	32.90	3.11	2.84	58.2	27	11.2	2.3	0	212	33	595	0.06
CR13	30.90	3.50	4.12	60	38	2	0	1.7	347	106	1149	0.09
CR17	38.00	4.70	5.34	69	16	10	6	0	181	26	317	0.08
CR18	43.20	4.04	8.10	59.3	30	8	2.2	0	201	147	1688	0.09
CR19	25.40	3.55	5.40	63	32	4	1	0.1	343	82	487	0.11
CR20	30.30	3.08	6.80	52.8	31	11	4.5	0.4	313	259	970	0.27
CR21	25.40	2.80	2.54	83	6	10	1	0	182	139	708	0.2
CR22	37.20	3.79	5.50	52.8	29	15.2	2.2	0.4	214	139	1188	0.12
CR23	24.40	2.19	1.70	68.8	16	11.5	2.9	1	113	26	339	0.08
CR26	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND
CR27	40.80	4.67	1.22	46.7	30	8.4	11	1	315	5.9	1927	0.25
CR29	29.20	4.14	7.94	64	25	6.32	0.9	0	346	71	1230	0.06
CR30	28.70	3.32	6.82	69.8	24	4.68	0.9	0.9	283	36	552	0.06
CR31	42.80	5.07	1.00	55.3	29	7.4	4.8	0.7	320	78	556	0.14
CR32	63.80	3.20	4.69	30.5	54	4.2	4.5	0.5	250	70	994	0.07
CR34	45.20	4.15	7.50	34.6	38	8.3	9.1	0.6	243	144	2362	0.06
CR36	16.40	1.44	1.20	66.2	24	8.2	1.3	0.3	157	29	156	0.19
CR45	38.40	3.96	7.40	61	32	7	0	0	265	71	1113	0.06
CR46	29.50	3.37	3.10	81.9	8.4	6.8	1.1	0.2	355	36	146	0.25
CR50	34.70	3.97	5.99	54.7	26	8.7	6.4	0.6	180	90	1132	0.08
CR51	36.90	3.00	6.65	53.3	36	8.2	2	0.1	250	121	1593	0.08
CR52	28.50	3.10	2.40	52	31	6	9	1	242	4	101	0.04
CR53	35.90	3.82	3.76	52.5	43	4	2	0	282	100	679	0.15
CR55	33.90	4.28	9.42	51.2	23	9	14	0.4	462	129	725	0.17

ตารางที่ 4 แสดงผลการตรวจทางโลหิตวิทยา และปริมาณ CD4+ และ CD8+lymphocyte

Hct = Hematocrit, RBC= Erythrocyte count, WBC = White blood cell count, Ne = Neutrophils

Ly = Lymphocyte, Mo = Monocyte, Eo = Eosinophili, Ba = Basophil, Plt = Platelet,

CD4 = CD4+lymphocyte, CD8 = CD8+lymphocyte

รหัส	OC	OHL	PPE	Pneumonia	Pulmonary TB	Sinusitis	อื่นๆ
CR1	-	-	+	-	-	-	-
CR3	+	+	-	-	-	-	Bronchitis
CR5	+	+	+	-	+	-	Hepatitis B & C
CR6	-	+	+	-	-	-	-
CR7	-	-	-	-	-	+	Genital herpes
CR8	-	-	-	-	+	-	-
CR10	-	+	+	-	-	-	Vaginal candidiasis
CR13	-	-	+	-	-	-	-
CR17	-	-	-	-	-	-	<i>Mycobacterium avium</i> complex
CR18	-	-	-	-	-	-	-
CR19	-	-	+	+	-	+	-
CR20	+	-	+	-	+	-	-
CR21	-	-	-	+	-	+	-
CR22	-	-	+	+	-	-	-
CR23	-	+	+	-	+	-	-
CR26	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND
CR27	-	-	+	-	+	-	<i>Salmonella</i> group C
CR29	+	-	-	+	-	-	-
CR30	+	+	+	-	-	-	-
CR31	+	+	+	+	+	+	Herpes zoster
CR32	+	+	+	-	-	-	-
CR34	-	-	+	-	-	-	-
CR36	-	-	-	-	-	-	Condyloma acuminata
CR45	+	-	+	-	+	-	-
CR46	-	-	-	-	-	-	TB meningitis
CR50	-	-	-	-	-	-	Herpes zoster
CR51	-	-	-	-	-	-	-
CR52	-	-	-	-	-	-	-
CR53	-	-	-	-	+	-	Hepatitis B
CR55	+	-	-	-	-	-	-

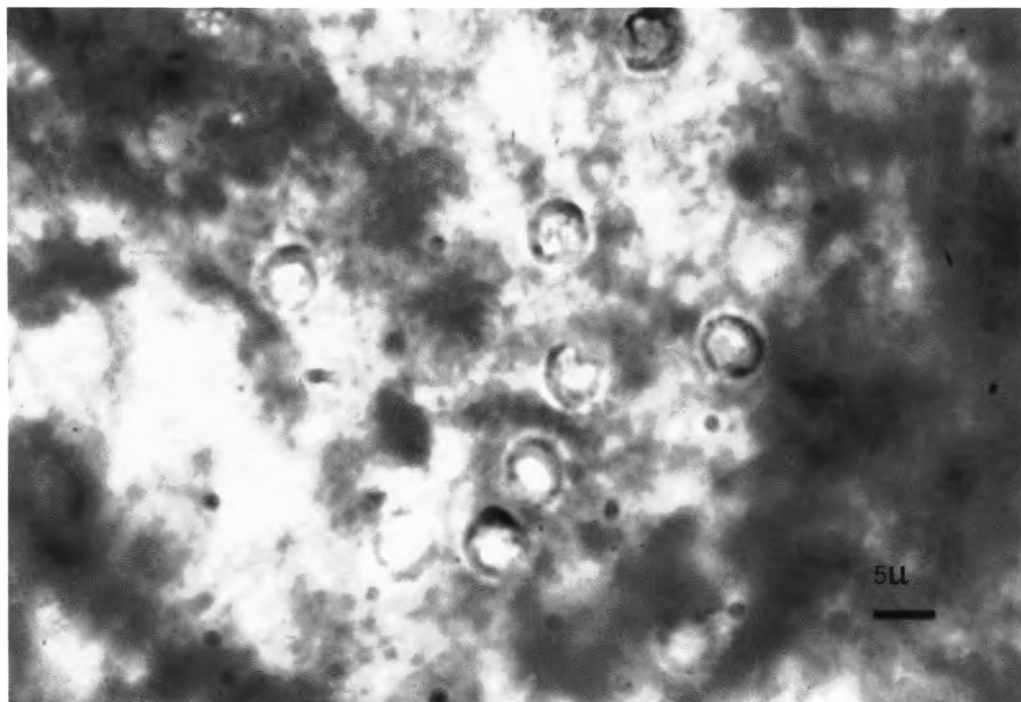
ตารางที่ 5 อาการแทรกซ้อนและการตรวจพบเชื้ออื่นๆ รวมด้วย

- หมายถึง ไม่มีอาการแสดง + หมายถึง อาการแสดง ND หมายถึง ไม่มีข้อมูล TB หมายถึง Tuberculosis

รหัส	อาการที่ผู้ป่วยมาพบแพทย์								
	ไข้	ไอ	อ่อนเพลีย	ปวดศีรษะ	อาการระบบทางเดินอาหาร				
					เบื่ออาหาร	ท้องเสีย	คลื่นไส้	อาเจียน	ปวดท้อง
CR1	-	-	+	+	+	+	+	+	+
CR3	+	+	+	-	+	+	+	+	-
CR5	-	+	-	-	-	+	+	+	+
CR6	-	-	-	-	-	+	-	-	-
CR7	-	-	-	-	-	+	+	+	-
CR8	+	-	-	-	-	+	-	-	-
CR10	+	-	-	-	-	+	+	+	+
CR13	+	+	+	-	+	+	-	-	-
CR17	-	+	-	-	-	+	-	-	-
CR18	+	-	-	-	-	+	-	-	-
CR19	+	+	+	+	+	+	+	+	+
CR20	-	+	+	+	+	+	-	-	-
CR21	+	+	+	-	+	+	+	+	+
CR22	-	-	-	-	+	+	-	-	-
CR23	+	+	+	+	-	+	+	+	+
CR26	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND
CR27	-	-	+	-	-	+	-	-	-
CR29	+	+	+	-	+	+	+	+	+
CR30	+	-	-	-	+	+	+	+	-
CR31	-	-	-	-	-	+	-	+	-
CR32	-	-	-	-	-	+	-	-	-
CR34	-	-	-	-	-	+	-	-	-
CR36	-	+	-	-	+	+	-	-	-
CR45	+	+	+	+	+	+	-	+	+
CR46	-	-	-	-	+	+	-	-	-
CR50	+	+	+	-	+	+	+	+	-
CR51	+	+	-	+	+	+	-	-	-
CR52	-	-	-	-	+	+	-	-	-
CR53	-	-	+	-	-	+	-	-	-
CR55	-	-	+	-	+	+	-	-	-

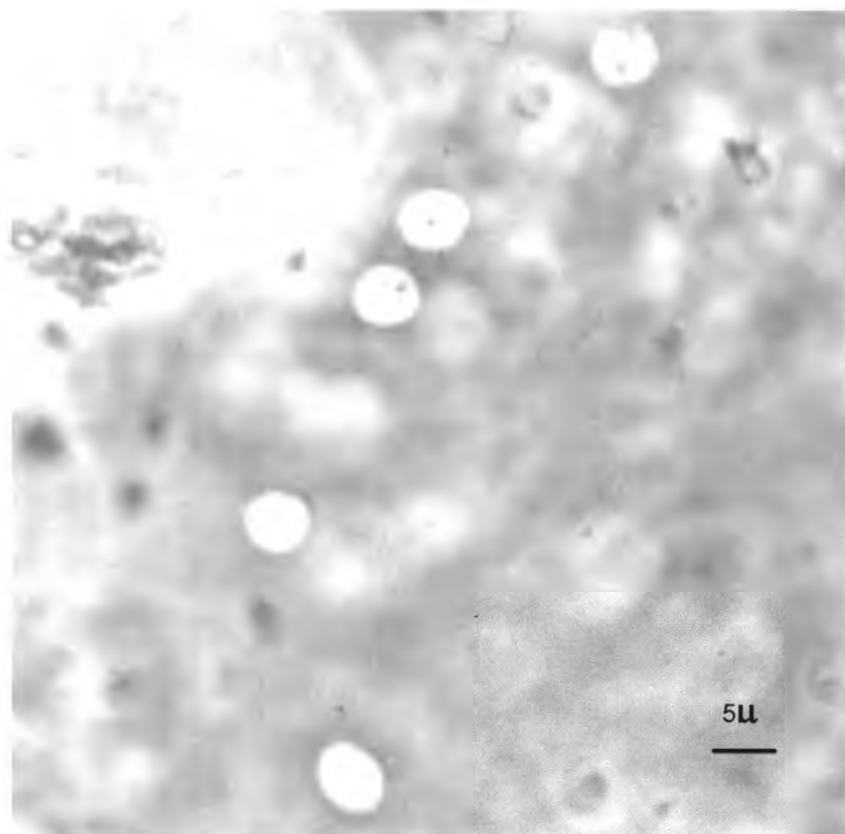
ตารางที่ 6 แสดงอาการที่ผู้ป่วยมาพบแพทย์

- หมายถึง ไม่มีอาการแสดง + หมายถึง อาการแสดง ND หมายถึง ไม่มีข้อมูล



รูปที่ 3 แสดงตัวอย่างลักษณะ oocyst ของ *Cryptosporidium* จากผู้ป่วยที่ติดเชื้อไวรัส HIV ย้อมด้วยสี modified Kinyoun acid fast

— แทนความยาว 5 ไมครอน (μ)



รูปที่ 4 แสดงตัวอย่าง oocyst ของ *Cryptosporidium* ที่แยกออกจากอุจจาระ โดยวิธี Sheather sugar flotation ดูด้วยกล้องจุลทรรศน์ กำลังขยาย 1,000 เท่า

— แทนความยาว 5 ไมครอน (µ)

จากการย้อมสีพิเศษสามารถวัดขนาดของ oocyst ของแต่ละตัวอย่าง จำนวนตัวอย่างละ 30 oocyst โดยวัดขนาดตามความยาวและความกว้าง ซึ่งสามารถแยกความแตกต่างจากขนาดของ oocyst ได้เป็น 3 กลุ่มคือ กลุ่มแรกเป็นกลุ่มที่มีขนาดของ oocyst เล็กที่สุดมีความยาวอยู่ในช่วง 3.5 ถึง 6.0 ไมครอน มีค่าเฉลี่ยเท่ากับ  $4.64 \pm 0.65$  ไมครอน ขนาดความกว้างอยู่ในช่วง 3.0 ถึง 4.8 ไมครอน มีค่าเฉลี่ยเท่ากับ  $4.07 \pm 0.57$  ไมครอน ได้แก่ตัวอย่าง CR1 กลุ่มที่สองเป็นกลุ่มตัวอย่างที่มีขนาด oocyst ปานกลาง มีความยาวอยู่ในช่วง 4.0 ถึง 6.5 ไมครอน มีค่าเฉลี่ยเท่ากับ  $5.38 \pm 0.49$  ไมครอน ความกว้างอยู่ในช่วง 4.0 ถึง 6.0 ไมครอน มีค่าเฉลี่ยเท่ากับ  $4.69 \pm 0.39$  ไมครอน ได้แก่ตัวอย่าง CR3 CR5 CR6 CR7 CR8 CR10 CR13 CR17 CR18 CR20 CR21 CR22 CR23 CR26 CR27 CR29 CR30 CR31 CR32 CR34 CR36 CR45 CR46 CR50 CR51 CR52 CR53 และ CR55 ในกลุ่มที่สามเป็นกลุ่มที่มีขนาดของ oocyst ใหญ่ที่สุดมีความยาวอยู่ใน



ช่วง 7.5 ถึง 9.0 ไมครอน มีค่าเฉลี่ยเท่ากับ  $8.43 \pm 0.44$  ไมครอน ความกว้างอยู่ในช่วง 5.5 ถึง 7.0 ไมครอน มีค่าเฉลี่ยเท่ากับ  $6.25 \pm 0.42$  ไมครอน ได้แกตัวอย่างที่ CR19 (ตารางที่ 7) อย่างไรก็ตามเมื่อพิจารณาถึงดัชนีขนาด หรือสัดส่วนระหว่างความยาวต่อความกว้างของ oocyst พบว่า oocyst ในกลุ่มที่ 1 และในกลุ่มที่ 2 ไม่แตกต่างกัน แต่ในกลุ่มที่ 3 มีความแตกต่างจากกลุ่มที่ 1 และ 2 อย่างชัดเจน

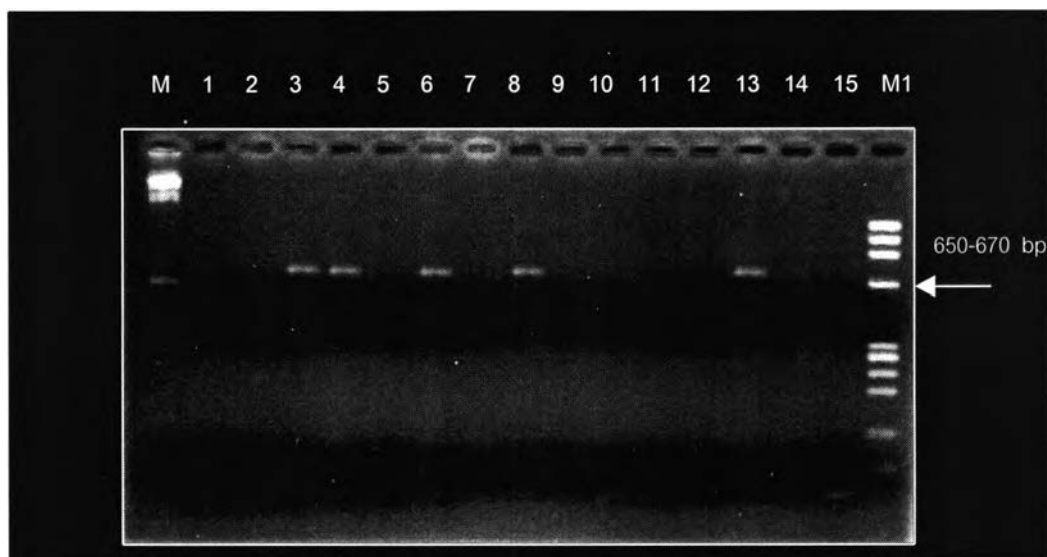
ผลการตรวจเชื้อ *Cryptosporidium* ด้วยวิธี PCR รอบแรกจากการใช้ PCR primers คู่นอก (P1 และ P2) ให้ผลบวกในตัวอย่าง CR1 CR3 CR5 CR6 CR7 CR10 CR13 CR20 CR21 CR32 และ CR34 ซึ่งมีความยาวประมาณ 650-670 คู่เบส คิดเป็นร้อยละ 36.66 โดยแถบผลิตภัณฑ์ PCR แสดงในรูปที่ 5 และ รูปที่ 7 เมื่อนำผลิตภัณฑ์จาก PCR รอบแรกมาทำปฏิกิริยา PCR ในรอบที่สอง โดยใช้ PCR primers คู่ใน (P3 และ P4) ให้ผลบวกทั้งหมดโดยมีความยาวของผลิตภัณฑ์ PCR ประมาณ 480-500 คู่เบส ถึงแม้ว่าตัวอย่างบางตัวอย่างให้ผลลบในการทำปฏิกิริยา PCR ในรอบแรก แต่สามารถให้ผลบวกในรอบที่สองนี้ได้เช่นกัน โดยแถบผลิตภัณฑ์ PCR ส่วนหลังแสดงในรูปที่ 6 และรูปที่ 8 ซึ่งได้แกตัวอย่างที่ CR1 CR3 CR5 CR6 CR7 CR8 CR10 CR13 CR17 CR18 CR19 CR20 CR21 CR22 CR23 CR26 CR27 CR29 CR30 CR31 CR32 CR34 CR36 CR45 CR46 CR50 CR51 CR52 CR53 และ CR55

ผลจากการวิเคราะห์การเรียงลำดับเบสของ DNA ในส่วนของ SSU rRNA gene โดยการใช้ primers P3 (รูปที่ 9) สังเกตได้ว่าสัญญาณของการวิเคราะห์ลำดับเบสให้ผลการแยกชนิดของเบสได้ชัดเจนโดยสัญญาณลำดับเบสของ DNA มีการแสดงของสีต่างๆ แยกจากกันคือ A G C T ปรากฏเป็นสีเขียว ดำ น้ำเงิน และแดง ตามลำดับ อย่างไรก็ตามเพื่อเป็นการยืนยันในการวิเคราะห์ลำดับเบสจำเป็นต้องใช้ primer อีกชนิดหนึ่งคือ primer P4 เพื่อตรวจสอบลำดับเบสของ DNA ต้นแบบที่เป็น complementary strand (รูปที่ 10)

รหัส	ค่าพิสัยขนาดของ oocyst (ค่าเฉลี่ย $\pm$ ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน)		
	ความยาว ( $\mu$ )	ความกว้าง ( $\mu$ )	ดัชนีขนาด*
CR1	3.5-6.0 (4.64 $\pm$ 0.65)	3.0-4.8 (4.07 $\pm$ 0.57)	1.04-1.38 (1.14 $\pm$ 0.08)
CR3	4.5-5.8 (5.19 $\pm$ 0.31)	4.0-5.2 (4.63 $\pm$ 0.39)	1.04-1.25 (1.12 $\pm$ 0.06)
CR5	4.8-6.5 (5.26 $\pm$ 0.36)	4.0-6.0 (4.69 $\pm$ 0.44)	1.00-1.45 (1.13 $\pm$ 0.08)
CR6	4.8-5.8 (5.26 $\pm$ 0.33)	4.0-5.0 (4.70 $\pm$ 0.32)	1.04-1.25 (1.12 $\pm$ 0.05)
CR7	4.5-6.0 (5.28 $\pm$ 0.42)	4.0-5.8 (4.72 $\pm$ 0.47)	1.03-1.25 (1.12 $\pm$ 0.06)
CR8	4.2-6.0 (5.22 $\pm$ 0.46)	4.0-5.2 (4.62 $\pm$ 0.43)	1.04-1.25 (1.13 $\pm$ 0.06)
CR10	5.0-6.0 (5.22 $\pm$ 0.29)	4.0-5.8 (4.60 $\pm$ 0.42)	1.03-1.05 (1.14 $\pm$ 0.08)
CR13	4.5-5.8 (5.24 $\pm$ 0.32)	4.0-5.0 (4.58 $\pm$ 0.35)	1.04-1.40 (1.15 $\pm$ 0.09)
CR17	4.5-6.0 (5.22 $\pm$ 0.42)	4.0-5.6 (4.58 $\pm$ 0.39)	1.04-1.33 (1.14 $\pm$ 0.08)
CR18	4.8-6.0 (5.25 $\pm$ 0.34)	4.0-5.2 (4.59 $\pm$ 0.42)	1.04-1.25 (1.16 $\pm$ 0.11)
CR19	7.5-9.0 (8.43 $\pm$ 0.44)	5.5-7.0 (6.25 $\pm$ 0.42)	1.30-1.47 (1.35 $\pm$ 0.07)
CR20	4.8-6.0 (5.28 $\pm$ 0.35)	4.0-5.5 (4.64 $\pm$ 0.45)	1.04-1.25 (1.14 $\pm$ 0.07)
CR21	4.2-6.2 (5.28 $\pm$ 0.47)	4.0-6.0 (4.66 $\pm$ 0.52)	1.03-1.25 (1.14 $\pm$ 0.07)
CR22	4.8-6.0 (5.36 $\pm$ 0.37)	4.0-5.8 (4.67 $\pm$ 0.42)	1.04-1.45 (1.15 $\pm$ 0.10)
CR23	4.0-6.5 (5.38 $\pm$ 0.49)	4.0-5.8 (4.65 $\pm$ 0.48)	1.03-1.38 (1.16 $\pm$ 0.08)
CR26	4.5-6.5 (5.32 $\pm$ 0.45)	4.0-6.0 (4.67 $\pm$ 0.57)	1.04-1.30 (1.15 $\pm$ 0.08)
CR27	4.0-6.0 (5.26 $\pm$ 0.49)	3.5-5.4 (4.56 $\pm$ 0.46)	1.04-1.25 (1.16 $\pm$ 0.10)
CR29	4.2-6.2 (5.27 $\pm$ 0.44)	4.0-6.0 (4.68 $\pm$ 0.51)	1.03-1.25 (1.13 $\pm$ 0.07)
CR30	4.0-6.0 (5.33 $\pm$ 0.43)	4.0-5.8 (4.58 $\pm$ 0.48)	1.04-1.33 (1.17 $\pm$ 0.07)
CR31	4.8-6.0 (5.33 $\pm$ 0.35)	4.0-5.8 (4.62 $\pm$ 0.43)	1.04-1.43 (1.16 $\pm$ 0.10)
CR32	5.0-6.0 (5.30 $\pm$ 0.35)	4.0-5.8 (4.66 $\pm$ 0.52)	1.03-1.38 (1.15 $\pm$ 0.10)
CR34	4.2-6.0 (5.27 $\pm$ 0.53)	4.0-5.5 (4.59 $\pm$ 0.48)	1.04-1.50 (1.15 $\pm$ 0.10)
CR36	4.6-6.0 (5.35 $\pm$ 0.47)	4.0-5.0 (4.65 $\pm$ 0.45)	1.04-1.33 (1.16 $\pm$ 0.07)
CR45	4.8-5.8 (5.27 $\pm$ 0.31)	4.0-5.0 (4.61 $\pm$ 0.39)	1.04-1.25 (1.15 $\pm$ 0.07)
CR46	4.8-6.0 (5.30 $\pm$ 0.41)	4.0-5.5 (4.62 $\pm$ 0.41)	1.04-1.30 (1.15 $\pm$ 0.07)
CR50	4.8-6.0 (5.20 $\pm$ 0.41)	4.0-5.0 (4.58 $\pm$ 0.37)	1.04-1.25 (1.16 $\pm$ 0.07)
CR51	4.8-6.2 (5.35 $\pm$ 0.47)	4.5-6.0 (4.63 $\pm$ 0.40)	1.04-1.33 (1.16 $\pm$ 0.07)
CR52	4.2-6.0 (5.23 $\pm$ 0.46)	4.0-5.2 (4.56 $\pm$ 0.33)	1.04-1.25 (1.15 $\pm$ 0.06)
CR53	4.2-6.0 (5.30 $\pm$ 0.50)	4.0-5.2 (4.66 $\pm$ 0.38)	1.04-1.38 (1.14 $\pm$ 0.07)
CR55	4.0-6.0 (5.37 $\pm$ 0.36)	4.0-5.0 (4.65 $\pm$ 0.33)	1.08-1.25 (1.16 $\pm$ 0.08)

ตารางที่ 7 แสดงขนาดของ oocyst จากการวัด 30 oocyst ในแต่ละตัวอย่าง

\* หมายถึง ดัชนีขนาด (Shape Index) = ความยาวของ oocyst / ความกว้างของ oocyst



รูปที่ 5 แสดงผลผลิต PCR รอบแรกจากการใช้ PCR primers ดูนอก ในส่วน SSU rRNA gene ของเชื้อ *Cryptosporidium* ซึ่งมีความยาวประมาณ 650-670 คู่เบส วิเคราะห์โดย 2% agarose gel electrophoresis

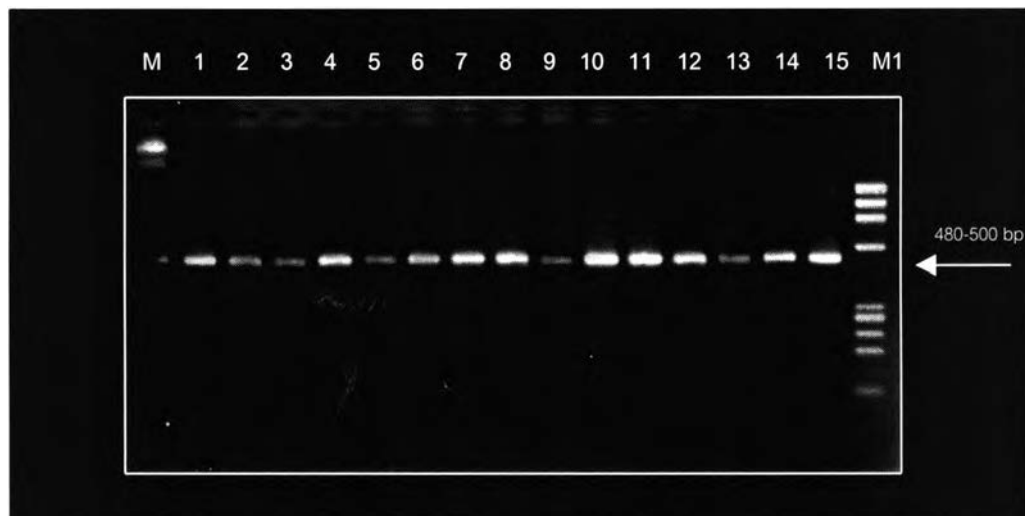


รูปที่ 6 แสดงผลผลิต PCR รอบสองจากการใช้ PCR primers ดูนอก ในส่วน SSU rRNA gene ของเชื้อ *Cryptosporidium* ด้วย 2% agarose gel electrophoresis ซึ่งมีความยาวประมาณ 480-500 คู่เบส

โดย M คือ  $\lambda$ /Hind I, M1 คือ  $\phi$  174/Hind I และ 1=CR1, 2=CR3, 3=CR5, 4=CR6, 5=CR7, 6=CR8, 7=CR10, 8=CR13, 9=CR17, 10=CR18, 11=CR19, 12=CR20, 13=CR21, 14=CR22 และ 15=CR23



รูปที่ 7 แสดงผลผลิต PCR รอบแรกจากการใช้ PCR primers ต่อก่อน ในส่วน SSU rRNA gene ของเชื้อ *Cryptosporidium* ซึ่งมีความยาวประมาณ 650-670 คู่เบส วิเคราะห์โดย 2% agarose gel electrophoresis



รูปที่ 8 แสดงผลผลิต PCR รอบแรกจากการใช้ PCR primers ต่อก่อน ในส่วน SSU rRNA gene ของเชื้อ *Cryptosporidium* ซึ่งมีความยาวประมาณ 480-500 คู่เบส วิเคราะห์โดย 2% agarose gel electrophoresis

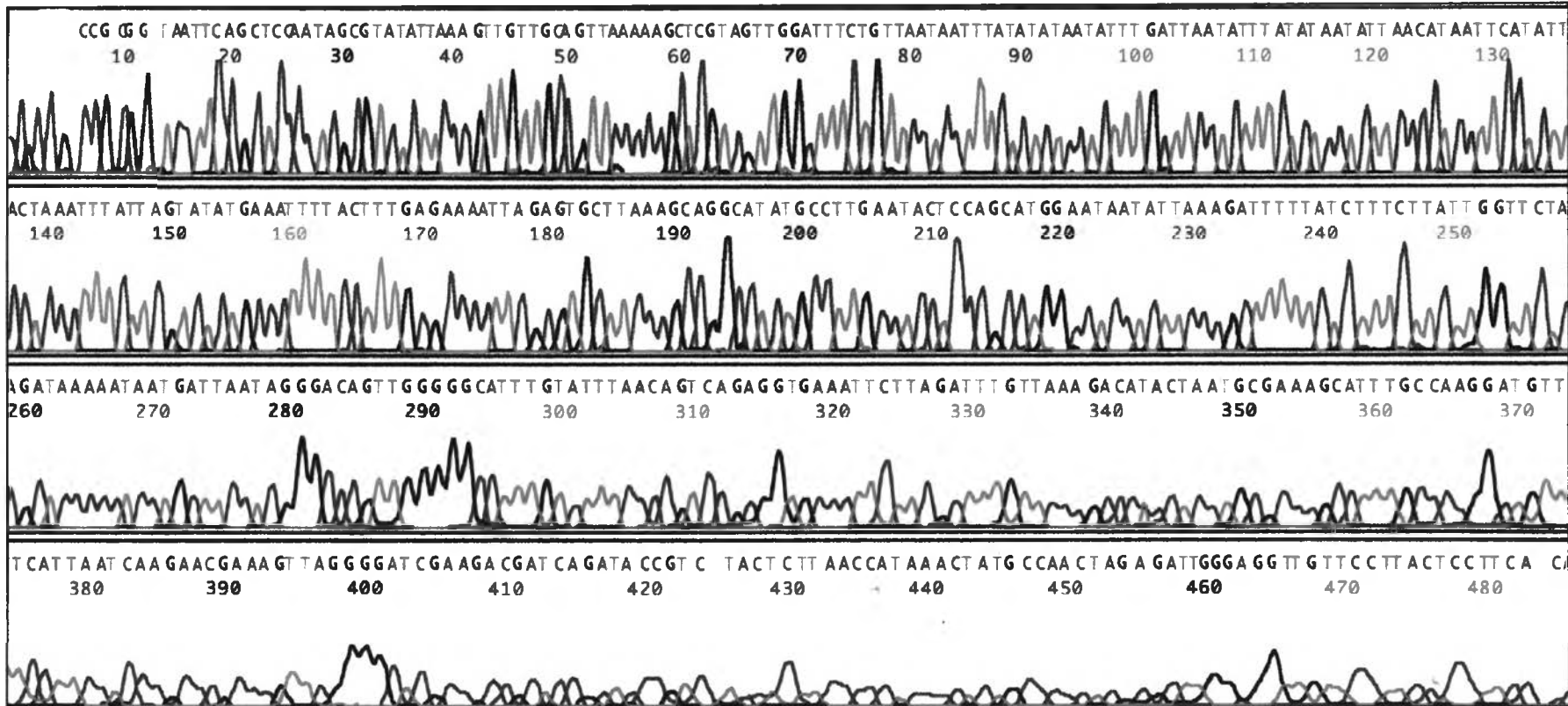
โดย M คือ  $\lambda$ /Hind I, M1 คือ  $\phi$  174/Hind I และ 1=CR26, 2=CR27, 3=CR28, 4=CR29, 5=CR30, 6=CR31, 7=CR32, 8=CR36, 9=CR45, 10=CR46, 11=CR50, 12=CR51, 13=CR52, 14=CR53 และ 15=CR55

ผลการวิเคราะห์การเรียงลำดับเบส DNA ของแต่ละตัวอย่างพบว่ามีส่วนที่ต่างและส่วนที่เหมือนกันของกลุ่มตัวอย่าง สามารถแยกการวิเคราะห์ได้เป็น 4 แบบด้วยกัน แบบแรกคือ ในกลุ่มตัวอย่าง CR8 CR21 และ CR29 มีการเรียงลำดับเบสที่เหมือนกัน แบบที่ 2 ได้แก่ CR3 CR5 CR6 CR7 CR10 CR13 CR17 CR18 CR20 CR22 CR23 CR26 CR27 CR30 CR31 CR32 CR34 CR36 CR45 CR46 CR50 CR51 CR52 CR53 และ CR55 แบบที่ 3 ได้แก่ตัวอย่าง CR1 และ

แบบที่ 4 ได้แก่ตัวอย่าง CR19 มีการเรียงลำดับเบสที่ไม่เหมือนกับกลุ่มตัวอย่างดังกล่าว (รูปที่ 11) ดังนั้นจึงได้นำมาทำการเปรียบเทียบกับสายพันธุ์ต่างๆ ของเชื้อ *Cryptosporidium* ที่มีการศึกษา มาก่อนหน้านี้พบว่าในตัวอย่างที่ CR1 มีการเรียงลำดับเบสเหมือนกับ *C. felis* (GenBank Accession Number AF112575) ในตัวอย่าง CR19 มีการเรียงลำดับเบสเหมือนกับ *C. muris* (Genbank Accession Number L19069) และในกลุ่มตัวอย่าง CR8 CR21 และ CR29 มีการเรียงลำดับเบสเหมือนกับ *C. meleagridis* (Genbank Accession Number AF112574) และในกลุ่มตัวอย่าง CR3 CR5 CR6 CR7 CR10 CR13 CR17 CR18 CR20 CR22 CR23 CR26 CR27 CR30 CR31 CR32 CR34 CR36 CR45 CR46 CR50 CR51 CR52 CR53 และ CR55 มีการเรียงลำดับเบสเหมือนกับ *C. parvum* สายพันธุ์ HCNV4 ซึ่งเป็น isolate ที่ได้จากคน (Genbank Accession Number AF093489) (รูปที่ 12) และจากการศึกษาการเปรียบเทียบการเรียงลำดับเบสของ DNA ในกลุ่มของ *C. parvum* พบว่า สามารถแยกเป็น 2 กลุ่มย่อยคือ กลุ่มที่สามารถติดเชื้อในสัตว์เลี้ยงลูกด้วยนมต่างชนิดกันได้โดยเฉพาะในวัวและคนเรียกว่า bovine genotype และกลุ่มที่พบการติดเชื้อเฉพาะในคนโดยไม่สามารถติดเชื้อในสัตว์อื่นๆ เรียกว่า human genotype ทั้งนี้ในแต่ละกลุ่มอาจพบความแตกต่างในการเรียงลำดับ DNA ใน SSU rRNA อย่างไรก็ตามตัวอย่างทั้งหมดในการศึกษาที่พบว่าเป็น *C. parvum* ล้วนเป็น human genotype และไม่พบความแตกต่างในแต่ละตัวอย่างเลย (รูปที่ 13)

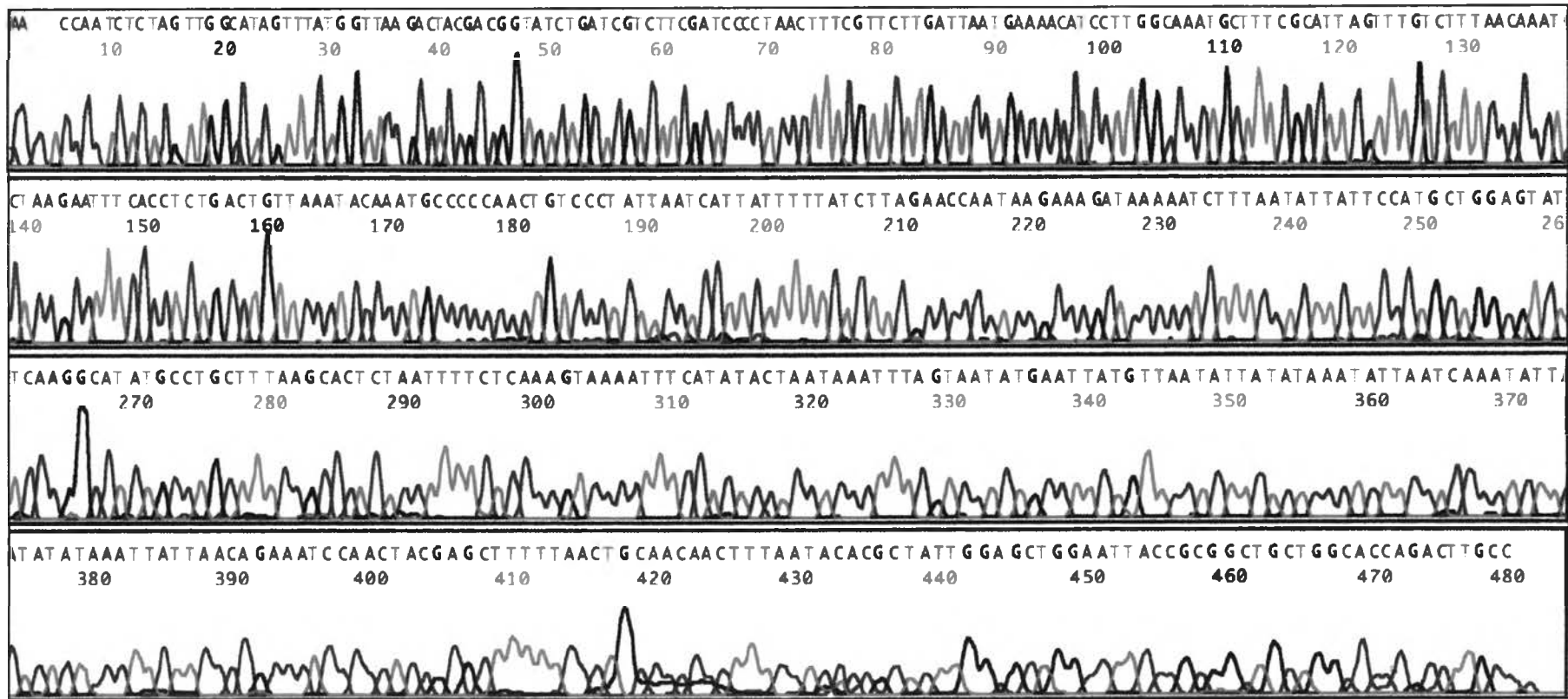
ผลการศึกษาถึงความไวในการตรวจวินิจฉัยเชื้อ *Cryptosporidium* โดยวิธี PCR เริ่มต้นจากการนับปริมาณของ oocyst ที่ได้จากการแยกกากอุจจาระออกจาก oocyst โดยวิธี Sheather sugar flotation และนำไปสกัด DNA หลังจากนั้นนำไปทำปฏิกิริยา PCR โดยการเจือจางปริมาณ DNA ในอัตราส่วนต่างๆ กัน นำมาวิเคราะห์ผลด้วย agarose gel electrophoresis ซึ่งให้ผลของการเจือจาง DNA เท่ากับ 1:2500 และนำมาคำนวณหาความไวในการตรวจวินิจฉัยดังนี้ จากการตรวจนับปริมาณ oocyst ได้ทั้งหมด 2,034 oocyst ในปริมาตร 4 ไมโครลิตร ปริมาตรทั้งหมดที่นำมาสกัด DNA เท่ากับ 250 ไมโครลิตร หลังจากสกัด DNA โดยเติมสารละลาย TE buffer ปริมาตร 20 ไมโครลิตร ดังนั้นจึงทำให้มีปริมาณของ oocyst เท่ากับ 127,125 oocyst จากการทำปฏิกิริยา PCR ใช้ DNA ในปริมาตร 1 ไมโครลิตร เพราะฉะนั้นจึงทำให้มีปริมาณ oocyst เท่ากับ 6356.25 oocyst และจากการทำปฏิกิริยา PCR มีการเจือจางปริมาณ DNA ให้ผลผลิตเท่ากับ 1:2500 ดังนั้นปริมาณ oocyst ที่สามารถตรวจวินิจฉัยโดยวิธี PCR คือมีปริมาณ 3 oocyst

Signal G:260 A:615 C:216 T:325  
 DT POP6(dR Set-AnyPrimer)  
 BD Matrix-24/11/98  
 Points 1435 to 8480 Pk 1 Loc: 1435



รูปที่ 9 แสดงตัวอย่างของ electropherogram จากการใช้ primer P3

Signal G:465 A:1177 C:645 T:675  
 DT POP6(dR Set-AnyPrimer)  
 BD Matrix-24/11/98  
 Points 1160 to 8480 Pk 1 Loc: 1160



รูปที่ 10 แสดงตัวอย่างของ electropherogram จากการใช้ primer P4

```

CR1 1: CCAGCAGCCGCGGTAATCCAGCTCCAATAGCGTATATTTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGGATTCTGTTAATAACCTTA 89
CR3 1: CCAGCAGCCGCGGTAATCCAGCTCCAATAGCGTATATTTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGGATTCTGTTAATAAATTTA 89
CR5 1: CCAGCAGCCGCGGTAATCCAGCTCCAATAGCGTATATTTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGGATTCTGTTAATAAATTTA 89
CR6 1: CCAGCAGCCGCGGTAATCCAGCTCCAATAGCGTATATTTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGGATTCTGTTAATAAATTTA 89
CR7 1: CCAGCAGCCGCGGTAATCCAGCTCCAATAGCGTATATTTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGGATTCTGTTAATAAATTTA 89
CR8 1: CCAGCAGCCGCGGTAATCCAGCTCCAATAGCGTATATTTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGGATTCTGTTAATAAATTTA 89
CR10 1: CCAGCAGCCGCGGTAATCCAGCTCCAATAGCGTATATTTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGGATTCTGTTAATAAATTTA 89
CR13 1: CCAGCAGCCGCGGTAATCCAGCTCCAATAGCGTATATTTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGGATTCTGTTAATAAATTTA 89
CR17 1: CCAGCAGCCGCGGTAATCCAGCTCCAATAGCGTATATTTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGGATTCTGTTAATAAATTTA 89
CR18 1: CCAGCAGCCGCGGTAATCCAGCTCCAATAGCGTATATTTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGGATTCTGTTAATAAATTTA 89
CR19 1: CCAGCAGCCGCGGTAATCCAGCTCCAATAGCGTATATTTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGGATTCTGTTAATAAATTTA 89
CR20 1: CCAGCAGCCGCGGTAATCCAGCTCCAATAGCGTATATTTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGGATTCTGTTAATAAATTTA 89
CR21 1: CCAGCAGCCGCGGTAATCCAGCTCCAATAGCGTATATTTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGGATTCTGTTAATAAATTTA 89
CR22 1: CCAGCAGCCGCGGTAATCCAGCTCCAATAGCGTATATTTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGGATTCTGTTAATAAATTTA 89
CR23 1: CCAGCAGCCGCGGTAATCCAGCTCCAATAGCGTATATTTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGGATTCTGTTAATAAATTTA 89
CR26 1: CCAGCAGCCGCGGTAATCCAGCTCCAATAGCGTATATTTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGGATTCTGTTAATAAATTTA 89
CR27 1: CCAGCAGCCGCGGTAATCCAGCTCCAATAGCGTATATTTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGGATTCTGTTAATAAATTTA 89
CR29 1: CCAGCAGCCGCGGTAATCCAGCTCCAATAGCGTATATTTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGGATTCTGTTAATAAATTTA 89
CR30 1: CCAGCAGCCGCGGTAATCCAGCTCCAATAGCGTATATTTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGGATTCTGTTAATAAATTTA 89
CR31 1: CCAGCAGCCGCGGTAATCCAGCTCCAATAGCGTATATTTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGGATTCTGTTAATAAATTTA 89
CR32 1: CCAGCAGCCGCGGTAATCCAGCTCCAATAGCGTATATTTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGGATTCTGTTAATAAATTTA 89
CR34 1: CCAGCAGCCGCGGTAATCCAGCTCCAATAGCGTATATTTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGGATTCTGTTAATAAATTTA 89
CR36 1: CCAGCAGCCGCGGTAATCCAGCTCCAATAGCGTATATTTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGGATTCTGTTAATAAATTTA 89
CR45 1: CCAGCAGCCGCGGTAATCCAGCTCCAATAGCGTATATTTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGGATTCTGTTAATAAATTTA 89
CR46 1: CCAGCAGCCGCGGTAATCCAGCTCCAATAGCGTATATTTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGGATTCTGTTAATAAATTTA 89
CR50 1: CCAGCAGCCGCGGTAATCCAGCTCCAATAGCGTATATTTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGGATTCTGTTAATAAATTTA 89
CR51 1: CCAGCAGCCGCGGTAATCCAGCTCCAATAGCGTATATTTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGGATTCTGTTAATAAATTTA 89
CR52 1: CCAGCAGCCGCGGTAATCCAGCTCCAATAGCGTATATTTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGGATTCTGTTAATAAATTTA 89
CR53 1: CCAGCAGCCGCGGTAATCCAGCTCCAATAGCGTATATTTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGGATTCTGTTAATAAATTTA 89
CR55 1: CCAGCAGCCGCGGTAATCCAGCTCCAATAGCGTATATTTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGGATTCTGTTAATAAATTTA 89
***** ** **

```

```

CR1 90: TATATA-ATATTTTTTTTTAAAT-A--T-TATTATGTA-A-GATTAACATAAATTCATATTTTTTAAAGACTGA--ATT-T-T-TAGTT 164
CR3 90: TATA-AAATA---TTTT-G-ATGAA--TAT-TTATATA-A-TATTAACATAAATTC--A--TATT--ACT-AT--TT-TTTTT--TT 152
CR5 90: TATA-AAATA---TTTT-G-ATGAA--TAT-TTATATA-A-TATTAACATAAATTC--A--TATT--ACT-AT--TT-TTTTT--TT 152
CR6 90: TATA-AAATA---TTTT-G-ATGAA--TAT-TTATATA-A-TATTAACATAAATTC--A--TATT--ACT-AT--TT-TTTTT--TT 151
CR7 90: TATA-AAATA---TTTT-G-ATGAA--TAT-TTATATA-A-TATTAACATAAATTC--A--TATT--ACT-AT--TT-TTTTT--TT 152
CR8 90: TATAT-AAATA---TTT-G-ATTAA--TAT-TTATATA-A-TATTAACATAAATTC--A--TATT--ACT-A-AA--T-T-T-AT 148
CR10 90: TATA-AAATA---TTTT-G-ATGAA--TAT-TTATATA-A-TATTAACATAAATTC--A--TATT--ACT-AT--TT-TTTTT--TT 151
CR13 90: TATA-AAATA---TTTT-G-ATGAA--TAT-TTATATA-A-TATTAACATAAATTC--A--TATT--ACT-AT--TT-TTTTT--TT 152
CR17 90: TATA-AAATA---TTTT-G-ATGAA--TAT-TTATATA-A-TATTAACATAAATTC--A--TATT--ACT-AT--TT-TTTTT--TT 152
CR18 90: TATA-AAATA---TTTT-G-ATGAA--TAT-TTATATA-A-TATTAACATAAATTC--A--TATT--ACT-AT--TT-TTTTT--TT 152
CR19 87: TCTATA-ATA----TT-A-CT-AAGGTATA-TAT-TATATTATCAAC--A-TC--CTTCCCT--A-TTAT-ATT-TCT-AA--A 146
CR20 90: TATA-AAATA---TTTT-G-ATGAA--TAT-TTATATA-A-TATTAACATAAATTC--A--TATT--ACT-AT--TT-TTTTT--TT 152
CR21 90: TATAT-AAATA---TTT-G-ATTAA--TAT-TTATATA-A-TATTAACATAAATTC--A--TATT--ACT-A-AA--T-T-T-AT 148
CR22 90: TATA-AAATA---TTTT-G-ATGAA--TAT-TTATATA-A-TATTAACATAAATTC--A--TATT--ACT-AT--TT-TTTTT--TT 152
CR23 90: TATA-AAATA---TTTT-G-ATGAA--TAT-TTATATA-A-TATTAACATAAATTC--A--TATT--ACT-AT--TT-TTTTT--TT 152
CR26 90: TATA-AAATA---TTTT-G-ATGAA--TAT-TTATATA-A-TATTAACATAAATTC--A--TATT--ACT-AT--TT-TTTTT--TT 152
CR27 90: TATA-AAATA---TTTT-G-ATGAA--TAT-TTATATA-A-TATTAACATAAATTC--A--TATT--ACT-AT--TT-TTTTT--TT 152
CR29 90: TATAT-AAATA---TTT-G-ATTAA--TAT-TTATATA-A-TATTAACATAAATTC--A--TATT--ACT-A-AA--T-T-T-AT 148
CR30 90: TATA-AAATA---TTTT-G-ATGAA--TAT-TTATATA-A-TATTAACATAAATTC--A--TATT--ACT-AT--TT-TTTTT--TT 152
CR31 90: TATA-AAATA---TTTT-G-ATGAA--TAT-TTATATA-A-TATTAACATAAATTC--A--TATT--ACT-AT--TT-TTTTT--TT 152
CR32 90: TATA-AAATA---TTTT-G-ATGAA--TAT-TTATATA-A-TATTAACATAAATTC--A--TATT--ACT-AT--TT-TTTTT--TT 152
CR34 90: TATA-AAATA---TTTT-G-ATGAA--TAT-TTATATA-A-TATTAACATAAATTC--A--TATT--ACT-AT--TT-TTTTT--TT 152
CR36 90: TATA-AAATA---TTTT-G-ATGAA--TAT-TTATATA-A-TATTAACATAAATTC--A--TATT--ACT-AT--TT-TTTTT--TT 152
CR45 90: TATA-AAATA---TTTT-G-ATGAA--TAT-TTATATA-A-TATTAACATAAATTC--A--TATT--ACT-AT--TT-TTTTT--TT 152
CR46 90: TATA-AAATA---TTTT-G-ATGAA--TAT-TTATATA-A-TATTAACATAAATTC--A--TATT--ACT-AT--TT-TTTTT--TT 152
CR50 90: TATA-AAATA---TTTT-G-ATGAA--TAT-TTATATA-A-TATTAACATAAATTC--A--TATT--ACT-AT--TT-TTTTT--TT 152
CR51 90: TATA-AAATA---TTTT-G-ATGAA--TAT-TTATATA-A-TATTAACATAAATTC--A--TATT--ACT-AT--TT-TTTTT--TT 152
CR52 90: TATA-AAATA---TTTT-G-ATGAA--TAT-TTATATA-A-TATTAACATAAATTC--A--TATT--ACT-AT--TT-TTTTT--TT 152
CR53 90: TATA-AAATA---TTTT-G-ATGAA--TAT-TTATATA-A-TATTAACATAAATTC--A--TATT--ACT-AT--TT-TTTTT--TT 152
CR55 90: TATA-AAATA---TTTT-G-ATGAA--TAT-TTATATA-A-TATTAACATAAATTC--A--TATT--ACT-AT--TT-TTTTT--TT 152
* * * * *

```

รูปที่ 11 แสดงผลการวิเคราะห์การเรียงลำดับเบสของ DNA ในส่วน SSU rRNA gene ของเชื้อ *Cryptosporidium* ในแต่ละตัวอย่าง

\* หมายถึง ลำดับเบสที่เหมือนกัน - หมายถึง มีการขาดหายไปของเบสในตำแหน่งดังกล่าว







```

C.parvum HCNV4 1:CCAGCAGCCGCGGTAATCCAGCTCCAATAGCGTATATTAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGGATTTCGTGAATA-ATT-T 88
CR xx 1:CCAGCAGCCGCGGTAATCCAGCTCCAATAGCGTATATTAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGGATTTCGTGAATA-ATT-T 88
C.felis 1:CCAGCAGCCGCGGTAATCCAGCTCCAATAGCGTATATTAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGGATTTCGTGAATAACCTTAT 90
CR1 1:CCAGCAGCCGCGGTAATCCAGCTCCAATAGCGTATATTAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGGATTTCGTGAATAACCTTAT 90
C.muris 1:CCAGCAGCCGCGGTAATCCAGCTCCAATAGCGTATATTAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGGATTTCGTGTT-GTA--TAAT 87
CR19 1:CCAGCAGCCGCGGTAATCCAGCTCCAATAGCGTATATTAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGGATTTCGTGTT-GTA--TAAT 87
C.meleagridis 1:CCAGCAGCCGCGGTAATCCAGCTCCAATAGCGTATATTAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGGATTTCGTGAATA-ATT-T 88
CR8, CR21, CR29 1:CCAGCAGCCGCGGTAATCCAGCTCCAATAGCGTATATTAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGGATTTCGTGAATA-ATT-T 88
*****

C.parvum HCNV4 89:ATATAAA-ATATTTTGATGAA--TA--T-TTATATAATATTAACATAATTCATA-----TT---ACT--ATTTTIT--TTTT-AGT-A 157
CR xx 89:ATATAAA-ATATTTTGATGAA--TA--T-TTATATAATATTAACATAATTCATA-----TT---ACT--ATTTTIT--TTTT-AGT-A 157
C.felis 91:ATATA-ATATTTTITTTTAA--TAT-TATTATGTAAGATTAACATAATTCATAATT-T-TTAAAGACTGAATTT--TTAGTTTGA-TAA 171
CR1 91:ATATA-ATATTTTITTTTAA--TAT-TATTATGTAAGATTAACATAATTCATAATT-T-TTAAAGACTGAATTT--TTAGTTTGA-TAA 171
C.muris 88:CTATA-ATA---TTACT-AAGGTATATATTA--TATTATCAACATCCCTTCTATTATTT---CT-AA-----A---T-A-T-A 150
CR19 88:CTATA-ATA---TTACT-AAGGTATATATTA--TATTATCAACATCCCTTCTATTATTT---CT-AA-----A---T-A-T-A 150
C.meleagridis 89:ATATATA-ATA-TTTGATTAA--TA--T-TTATATAATATTAACATAATTCATA-----TT---ACT--A---AATT--TATT-AGT-A 153
CR8, CR21, CR29 89:ATATATA-ATA-TTTGATTAA--TA--T-TTATATAATATTAACATAATTCATA-----TT---ACT--A---AATT--TATT-AGT-A 153
*****

C.parvum HCNV4 158:TATGAAATTTTACTTTGAGAAAATTAGAGTGCTTAAAGCAGGCATATGCCTTGAATCTCCAGCATGGAATAAT-A-TTAAAGATTTT 245
CR xx 158:TATGAAATTTTACTTTGAGAAAATTAGAGTGCTTAAAGCAGGCATATGCCTTGAATCTCCAGCATGGAATAAT-A-TTAAAGATTTT 245
C.felis 172:TATGAAATTTTACTTTGAGAAAATTAGAGTGCTTAAAGCAGGCCTTTTGCCTTGAATCTCCAGCATGGAATAATAA-TAAAGATTTT 260
CR1 172:TATGAAATTTTACTTTGAGAAAATTAGAGTGCTTAAAGCAGGCCTTTTGCCTTGAATCTCCAGCATGGAATAATAA-TAAAGATTTT 260
C.muris 151:TAGGAAACTTTACTTTGAGAAAATTAGAGTGCTTAAAGCAGGCACTGCCTTGAATCTCCAGCATGGAATAATAAGT-AAGGACTTTT 239
CR19 151:TAGGAAACTTTACTTTGAGAAAATTAGAGTGCTTAAAGCAGGCACTGCCTTGAATCTCCAGCATGGAATAATAAGT-AAGGACTTTT 239
C.meleagridis 154:TATGAAATTTTACTTTGAGAAAATTAGAGTGCTTAAAGCAGGCATATGCCTTGAATCTCCAGCATGGAATAAT-A-TTAAAGATTTT 241
CR8, CR21, CR29 154:TATGAAATTTTACTTTGAGAAAATTAGAGTGCTTAAAGCAGGCATATGCCTTGAATCTCCAGCATGGAATAAT-A-TTAAAGATTTT 241
*****

C.parvum HCNV4 246:TC--TTTTTATTGGTCTAAGATAAGAA-TAATGATTAATAGGGACAGTTGGGGCATTGTATTTAACAGTCAGAGGTGAAATTC 332
CR xx 246:TC--TTTTTATTGGTCTAAGATAAGAA-TAATGATTAATAGGGACAGTTGGGGCATTGTATTTAACAGTCAGAGGTGAAATTC 332
C.felis 261:TCTTTTTTTTATTGGTCTAAGATAAGAA-TAATGATTAATAGGGACAGTTGGGGCATTGTATTTAACAGTCAGAGGTGATATTC 349
CR1 261:TCTTTTTTTTATTGGTCTAAGATAAGAA-TAATGATTAATAGGGACAGTTGGGGCATTGTATTTAACAGTCAGAGGTGATATTC 349
C.muris 240:TC--TTTCTATTGGTCTAAGACAA-AAGTAATGGTTAATAGGGACAGTTGGGGCATTGTATTTAACAGTCAGAGGTGAAATTC 326
CR19 240:TC--TTTCTATTGGTCTAAGACAA-AAGTAATGGTTAATAGGGACAGTTGGGGCATTGTATTTAACAGTCAGAGGTGAAATTC 326
C.meleagridis 242:TC--TTTCTATTGGTCTAAGATAAGAA-TAATGATTAATAGGGACAGTTGGGGCATTGTATTTAACAGTCAGAGGTGAAATTC 328
CR8, CR21, CR29 242:TC--TTTCTATTGGTCTAAGATAAGAA-TAATGATTAATAGGGACAGTTGGGGCATTGTATTTAACAGTCAGAGGTGAAATTC 328
*****

C.parvum HCNV4 333:GATTTGTTAAAGACAAACTAATGCGAAAGCATTTGCCAAGGATGTTTTCAATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGATCGAAGACGATCAGA 422
CR xx 333:GATTTGTTAAAGACAAACTAATGCGAAAGCATTTGCCAAGGATGTTTTCAATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGATCGAAGACGATCAGA 422
C.felis 350:GATTTGTTAAAGACAAACTAATGCGAAAGCATTTGCCAAGGATGTTTTCAATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGATCGAAGACGATCAGA 439
CR1 350:GATTTGTTAAAGACAAACTAATGCGAAAGCATTTGCCAAGGATGTTTTCAATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGATCGAAGACGATCAGA 439
C.muris 327:GATTTGTTAAAGACAAACTACTGCGAAAGCATTTGCCAAGGATGTTTTCAATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGATCGAAGACGATCAGA 416
CR19 327:GATTTGTTAAAGACAAACTACTGCGAAAGCATTTGCCAAGGATGTTTTCAATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGATCGAAGACGATCAGA 416
C.meleagridis 329:GATTTGTTAAAGACAAACTAATGCGAAAGCATTTGCCAAGGATGTTTTCAATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGATCGAAGACGATCAGA 418
CR8, CR21, CR29 329:GATTTGTTAAAGACAAACTAATGCGAAAGCATTTGCCAAGGATGTTTTCAATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGATCGAAGACGATCAGA 418
*****

C.parvum HCNV4 423:TACCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCAAGTGGAGGTTGTT 474
CR xx 423:TACCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCAAGTGGAGGTTGTT 474
C.felis 440:TACCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCAAGTGGAGGTTGTT 491
CR1 440:TACCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCAAGTGGAGGTTGTT 491
C.muris 417:TACCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCAAGTGGAGGTTGTT 468
CR19 417:TACCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCAAGTGGAGGTTGTT 468
C.meleagridis 419:TACCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCAAGTGGAGGTTGTT 470
CR8, CR21, CR29 419:TACCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCAAGTGGAGGTTGTT 470
*****

```

รูปที่ 12 แสดงผลการวิเคราะห์การเรียงลำดับเบสของ DNA ในส่วน SSU rRNA gene ของเชื้อ *Cryptosporidium* ในแต่ละตัวอย่างเปรียบเทียบกับลำดับเบส DNA ของเชื้อ *Cryptosporidium* สายพันธุ์อื่น ๆ CR xx หมายถึง CR3, CR5, CR6, CR7, CR10, CR13, CR17, CR18, CR20, CR22, CR23, CR26, CR27, CR30, CR31, CR32, CR34, CR36, CR45, CR46, CR50, CR51, CR52, CR53, และ CR55

\* หมายถึง ลำดับเบสที่เหมือนกัน - หมายถึง มีการขาดหายไปของเบสในตำแหน่งดังกล่าว

C. parvum bovine	1:CCAGCAGCCGCGTAATCCAGCTCCAATAGCGTATATTTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGGATTTCCTGTTAATAAATTTA	89
C. parvum CPF	1:CCAGCAGCCGCGTAATCCAGCTCCAATAGCGTATATTTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGGATTTCCTGTTAATAAATTTA	89
C. parvum CPM-1	1:CCAGCAGCCGCGTAATCCAGCTCCAATAGCGTATATTTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGGATTTCCTGTTAATAAATTTA	89
C. parvum CPRM1	1:CCAGCAGCCGCGTAATCCAGCTCCAATAGCGTATATTTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGGATTTCCTGTTAATAAATTTA	89
C. parvum GCH1	1:CCAGCAGCCGCGTAATCCAGCTCCAATAGCGTATATTTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGGATTTCCTGTTAATAAATTTA	89
C. parvum HFL5	1:CCAGCAGCCGCGTAATCCAGCTCCAATAGCGTATATTTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGGATTTCCTGTTAATAAATTTA	89
C. parvum IOWA	1:CCAGCAGCCGCGTAATCCAGCTCCAATAGCGTATATTTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGGATTTCCTGTTAATAAATTTA	89
C. parvum TAMU	1:CCAGCAGCCGCGTAATCCAGCTCCAATAGCGTATATTTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGGATTTCCTGTTAATAAATTTA	89
C. parvum K2	1:CCAGCAGCCGCGTAATCCAGCTCCAATAGCGTATATTTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGGATTTCCTGTTAATAAATTTA	89
C. parvum MT	1:CCAGCAGCCGCGTAATCCAGCTCCAATAGCGTATATTTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGGATTTCCTGTTAATAAATTTA	89
C. parvum P1	1:CCAGCAGCCGCGTAATCCAGCTCCAATAGCGTATATTTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGGATTTCCTGTTAATAAATTTA	89
C. parvum HCNV4	1:CCAGCAGCCGCGTAATCCAGCTCCAATAGCGTATATTTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGGATTTCCTGTTAATAAATTTA	89
CR xx	1:CCAGCAGCCGCGTAATCCAGCTCCAATAGCGTATATTTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGGATTTCCTGTTAATAAATTTA	89
*****		
C. parvum bovine	90:TATA-AAATA-TTTTG-ATGAA--TATTTATATAAATTAACATAAATTCATATTACTA-----TATAT--TTTGTATATGAAATTTT	165
C. parvum CPF	90:TATA-AAATA-TTTTG-ATGAA--TATTTATATAAATTAACATAAATTCATATTACTA-AATT-T-T-T-GTTTGGTATATGAAATTTT	168
C. parvum CPM-1	90:TATA-AAATA-TTTT-AATTTAA--TATTTATATAAATTAACATAAATTCATATTACTATAAATTAAT-T-T-T-TTTTGGTATATGAAATTTT	169
C. parvum CPRM1	90:TATA-ATATA-TTTTG-ATGAA--TATTTATATAAATTAACATAAATTCATATTACTA-----T-TTPTT--TTTGGTATATGAAATTTT	166
C. parvum GCH1	90:TATA-AAATA-TTTTG-ATGAA--TATTTATATAAATTAACATAAATTCATATTACTA-----TATAT--TTTGGTATATGAAATTTT	165
C. parvum HFL5	90:TATA-AAATA-TTTTG-ATGAA--TATTTATATAAATTAACATAAATTCATATTACTA-----TT--TTTGGTATATGAAATTTT	162
C. parvum IOWA	90:TATA-AAATA-TTTTG-ATGAA--TATTTATATAAATTAACATAAATTCATATTACTA-----TATAT--TTTGGTATATGAAATTTT	165
C. parvum TAMU	90:TATA-AAATA-TTTTG-ATGAA--TATTTATATAAATTAACATAAATTCATATTACTA-----TATAT--TTTGGTATATGAAATTTT	165
C. parvum K2	90:TATAT-TATACTTTT---T-AAGGTGTTTATATAAATTAACATAAATTCATATTACTAT-ATT-T-T-T--TTGGTATATGAAATTTT	166
C. parvum MT	90:TATA-AAATA-TTTTG-ATGAA--TATTTATATAAATTAACATAAATTCATATTACTA-----TATAT--TTTGGTATATGAAATTTT	165
C. parvum P1	90:TATA-AAATA-TTTT---TTAA--TATTTATATAAATTAACATAAATTCATATTACTAATTT-T-T-T--ATTGGTATATGAAATTTT	165
C. parvum HCNV4	90:TATA-AAATA-TTTTG-ATGAA--TATTTATATAAATTAACATAAATTCATATTACTAT--TT-TTTTT--TTTGGTATATGAAATTTT	168
CR xx	90:TATA-AAATA-TTTTG-ATGAA--TATTTATATAAATTAACATAAATTCATATTACTAT--TT-TTTTT--TTTGGTATATGAAATTTT	168
*****		
C. parvum bovine	166:ACTTTGAGAAAATAGAGTGCCTTAAAGCAGGC-ATATGCCITGAATACTCCAGCATGGAATAATATTTAAAGATTTTATCTTTCTTATT	253
C. parvum CPF	169:ACTTTGAGAAAATAGAGTGCCTTAAAGCAGGC-ATATGCCITGAATACTCCAGCATGGAATAATATTTAAAGATTTTATCTTTCTTATT	256
C. parvum CPM-1	170:ACTTTGAGAAAATAGAGTGCCTTAAAGCAGGC-ATATGCCITGAATACTCCAGCATGGAATAATATTTAAAGATTTTATCTTTCTTATT	257
C. parvum CPRM1	167:ACTTTGAGAAAATAGAGTGCCTTAAAGCAGGC-ATATGCCITGAATACTCCAGCATGGAATAATATTTAAAGATTTTATCTTTCTTATT	254
C. parvum GCH1	166:ACTTTGAGAAAATAGAGTGCCTTAAAGCAGGC-ATATGCCITGAATACTCCAGCATGGAATAATATTTAAAGATTTTATCTTTCTTATT	253
C. parvum HFL5	163:ACTTTGAGAAAATAGAGTGCCTTAAAGCAGGC-ATATGCCITGAATACTCCAGCATGGAATAATATTTAAAGATTTTATCTTTCTTATT	250
C. parvum IOWA	166:ACTTTGAGAAAATAGAGTGCCTTAAAGCAGGC-ATATGCCITGAATACTCCAGCATGGAATAATATTTAAAGATTTTATCTTTCTTATT	253
C. parvum TAMU	166:ACTTTGAGAAAATAGAGTGCCTTAAAGCAGGC-ATATGCCITGAATACTCCAGCATGGAATAATATTTAAAGATTTTATCTTTCTTATT	253
C. parvum K2	167:ACTTTGAGAAAATAGAGTGCCTTAAAGCAGGC-ATATGCCITGAATACTCCAGCATGGAATAATATTTAAAGATTTTATCTTTCTTATT	254
C. parvum MT	166:ACTTTGAGAAAATAGAGTGCCTTAAAGCAGGC-ATATGCCITGAATACTCCAGCATGGAATAATATTTAAAGATTTTATCTTTCTTATT	253
C. parvum P1	166:ACTTTGAGAAAATAGAGTGCCTTAAAGCAGGC-ATATGCCITGAATACTCCAGCATGGAATAATATTTAAAGATTTTATCTTTCTTATT	253
C. parvum HCNV4	169:ACTTTGAGAAAATAGAGTGCCTTAAAGCAGGC-ATATGCCITGAATACTCCAGCATGGAATAATATTTAAAGATTTTATCTTTCTTATT	256
CR xx	169:ACTTTGAGAAAATAGAGTGCCTTAAAGCAGGC-ATATGCCITGAATACTCCAGCATGGAATAATATTTAAAGATTTTATCTTTCTTATT	256
*****		
C. parvum bovine	252:GGTTCCTAAGATA-AGAATAATGATTAATAGGGACAGTTGGGGCATTGTATTTAACAGTCAGAGGTGAAATTCCTAGATTTGTTAAAG	351
C. parvum CPF	257:GGTTCCTAAGATA-AGAATAATGATTAATAGGGACAGTTGGGGCATTGTATTTAACAGTCAGAGGTGAAATTCCTAGATTTGTTAAAG	344
C. parvum CPM-1	258:GGTTCCTAAGATA-AGAATAATGATTAATAGGGACAGTTGGGGCATTGTATTTAACAGTCAGAGGTGAAATTCCTAGATTTGTTAAAG	345
C. parvum CPRM1	255:GGTTCCTAAGATA-AGAATAATGATTAATAGGGACAGTTGGGGCATTGTATTTAACAGTCAGAGGTGAAATTCCTAGATTTGTTAAAG	342
C. parvum GCH1	254:GGTTCCTAAGATA-AGAATAATGATTAATAGGGACAGTTGGGGCATTGTATTTAACAGTCAGAGGTGAAATTCCTAGATTTGTTAAAG	341
C. parvum HFL5	251:GGTTCCTAAGATA-AGAATAATGATTAATAGGGACAGTTGGGGCATTGTATTTAACAGTCAGAGGTGAAATTCCTAGATTTGTTAAAG	338
C. parvum IOWA	254:GGTTCCTAAGATA-AGAATAATGATTAATAGGGACAGTTGGGGCATTGTATTTAACAGTCAGAGGTGAAATTCCTAGATTTGTTAAAG	341
C. parvum TAMU	254:GGTTCCTAAGATA-AGAATAATGATTAATAGGGACAGTTGGGGCATTGTATTTAACAGTCAGAGGTGAAATTCCTAGATTTGTTAAAG	341
C. parvum K2	255:GGTTCCTAAGATA-AGAATAATGATTAATAGGGACAGTTGGGGCATTGTATTTAACAGTCAGAGGTGAAATTCCTAGATTTGTTAAAG	342
C. parvum MT	254:GGTTCCTAAGATA-AGAATAATGATTAATAGGGACAGTTGGGGCATTGTATTTAACAGTCAGAGGTGAAATTCCTAGATTTGTTAAAG	341
C. parvum P1	254:GGTTCCTAAGATA-AGAATAATGATTAATAGGGACAGTTGGGGCATTGTATTTAACAGTCAGAGGTGAAATTCCTAGATTTGTTAAAG	341
C. parvum HCNV4	257:GGTTCCTAAGATA-AGAATAATGATTAATAGGGACAGTTGGGGCATTGTATTTAACAGTCAGAGGTGAAATTCCTAGATTTGTTAAAG	343
CR xx	257:GGTTCCTAAGATA-AGAATAATGATTAATAGGGACAGTTGGGGCATTGTATTTAACAGTCAGAGGTGAAATTCCTAGATTTGTTAAAG	343
*****		
C. parvum bovine	352:ACAAACTAATGCGAAAGCATTTGCGCAAGGATGTTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGACGATCAGATACCGTCGTAG	440
C. parvum CPF	345:ACAAACTAATGCGAAAGCATTTGCGCAAGGATGTTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGACGATCAGATACCGTCGTAG	433
C. parvum CPM-1	346:ACAAACTAATGCGAAAGCATTTGCGCAAGGATGTTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGACGATCAGATACCGTCGTAG	434
C. parvum CPRM1	343:ACAAACTAATGCGAAAGCATTTGCGCAAGGATGTTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGACGATCAGATACCGTCGTAG	434
C. parvum GCH1	342:ACAAACTAATGCGAAAGCATTTGCGCAAGGATGTTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGACGATCAGATACCGTCGTAG	430
C. parvum HFL5	339:ACAAACTAATGCGAAAGCATTTGCGCAAGGATGTTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGACGATCAGATACCGTCGTAG	427
C. parvum IOWA	342:ACAAACTAATGCGAAAGCATTTGCGCAAGGATGTTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGACGATCAGATACCGTCGTAG	430
C. parvum TAMU	342:ACAAACTAATGCGAAAGCATTTGCGCAAGGATGTTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGACGATCAGATACCGTCGTAG	430
C. parvum K2	343:ACAAACTAATGCGAAAGCATTTGCGCAAGGATGTTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGACGATCAGATACCGTCGTAG	431
C. parvum MT	342:ACAAACTAATGCGAAAGCATTTGCGCAAGGATGTTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGACGATCAGATACCGTCGTAG	430
C. parvum P1	342:ACAAACTAATGCGAAAGCATTTGCGCAAGGATGTTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGACGATCAGATACCGTCGTAG	430
C. parvum HCNV4	344:ACAAACTAATGCGAAAGCATTTGCGCAAGGATGTTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGACGATCAGATACCGTCGTAG	432
CR xx	344:ACAAACTAATGCGAAAGCATTTGCGCAAGGATGTTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGACGATCAGATACCGTCGTAG	432
*****		
C. parvum bovine	441:TCTTAACCATAAACTATGCCAACTAGAGATTGGAGGTTGTT	471
C. parvum CPF	434:TCTTAACCATAAACTATGCCAACTAGAGATTGGAGGTTGTT	474
C. parvum CPM-1	435:TCTTAACCATAAACTATGCCAACTAGAGATTGGAGGTTGTT	475
C. parvum CPRM1	435:TCTTAACCATAAACTATGCCAACTAGAGATTGGAGGTTGTT	472
C. parvum GCH1	431:TCTTAACCATAAACTATGCCAACTAGAGATTGGAGGTTGTT	471
C. parvum HFL5	428:TCTTAACCATAAACTATGCCAACTAGAGATTGGAGGTTGTT	468
C. parvum IOWA	431:TCTTAACCATAAACTATGCCAACTAGAGATTGGAGGTTGTT	471
C. parvum TAMU	431:TCTTAACCATAAACTATGCCAACTAGAGATTGGAGGTTGTT	471
C. parvum K2	432:TCTTAACCATAAACTATGCCAACTAGAGATTGGAGGTTGTT	472
C. parvum MT	431:TCTTAACCATAAACTATGCCAACTAGAGATTGGAGGTTGTT	471
C. parvum P1	431:TCTTAACCATAAACTATGCCAACTAGAGATTGGAGGTTGTT	471
C. parvum HCNV4	433:TCTTAACCATAAACTATGCCAACTAGAGATTGGAGGTTGTT	474
CR xx	433:TCTTAACCATAAACTATGCCAACTAGAGATTGGAGGTTGTT	474
*****		

รูปที่ 13 แสดงผลการวิเคราะห์การเรียงลำดับเบสของ DNA ในส่วน SSU rRNA gene ของเชื้อ *Cryptosporidium parvum* เปรียบเทียบกับลำดับเบสของเชื้อ *Cryptosporidium* ในแต่ละตัวอย่าง CRxx หมายถึง CR3, CR5, CR6, CR7, CR10, CR13, CR17, CR18, CR22, CR23, CR26, CR27, CR30, CR31, CR32, CR34, CR35, CR45, CR50, CR51, CR52, CR53, และ CR55

\* หมายถึง ลำดับเบสที่เหมือนกัน - หมายถึง มีการขาดหายไปของเบสในตำแหน่งดังกล่าว