ศูนย์วิจัยและพัฒนาการสัตวแพทย์ภาคเหนือตอนล่าง
กรมปศุสัตว์ กระทรวงเกษตรและสหกรณ์ ปีที่ 14 ฉบับที่ 51 ม.ค.-มี.ค. 60 ISSN 1685-9952

ลักษณะทางพันธุกรรมของไวรัสเบอร์ซาอักเสบติดต่อในไก่ไข่ในจังหวัดกำแพงเพชรและนครสวรรค์ ในปี พ.ศ.2557-2558.....1

องค์ความรู้ “ประชาคมอาเซียน” ตอน CLMV คือกลุ่มประเทศอะไร และสินค้าอะไรที่คนไทยทำตลาดได้บ้าง.....13

รายงานการชันสูตรโรคสัตว์ มกราคม - มีนาคม 2560.....15

ลักษณะทางพันธุกรรมของไวรัสเบอร์ซาอักเสบติดต่อในไก่ไข่ในจังหวัดกำแพงเพชรและนครสวรรค์ ในปี พ.ศ.2557-2558

ธรรมรัฐ สุจิต[1*] อังคณา ขันทะบุตร[2]

บทคัดย่อ

ทำการศึกษาลักษณะทางพันธุกรรมของไวรัสเบอร์ซาอักเสบติดต่อ (Infectious bursal disease virus; IBDV) ในไก่ไข่ในจังหวัดกำแพงเพชรและนครสวรรค์ ปี พ.ศ. 2557-2558 จำนวน 12 ตัวอย่าง ประกอบด้วยตัวอย่างจากจังหวัดกำแพงเพชร (KPT) จำนวน 9 ตัวอย่าง และ จากจังหวัดนครสวรรค์ (NSW) จำนวน 3 ตัวอย่าง โดยการตรวจลำดับสารพันธุกรรมในส่วนของโปรตีน VP2 (segment A) และ โปรตีน VP1 (segment B) เปรียบเทียบกับเชื้อไวรัสอ้างอิงจาก GenBank ผลการศึกษาพบว่าลำดับสารพันธุกรรมบนโปรตีน VP2 ของตัวอย่าง KPT บนโปรตีน VP2 มีลำดับกรดอะมิโนตรงกับสายพันธุ์ very virulent ในตำแหน่ง 222A 242I 256I 294I และ 299S ซึ่งเป็นตำแหน่งจำเพาะของสายพันธุ์ดังกล่าว ในขณะที่ลำดับของกรดอะมิโนบนโปรตีน VP1 ตรงกับสายพันธุ์อ้างอิง SK53 ของประเทศไทย ยกเว้นตัวอย่าง KPT5705 ส่วนตัวอย่าง NSW ทั้ง 3 ตัวอย่างมีลำดับกรดอะมิโนบนโปรตีน VP2 ตรงกับสายพันธุ์ attenuated vaccine ในขณะที่ลำดับกรดอะมิโนบนโปรตีน VP1 รวมทั้งตัวอย่าง KPT5705 ตรงกับสายพันธุ์อ้างอิง KK54 จากประเทศไทย ซึ่งจัดเป็นสายพันธุ์รุนแรงต่ำ การศึกษาครั้งนี้ชี้ให้เห็นว่าการวิเคราะห์ความรุนแรงของเชื้อ IBDV ควรทำการศึกษาทางพันธุกรรมของทั้ง whole genome โดยพิจารณาร่วมกับประวัติการเกิดโรค และพยาธิสภาพ และประวัติวัคซีน

วัตถุประสงค์

1. **เพื่อเผยแพร่ข้อมูลวิชาการด้านสุขภาพสัตว์**
2. **เพื่อเป็นแหล่งข้อมูลด้านการปศุสัตว์**
3. **เพื่อเป็นสื่อกลางในการแลกเปลี่ยนความคิดเห็นระหว่างชาวปศุสัตว์**

นอกจากนี้ควรศึกษาติดตามการเปลี่ยนแปลงของเชื้อไวรัสอย่างต่อเนื่อง เพื่อประโยชน์ในการควบคุมเฝ้าระวังโรค

คำสำคัญ: ไวรัสเบอร์ซาอักเสบติดต่อ ไก่ไข่ ลักษณะทางพันธุกรรม VP2 VP1

เลขทะเบียนวิชาการเลขที่: 60(2)-0115-035

1 *สถาบันสุขภาพสัตว์แห่งชาติ เกษตรกลาง ลาดยาว จตุจักร กรุงเทพมหานคร 10900

2ศูนย์วิจัยและพัฒนาการสัตวแพทย์ภาคเหนือตอนล่าง ต.วังทอง อ.วังทอง จ.พิษณุโลก 65130

*ผู้รับผิดชอบ โทร: 02 579 8908-14 ต่อ 407 e-mail: thammarathh@hotmail.com

Molecular characterization of infectious bursal disease viruses from layer flocks in Kamphaeng Phet and Nakhon Sawan Provinces during 2014-2015

Thammarath Sujit[1*] Angkana Khanthabutr[2]

Abstract

Molecular characterization of Infectious bursal virus (IBDV) from Kamphaeng Phet and Nakhon Sawan provinces was studied. A total of 12 samples, 9 from Kamphaeng Phet (KPT) and 3 from the other (NSW) were collected from layer flocks during 2014-2015. Amino acid (aa) sequencing in the region of VP2 (segment A) and VP1 protein (segment B) were analyzed. For KPT samples, aa sequence on VP2 protein was consistent with very virulent strain at the positions of 222A, 242I, 256I, 294I and 299S whereas aa sequence on VP1 protein matched with SK53 strain reported from Thailand, except for the KPT5705. For NSW samples, aa sequence on VP2 matched with attenuated vaccine whereas the sequence on VP1 including KPT5705 matched with KK54 strain from Thailand which was low virulent strain. To analyze the virulence of IBDV, aa sequence of whole genome should be on study together with history taking, pathogenesis and vaccination. In addition, monitoring of virus evolution should be performed continuously for the use of disease control and surveillance.

Keywords: Infectious bursal disease virus, layer, molecular characterization, VP2, VP1

Research paper number: 60(2)-0115-035

1 National Institute of Animal Health, Kasetklang, Ladyao, Chatuchak, Bangkok 10900

2 Veterinary Research and Development Center (Lower Northern Region) 65130 1*Corresponding author: Tel. 02 579 8908-14 (407) e-mail: thammarathh@hotmail.com

บทนำ

โรคเบอร์ซาอักเสบติดต่อ (Infectious bursal disease; IBD) หรือโรคกัมโบโร (Gumboro disease) เป็นโรคติดเชื้อสำคัญในไก่ เป็นโรคที่มีความรุนแรงและแพร่เชื้อได้อย่างรวดเร็ว ทำให้เกิดความเสียหายอย่างมาก โดยเฉพาะในไก่อายุต่ำกว่า 6 สัปดาห์ เป็นโรคที่มีผลกระทบต่อธุรกิจการเลี้ยงสัตว์ปีกทั่วโลก และอุตสาหกรรมสัตว์ปีกในเชิงพาณิชย์ (Van Den Berg, 2000; Eterradossi and Saif, 2013) โรคเกิดจากเชื้อไวรัสเบอร์ซาอักเสบติดต่อ (Infectious bursal disease virus; IBDV) จัดอยู่ใน Genus *Avibirnavirus* Family *Birnaviridae* IBDV เป็นเชื้อในกลุ่ม RNA ไวรัสขนาดเล็กสายคู่ (double-stranded RNA virus) ไม่มีเปลือกหุ้ม (Van Den Berg, 2000; Banda and Villegas, 2004 ; Ignjatovic, 2004) รายงานการเกิดโรคครั้งแรกที่เมืองกัมโบโร มลรัฐเดลาแวร์ ประเทศสหรัฐอเมริกา เมื่อปี พ.ศ. 2500 จากอาการของโรคในช่วงแรกรู้จักกันในชื่อโรคไตเสื่อมในไก่ (Avian nephrosis) ต่อมาจึงเรียกชื่อตามเมืองที่เกิดโรค คือโรคกัมโบโร (Gumboro disease) (Lasher and Davis, 1997) อวัยวะเป้าหมายที่สำคัญของเชื้อไวรัสคือ ต่อมเบอร์ซา (Bursa of Fabricius) ซึ่งเป็นแหล่งสร้าง B lymphocytes ที่สำคัญในไก่ โรคจึงทำให้เกิดการกดภูมิคุ้มกันในไก่ ระยะฟักตัวของโรคประมาณ 2-3 วัน ไก่ที่ติดเชื้อจะพบว่ามีสภาพขาดน้ำ รอยโรค มีจุดเลือดออก หรือปื้นเลือดที่กล้ามเนื้อขาและกล้ามเนื้อหน้าอก ต่อมเบอร์ซาบวม จากสภาพจุดเลือดออกมักพบจุดเนื้อตายที่ต่อมเบอร์ซาร่วมด้วย (จิโรจ, 2547; Lukert and Saif, 2003) สำหรับประเทศไทยในปี พ.ศ. 2533 มีการแพร่ระบาดของโรคเบอร์ซาอักเสบชนิดรุนแรง (จิโรจ, 2547) ปัจจุบันประเทศไทยยังคงพบอุบัติการณ์ของโรคเป็นครั้งคราวแม้มีการใช้วัคซีนก็ตาม จากการศึกษาของ จิโรจ และคณะ (2550) พบว่าในไก่ไข่มีความไวต่อเชื้อ IBDV มากกว่าไก่เนื้อ

เชื้อไวรัสสามารถแบ่งได้เป็น 2 serotype คือ serotype I และ II เฉพาะ serotype I เท่านั้นที่ก่อให้เกิดโรคในไก่ (Van Den Berg, 2000; Banda and Villegas, 2004; Ignjatovic, 2004) อย่างไรก็ตามพบว่าไวรัสใน serotype II สามารถเกิด cross-reaction ต่อ antibody ของไวรัสใน serotype I ได้ (Animal Health Australia, 2009) เชื้อไวรัสมีลักษณะโครงสร้างเป็น 2 ท่อน คือ segment A และ segment B โดย segment A มีขนาดใหญ่กว่าประกอบด้วยโปรตีน VP2, VP3, VP4 และ VP5 ส่วน segment B มีโปรตีน VP1 เป็นส่วนประกอบ (Malliga and Frederick, 1997; Van Den Berg, 2000) โดยในส่วนของ segment A โปรตีน VP2 เป็นส่วนที่มีการพบการเปลี่ยนแปลงของกรดอะมิโนในสายพันธุ์ very virulent (Lojkic et al., 2008) และยังเป็นส่วนสำคัญต่อความรุนแรงของเชื้อสายพันธุ์ hypervirulent (Yamaguchi et al.,1997) การแบ่งสายพันธุ์ตามระดับความรุนแรงของการก่อโรค (pathotype) ใน serotype I แบ่งเป็น mild, intermediate, intermediate plus, classical, variant และ very virulent หรือ hypervirulent (Van Den Berg, 2000) หรือแบ่งเป็น very virulent, classical virulent และ antigenic variant (Lojkic et al., 2008)

เนื่องจากเชื้อก่อโรคเป็นไวรัสมีการเปลี่ยนแปลงลักษณะทางพันธุกรรมในหลายพื้นที่ของโลก ทำให้เกิดสายพันธุ์ที่มีความสามารถในการก่อโรคที่รุนแรงเพิ่มขึ้น โดยเฉพาะในพื้นที่ที่มีการเลี้ยงสัตว์ปีกหนาแน่น แม้จะมีการใช้วัคซีนในการป้องกันควบคุมโรค แต่พบว่ามีการกลายพันธุ์ในระดับ segment (segment reassortment) ทำให้สัตว์เป็นโรคแบบไม่แสดงอาการและนำไปสู่การกดภูมิคุ้มกัน (Alkie, 2013) ซึ่งอาจทำให้สัตว์ปีกเกิดความไวรับอย่างมากต่อเชื้อก่อโรคอื่นๆ เช่น Newcastle disease virus, infectious bronchitis virus, infectious laryngotracheitis virus, *Salmonella* spp. หรือกลุ่มเชื้อฉวยโอกาส เช่น *Escherichia coli* และสัตว์ที่อยู่ในภาวะกดภูมิคุ้มกัน อาจไม่ตอบสนองต่อการฉีดวัคซีน รวมถึงประสบปัญหาการมีปฏิกิริยาที่รุนแรงหรือแสดงอาการอย่างถาวรหลังการได้รับวัคซีน (Banda, 2002) และจากการเฝ้าระวังหลังจากไม่พบอุบัติการณ์ของโรคมาเป็นระยะเวลานานโดยปี พ.ศ. 2557 พบการเกิดโรคในจังหวัดพิษณุโลก กำแพงเพชร และอุตรดิตถ์ ซึ่งโรคดังกล่าวก่อให้เกิดความเสียหายต่อผลผลิตและเศรษฐกิจของเกษตรกรผู้เลี้ยงเป็นจำนวนมาก และยังพบการเกิดโรคต่อเนื่องมาถึงปี พ.ศ. 2558 ในจังหวัดกำแพงเพชร และตรวจพบเชื้อ IBDV จากฟาร์มไก่ไข่จังหวัดนครสวรรค์ ผู้วิจัยจึงได้ศึกษาลักษณะทางพันธุกรรมของ IBDV ที่พบในปี พ.ศ. 2557-2558 ของจังหวัดกำแพงเพชรและนครสวรรค์ เพื่อทราบถึงลักษณะทางพันธุกรรมของ

เชื้อไวรัสดังกล่าว และเป็นฐานข้อมูลทางพันธุกรรมของ IBDV ในพื้นที่เพื่อเป็นข้อมูลพื้นฐานในการศึกษาวิจัยเกี่ยวกับการกลายพันธุ์ของเชื้อในอนาคต รวมถึงเป็นข้อมูลในการสนับสนุนงานด้านการควบคุมและเฝ้าระวังป้องกันโรค

อุปกรณ์และวิธีการ

ตัวอย่าง

ตัวอย่างในการศึกษาเป็นสารพันธุกรรมที่ได้จากต่อมเบอร์ซาของไก่ไข่ในจังหวัดกำแพงเพชรและนครสวรรค์ ตัวอย่างจากจังหวัดกำแพงเพชร ในปี พ.ศ. 2557 มีจำนวน 7 ตัวอย่าง (KPT5701, KPT5702, KPT5703, KPT5704, KPT5705, KPT5706 และ KPT5707) จาก 1 ฟาร์ม ซึ่งมีประวัติป่วยตายร้อยละ 97 (386/400 ตัว) และไม่ได้ทำวัคซีน IBD ในปี พ.ศ. 2558 มี 2 ตัวอย่าง KPT5801 และ KPT5802) จาก 1 ฟาร์ม (ซึ่งเป็นตัวอย่างจากต่างพื้นที่กับปี พ.ศ. 2557 โดยมีประวัติการตายเฉียบพลัน ไม่ระบุอัตราการป่วยตาย รวมทั้งประวัติวัคซีน

ตัวอย่างจากจังหวัดนครสวรรค์ จำนวน 3 ตัวอย่าง (NSW5801, NSW5802 และ NSW5803) จากฟาร์มเดียวกัน ในปี พ.ศ. 2558 โดยเจ้าหน้าที่ปศุสัตว์ในพื้นที่ส่งซากเพื่อชันสูตรก่อนการเคลื่อนย้ายเข้าโรงฆ่า จากการตรวจทางพยาธิวิทยาสงสัยโรค IBD จากรอยโรคที่พบเลือดออกที่ต่อมเบอร์ซา

การตรวจทางห้องปฏิบัติการ

1. ผลการตรวจวินิจฉัยโรค Newcastle และ Avian influenza (H_5N_1) โดยวิธีเพาะแยกเชื้อในไข่ไก่ฟัก ทำการพิสูจน์เชื้อด้วยวิธี HA-HI และ Real-time RT-PCR

2. ตรวจหาสารพันธุกรรมโดยวิธี Reverse Transcriptase Polymerase Chain Reaction (RT-PCR)

นำตัวอย่างเนื้อเยื่อต่อมเบอร์ซาที่อยู่ในสภาพดี ไม่เน่าเสีย มาเตรียมเป็น 20% suspension ใน PBS ที่ pH 7.2-7.4 จากนั้นสกัดตัวอย่าง RNA ด้วยชุดสกัดสำเร็จรูป E.Z.N.A.™ Viral RNA Kit (OMEGA Bio-Tek) ตามวิธีการของบริษัทผู้ผลิตแนะนำ และทำการเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรมด้วยชุดน้ำยา SuperScript™ One-Step RT-PCR with Platinum®Taq โดยวิธี PCR โดยเตรียมสารในการทำปฏิกิริยาตามบริษัทผู้ผลิตแนะนำ ใช้ RNA ตั้งต้นปริมาตร 5 ul และ Primer 2 ชุด ในการศึกษาคือ VP2 primer (Forward primer:5'-GCCCAGAGTCTACACCAT-3' และ Reverse primer:5'-CCCGGATTATGTCTTTGA-3') (Jackwood et al., 2009) และ VP1 primer (Forward primer:5'-CATAAAGCCTACAGCTGGAC-3' และ Reverseprime: 5'- GTCCACTTGATGACTTGAGG-3') (Jackwood et al., 2012)

ขั้นตอนในการทำปฏิกิริยาชุด VP2 primer ประกอบด้วย reverse transcription 55 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 30 นาที จำนวน 1 รอบ pre-denaturation 94 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 2 นาที จากนั้นเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรมด้วย ขั้นตอน denaturation 94 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 15 วินาที annealing 55 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 30 วินาที และ extension 72 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 1 นาที จำนวน 40 รอบ final extension 72 องศาเซลเซียส เป็น เวลา 5 นาที และขั้นตอนในการทำปฏิกิริยาชุด VP1 primer ประกอบด้วย RT 55 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 30 นาที จำนวน 1 รอบ pre-denaturation 94 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 2 นาที จากนั้นเพิ่มปริมาณสารพันธุกรรมด้วย ขั้นตอน denaturation 94 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 15 วินาที annealing 60 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 30 วินาที และ extension 72 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 1 นาที จำนวน 40 รอบ final extension 72 องศาเซลเซียส เป็น เวลา 5 นาที

3. การตรวจหาลำดับสารพันธุกรรม (DNA sequencing)

นำ PCR product ที่ได้จากข้อ 2 มาทำให้บริสุทธิ์โดยใช้ชุดทดสอบ PureLink™ Quick PCR Purification Kit (Invitrogen™) เมื่อได้ DNA ที่บริสุทธิ์จากขั้นตอนดังกล่าว จึงนำมาหาลำดับนิวคลีโอไทด์ด้วย DNA sequencing โดยใช้ Bigdye® terminator sequencing kit v3.1 (Applied Biosystems, California, USA) โดยใช้ปริมาณของ DNA ประมาณ 10-30 ng โดยการวัดค่าการดูดกลืนแสงที่ A260 nm ซึ่งมีส่วนประกอบของปฏิกิริยาดังต่อไปนี้ คือ

ตัวอย่าง DNA ที่บริสุทธิ์ 2 µl specific sequencing primer 3.2 µM (primerชุด VP1 และชุด VP2) Forward primer และ Reverse primer อย่างละ 1 µl (3.2 pmol) 5X sequencing buffer 1.5 µl และ Bigdye terminator sequence mix (2.5x) 1 µl ปรับปริมาตร ให้ได้ 10 µl ด้วย double distilled water (ddH_2O) นำเข้าเครื่อง Thermal cycle สภาวะที่เหมาะสมคือ initial denaturation 96 องศาเซลเซียสเป็นเวลา 1 นาที denaturation 96 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 10 วินาที annealing 50 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 5 วินาที และ elongation 60 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 4 นาที จำนวน 25 cycle จากนั้นกำจัด dye terminator โดยการตกตะกอน DNA ด้วยเอทานอล แล้วนำเข้าเครื่องวิเคราะห์ ลำดับสารพันธุกรรม ABI PRISM® 310 Genetic Analyzer (Applied Biosystems) และวิเคราะห์คุณภาพของ กรดนิวคลีอิกด้วยโปรแกรม sequencing analysis (ABI) และโปรแกรม BioEdit version 7.2.5 (Hall, 1999)

4. การวิเคราะห์ลำดับสารพันธุกรรมและความสัมพันธ์เชิงวิวัฒนาการ (Sequencing and phylogenetic analysis)

นำข้อมูลลำดับสารพันธุกรรมโปรตีน VP1 และ VP2 ของ IBDV ที่ศึกษาเปรียบเทียบกับลำดับนิวคลีโอไทด์อ้างอิงของโปรตีน VP1 และ VP2 ของ IBDV จากฐานข้อมูลของ GenBank, NCBI (www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/) ดังแสดงในตารางที่ 1 และวิเคราะห์ความเหมือนของลำดับนิวคลีโอไทด์ (nucleotide identity) ด้วยโปรแกรม BioEdit version7.2.5 (Hall,1999) ของไวรัสพร้อมทั้งวิเคราะห์ความสัมพันธ์เชิงวิวัฒนาการ (Phylogenetic tree) ด้วย Neighbor-Joining method และทดสอบความน่าเชื่อถือด้วย Bootstrap value เท่ากับ 1,000 ด้วยโปรแกรม MEGA version 6.0 (Tamura et al., 2013)

ผลการศึกษา

ผลการตรวจวินิจฉัยโรค Newcastle และ Avian influenza (H_5N_1) ในทุกตัวอย่างไม่พบเชื้อไวรัสทั้ง 2 ชนิด ส่วนผลการตรวจหาสารพันธุกรรมของ IBDV ให้ผลบวกทุกตัวอย่างที่ศึกษา แบ่งเป็นตัวอย่างจากจังหวัดกำแพงเพชร 9 ตัวอย่าง และจังหวัดนครสวรรค์ 3 ตัวอย่าง รวมทั้งหมด 12 ตัวอย่าง

ผลการศึกษาการจัดเรียงลำดับกรดอะมิโนในส่วนของโปรตีน VP2 พบว่าตัวอย่างจากจังหวัดกำแพงเพชร (KPT) ทุกตัวอย่างมีลำดับกรดอะมิโนตรงกับเชื้อไวรัสอ้างอิงชนิด very virulent ส่วนตัวอย่างจากจังหวัดนครสวรรค์ (NSW) ทุกตัวอย่างมีลำดับกรดอะมิโนตรงกับเชื้อไวรัสอ้างอิงชนิด attenuated vaccine (2512 VP2 และ Blue VP2) (ภาพที่ 1 และตารางที่ 2)

การศึกษาในส่วนโปรตีน VP1 พบว่าตัวอย่าง KPT 8 จาก 9 ตัวอย่าง (ยกเว้น KPT5705) มีลำดับกรดอะมิโนทุกตำแหน่งตรงกับเชื้อไวรัสอ้างอิงสายพันธุ์ SK53 ที่พบในประเทศไทย (ตัวอย่าง KPT5703 และ KPT5802 มีลำดับกรดอะมิโนต่างจากเชื้ออ้างอิง SK53 จำนวน 1 ตำแหน่ง) ในขณะที่ตัวอย่าง NSW ทุกตัวอย่าง และ KPT 1 จาก 9 ตัวอย่าง (KPT5705) มีลำดับกรดอะมิโนตรงกับเชื้ออ้างอิง KK54 ที่พบในประเทศไทย (ภาพที่ 2 และตารางที่ 2)

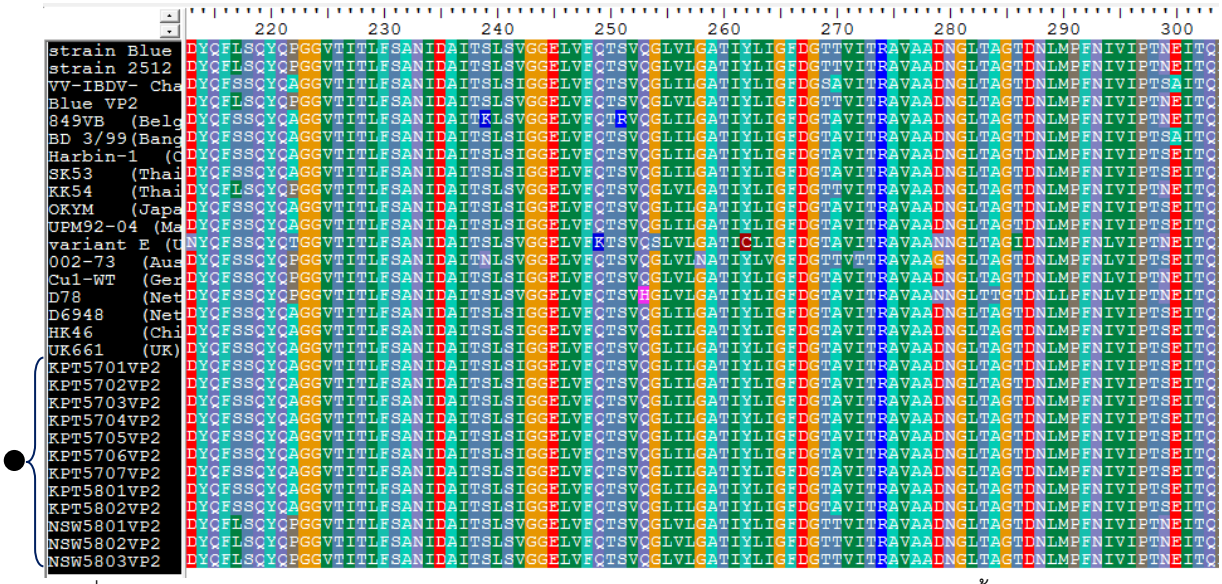
ตารางที่ 1 ข้อมูลของเชื้ออ้างอิงของไวรัสเบอร์ซ่าอักเสบติดต่อส่วนของโปรตีน VP1 และ VP2 ที่นำมาใช้ในการศึกษา

IBDV strain	Origin	Type	Accession number Segment A (VP2)	Accession number Segment B (VP1)
D78	Netherlands	Classical attenuated	AF499929	AF499930
002-73	Australia	Classical	X03993	M19336
Cu1-WT	Germany	Classical	AF362747	AF362748
Variant E	United States	Antigenic variant	AF133904	AF133905
UK661	United Kingdom	Very virulent	X92760	X92761
OKYM	Japan	Very virulent	D49706	D49707
HK46	China	Very virulent	AF092943	AF092944
BD3/99	Bangladesh	Very virulent	AF362776	AF362770
D6948	Netherlands	Very virulent	AF240686	AF240687
849VB	Belgium	Very virulent	X95883	-
Harbin-1	China	Reassortant	EF517528	EF517529
UPM92-04	Malaysia	Very virulent	AF262030	-
VV-IBDV- Challenge	India	Very virulent	KJ621064	-
23/82	Germany	Serotype 2	-	AF362774
OH	United States	Serotype 2	U30818	U30819
SK53	Thailand	-	KJ198843	KJ198845
KK54	Thailand	-	KJ198844	KJ198846
2512 VP2	United States	Attenuated vaccine	DQ355819	-
Blue VP2	United States	Attenuated vaccine	DQ355820	-
Winterfield-2512	United States	Attenuated vaccine	-	AF083092

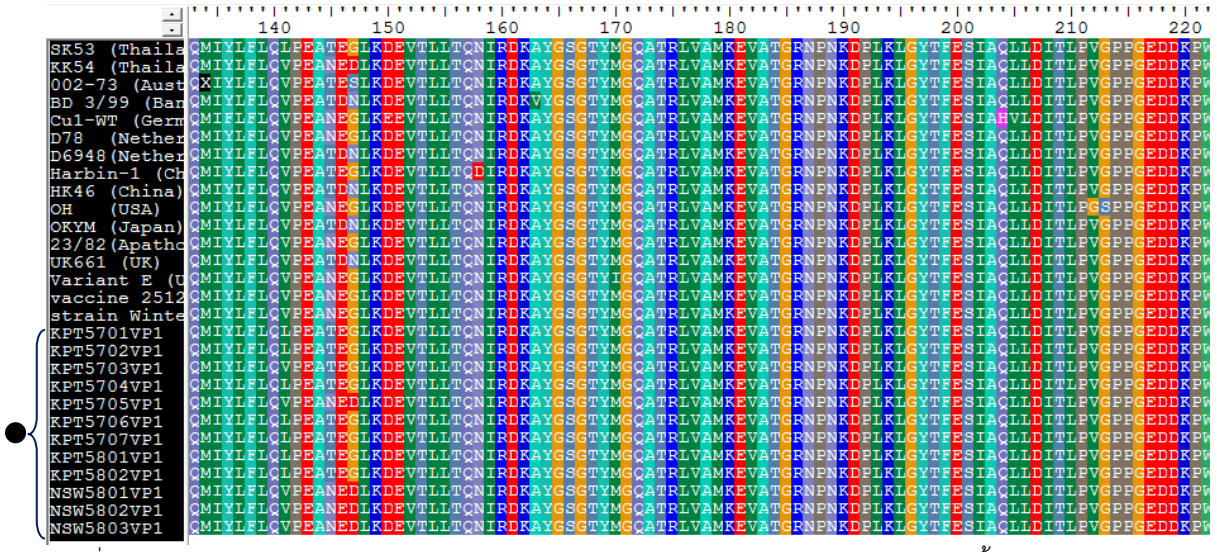
ข้อมูลจาก GenBank (2017)

ผลการวิเคราะห์ความสัมพันธ์เชิงวิวัฒนาการในส่วนโปรตีน VP2 พบว่าตัวอย่าง KPT ทุกตัวอย่างมีความสัมพันธ์ใกล้ชิดกับเชื้ออ้างอิงสายพันธุ์ very virulent ในขณะที่ตัวอย่าง NSW มีความสัมพันธ์ใกล้ชิดกับเชื้ออ้างอิงสายพันธุ์ attenuated vaccine ทุกตัวอย่าง (ภาพที่ 3 A) สำหรับส่วนของโปรตีน VP1 พบว่าตัวอย่าง KPT 8 ใน 9 ตัวอย่าง (ยกเว้น KPT5705) มีความสัมพันธ์ใกล้ชิดกับเชื้ออ้างอิงสายพันธุ์ SK53, classical และ reassortant

ในขณะที่ตัวอย่าง NSW และตัวอย่าง KPT5705 มีความสัมพันธ์ใกล้ชิดกับเชื้ออ้างอิงสายพันธุ์ attenuated vaccine, classical attenuated, antigenic variant และ classical (ภาพที่ 3 B)



ภาพที่ 1 แสดงการจัดเรียงตัวของลำดับกรดอะมิโนของ IBDV ของตัวอย่างศึกษา เปรียบเทียบกับเชื้ออ้างอิงโปรตีน VP2 (ตัวอย่างศึกษา (●) ขนาดความยาวของนิวคลีโอไทด์ 658 คู่เบส ซึ่งแสดงความยาวของลำดับกรดอะมิโน 219 ตัว)



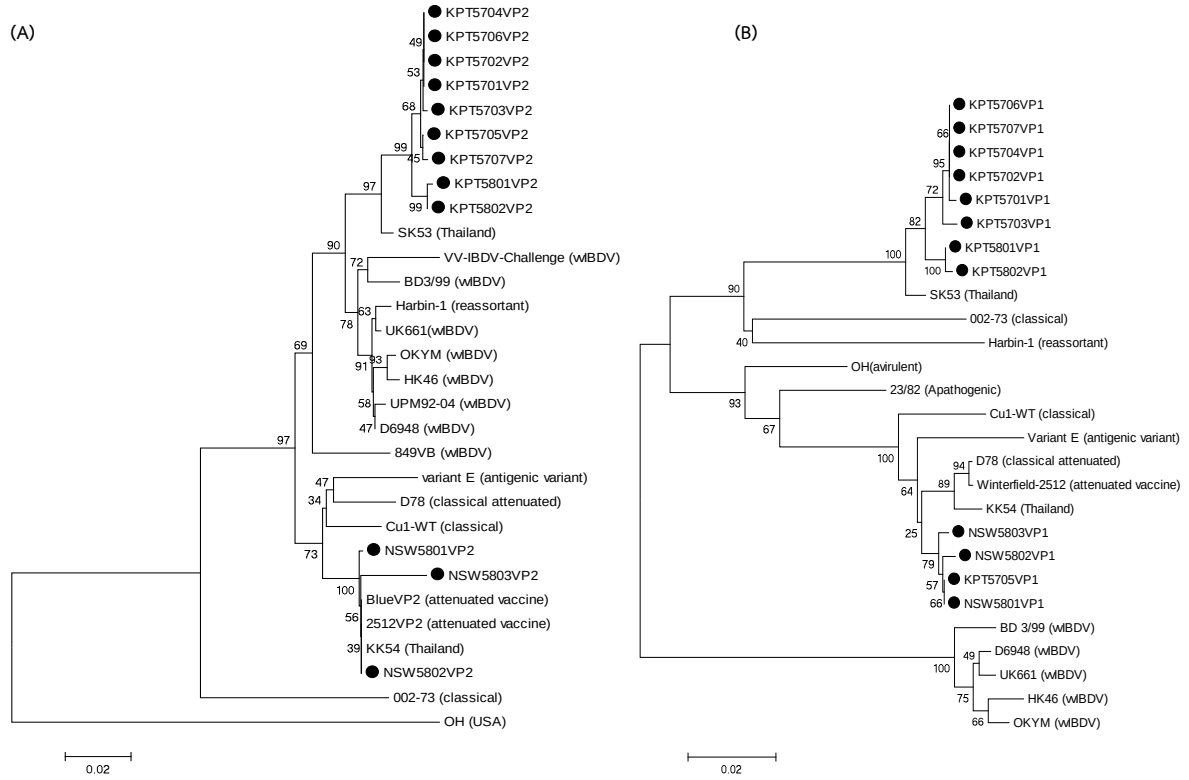
ภาพที่ 2 แสดงการจัดเรียงตัวของลำดับกรดอะมิโนของ IBDV ของตัวอย่างศึกษา เปรียบเทียบกับเชื้ออ้างอิงโปรตีน VP1 (ตัวอย่างศึกษา (●) ขนาดความยาวของนิวคลีโอไทด์ 639 คู่เบส ซึ่งแสดงความยาวของลำดับกรดอะมิโน 213 ตัว)

ตารางที่ 2 แสดงลำดับกรดอะมิโนในตำแหน่งที่จำเพาะต่อสายพันธุ์ very virulent (vvIBDV) ในโปรตีน VP2 และ VP1

IBDV strain	Amino acid on VP2 (Segment A)					Amino acid on VP1 (segment B)		
	222	242	256	294	299	145	146	147
Blue (Attenuated vaccine)	P	V	V	I	N	-	-	-
2512 VP2 (Attenuated vaccine)	P	V	V	I	N	-	-	-
849VB (vvIBDV)	A	V	I	I	N	-	-	-
Harbin-1 (Reassortant)	A	I	I	I	S	T	E	G
HK46 (vvIBDV)	A	I	I	I	S	T	D	N
OKYM (vvIBDV)	A	I	I	I	S	T	D	N
UK661 (vvIBDV)	A	I	I	I	S	T	D	N
D6948 (vvIBDV)	A	I	I	I	S	T	D	N
D78 (Classical attenuated)	P	V	V	L	N	N	E	G
SK53 (Thailand)	A	I	I	I	S	T	E	G
KK54 (Thailand)	P	V	V	I	N	N	E	D
Variant-E (Antigenic variant)	T	V	V	L	N	N	E	G
002-73 (Classical)	P	V	V	L	N	T	E	S
Cu1- WT (Classical)	P	I	V	L	N	N	E	G
Winterfield (Attenuated vaccine)	-	-	-	-	-	N	E	G
KPT5701*	A	I	I	I	S	T	E	G
KPT5702*	A	I	I	I	S	T	E	G
KPT5703*	A	I	I	I	S	T	E	G
KPT5704*	A	I	I	I	S	T	E	G
KPT5705*	A	I	I	I	S	N	E	D
KPT5706*	A	I	I	I	S	T	E	G
KPT5707*	A	I	I	I	S	T	E	G
KPT5801*	A	I	I	I	S	T	E	G
KPT5802*	A	I	I	I	S	T	E	G
NSW5801*	P	V	V	I	N	N	E	D
NSW5802*	P	V	V	I	N	N	E	D
NSW5803*	P	V	V	I	N	N	E	D

หมายเหตุ A = Alanine, D = Aspartic acid (Aspartate), E = Glutamic acid (Glutamate), G = Glycine, I = Isoleucine, L = Leucine, N = Asparagine, P = Proline, S = Serine, T = Threonine, V = Valine

เป็นตำแหน่งของกรดอะมิโนที่จำเพาะของสายพันธุ์ very virulent (vvIBDV), * ตัวอย่างในการศึกษา



ภาพที่ 3 แสดงความสัมพันธ์เชิงวิวัฒนาการของโปรตีน VP2 (A) และโปรตีน VP1 (B) ของ IBDV จังหวัดกำแพงเพชร (KPT) และนครสวรรค์ (NSW) ในปี 2557-2558 จำนวน 12 ตัวอย่าง ซึ่งมีสัญลักษณ์ ● เปรียบเทียบกับเชื้อไวรัส อ้างอิงทำการวิเคราะห์ด้วย Neighbor-Joining method โดยค่า Bootstrap value =1,000

วิจารณ์

จากประวัติของตัวอย่างในการศึกษาสารพันธุกรรมเชื้อ IBDV ที่ได้จากจังหวัดกำแพงเพชร (KPT) มีอัตราการป่วยตายสูงถึงร้อยละ 97 ในปี พ.ศ. 2557 และในปี พ.ศ. 2558 มีประวัติการตายเฉียบพลัน ซึ่งตัวอย่างทั้งสองปีนี้มาจากต่างพื้นที่กัน บ่งชี้ว่าน่าจะเป็นสายพันธุ์ very virulent สอดคล้องกับผลการศึกษาลำดับกรดอะมิโนในส่วนโปรตีน VP2 ที่พบว่าตัวอย่าง KPT ทุกตัวอย่างมีลำดับกรดอะมิโนตรงกับเชื้ออ้างสองสายพันธุ์ very virulent โดยมีลำดับกรดอะมิโนในตำแหน่งจำเพาะกับสายพันธุ์ very virulent ได้แก่ ตำแหน่ง 222A, 242I, 256I, 294I และ 299S (Banda and Villegas, 2004) รวมทั้งสอดคล้องกับผลการวิเคราะห์ความสัมพันธ์เชิงวิวัฒนาการ (ภาพที่ 3) ทั้งนี้สาเหตุของการเกิดโรค ส่วนหนึ่งอาจจะเนื่องมาจากการไม่เคยมีการทำวัคซีนป้องกันโรค IBD ในพื้นที่ดังกล่าว จากรายงานของจิโรจ และคณะ (2550) พบว่าไก่ไข่มีความไวต่อการติดเชื้อ IBDV มากกว่าในไก่เนื้อเป็นผลให้มีการเกิดโรคที่รุนแรง และมีอัตราการป่วยตายที่สูง ในขณะที่ผลการศึกษาลำดับกรดอะมิโนทุกตำแหน่งของตัวอย่าง KPT ในส่วนโปรตีน VP1 ที่พบ 8 จาก 9 ตัวอย่าง ยกเว้น KPT5705 มีความเหมือนกับเชื้ออ้างอิง SK53 ซึ่งเป็นเชื้อที่พบในประเทศไทยและไม่ได้ระบุความรุนแรงของสายพันธุ์ (ตารางที่ 1) โดย 8 ตัวอย่างนี้ ตัวอย่าง KPT5703 และ KPT5802 มีลำดับกรดอะมิโนต่างจากเชื้ออ้างอิง SK53 จำนวน 1 ตำแหน่ง และในตำแหน่งกรดอะมิโนที่ 145T, 146D และ147N ที่เป็นตำแหน่งที่มีความจำเพาะของสายพันธุ์ very virulent (Jackwood et al,. 2012) ตัวอย่าง KPT มีตำแหน่งลำดับกรดอะมิโนเป็น 145T, 146E และ 147G ซึ่งตรงกับเชื้ออ้างอิง SK53 และ reassortant (Harbin-1) อาจมีความเป็นไปได้ว่าตัวอย่าง KPT ที่ใช้ในการศึกษาครั้งนี้อาจจะเกิด reassortment ซึ่งกรณีนี้ไม่สามารถบ่งชี้ได้อย่างชัดเจนเนื่องจากการศึกษานี้มีตำแหน่งของกรดอะมิโนอาจไม่ครอบคลุมตำแหน่งที่จำเพาะต่อสายพันธุ์ very virulent ทั้งหมด โดยจากรายงานของ Alkie (2013) ที่ได้รวบรวมข้อมูลการระบาดของ IBDV ในหลายประเทศ เช่น สาธารณรัฐประชาชนจีน สหรัฐอเมริกา ฝรั่งเศส และ แซมเบีย พบการเกิด reassortant IBDV โดย

ส่วนมากพบว่าส่วนของ segment A มาจากสายพันธุ์ vvIBDV และ segment B มาจากสายพันธุ์ attenuated ในขณะที่ Nuansrichay และคณะ (2014) ที่ทำการวิเคราะห์ complete genome ของ IBDV ที่แยกได้จากไก่เนื้อในประเทศไทยพบว่าเกิด reassortment ระหว่างสายพันธุ์ที่มีความรุนแรงสูง และความรุนแรงต่ำใน segment A และ segment B ตามลำดับ และลำดับกรดอะมิโนใน segment B ก็มีความแตกต่างจากข้อมูลที่เคยมีการศึกษาก่อนหน้านี้

สำหรับตัวอย่างจากจังหวัดนครสวรรค์ (NSW) มาจากซากไก่ไข่ที่ส่งตรวจก่อนการเคลื่อนย้ายเข้าโรงฆ่าโดยไม่ระบุอัตราการป่วย/ตาย และประวัติวัคซีน ในส่วนของการวิเคราะห์สถานการณ์การเกิดโรค IBD จึงไม่สามารถระบุได้อย่างชัดเจน จากการศึกษาลำดับกรดอะมิโนในส่วนโปรตีน VP2 พบว่าตรงกับสายพันธุ์ attenuated vaccine ในขณะที่ลำดับกรดอะมิโนในส่วนโปรตีน VP1 ตรงกับเชื้ออ้างอิง KK54 เช่นเดียวกับตัวอย่างที่เหลือ 1 ใน 9 ตัวอย่างจากจังหวัดกำแพงเพชร (KPT5705) โดย KK54 เป็นเชื้ออ้างอิงจากประเทศไทย และไม่ได้ระบุสายพันธุ์ (ตารางที่ 1) ทั้งนี้จากการรายงานของ Nuansrichay และคณะ (2014) ได้วิเคราะห์ลำดับกรดอะมิโนของทั้งโปรตีน VP2 และ VP1 ของเชื้อ KK54 พบว่าเป็นสายพันธุ์รุนแรงต่ำ

จากการศึกษาครั้งนี้พบว่า แม้ว่าการวิเคราะห์ลำดับกรดอะมิโนของโปรตีน VP2 และ VP1 สามารถระบุสายพันธุ์ของ IBDV ของตัวอย่างศึกษา แต่เพื่อให้ได้ข้อมูลที่ถูกต้องชัดเจน ควรทำการศึกษาข้อมูลทางพันธุกรรมให้ครอบคลุมทั้ง whole genome (Nouen et al., 2005; Alkie, 2013) นอกจากนี้ควรพิจารณาร่วมกับประวัติการเกิดโรค ลักษณะทางพยาธิสภาพ รวมทั้งประวัติวัคซีนในฟาร์มเกิดโรค การศึกษาข้อมูลทางพันธุกรรมจะเป็นประโยชน์ต่อการวางแผนควบคุมเฝ้าระวังโรคในพื้นที่ รวมทั้งพิจารณาชนิดของวัคซีนที่เหมาะสม อย่างไรก็ตามเนื่องจาก IBDV อาจเกิด reasssortment ระหว่างต่างสายพันธุ์ ดังนั้นจำเป็นต้องตรวจติดตามการเปลี่ยนแปลงของไวรัสอย่างต่อเนื่องเพื่อประโยชน์ในการควบคุมเฝ้าระวังโรคอย่างมีประสิทธิภาพ

สรุปผลการศึกษา

การศึกษา IBDV ในไก่ไข่ที่ตรวจพบในจังหวัดกำแพงเพชร และนครสวรรค์ ในปี พ.ศ. 2557-2558 เชื้อ IBDV ของจังหวัดกำแพงเพชร ส่วนของโปรตีน VP2 ของ segment A มีความเหมือนกับเชื้อสายพันธุ์ very virulent และส่วนของโปรตีน VP1 ของ segment B ยกเว้นตัวอย่าง KPT5705 มีความเหมือนกับเชื้ออ้างอิง SK53 และเชื้อ IBDV จากจังหวัดนครสวรรค์ส่วนของโปรตีน VP2 มีความเหมือนกับเชื้อสายพันธุ์ attenuated vaccine และส่วนของโปรตีน VP1 รวมตัวอย่าง KPT5705 มีความเหมือนกับเชื้ออ้างอิง KK54 สายพันธุ์รุนแรงต่ำ

กิตติกรรมประกาศ

ขอขอบคุณ สพ.ญ.ดร.จันทร์เพ็ญ ชำนาญพูด ผู้อำนวยการศูนย์วิจัยและพัฒนาการสัตวแพทย์ภาคเหนือตอนล่าง (พ.ศ.2549-2559) น.สพ.ดร.นฤพล พร้อมขุนทด รักษาการผู้อำนวยการและพัฒนาการสัตวแพทย์ภาคเหนือตอนล่าง น.สพ.บัณฑิต นวลศรีฉาย ที่ให้การสนับสนุนในการดำเนินการและให้คำปรึกษาแนะนำในการศึกษาวิจัย นายจีรพงษ์ จุลพันธ์ และเจ้าหน้าที่ศูนย์วิจัยและพัฒนาการสัตวแพทย์ภาคเหนือตอนล่างที่ช่วยในการดำเนินการศึกษา น.สพ.กิตติ รักสิการ สำนักงานปศุสัตว์จังหวัดกำแพงเพชร ที่เอื้อเฟื้อข้อมูลการสอบสวนโรค

เอกสารอ้างอิง

จิโรจ ศศิปรียจันทร์. 2547. การจัดการและโรคสำคัญในไก่เนื้อ. พิมพ์ครั้งที่ 1. ธนาเพรส แอนด์ กราฟฟิค, กรุงเทพฯ.

จิโรจ ศศิปรียจันทร์ สุวรักษ์ วรรณรัตน์ และนิวัตร จันทร์ศิริพรชัย. 2550. ประสิทธิภาพของวัคซีนป้องกันโรคเบอร์ซาอักเสบติดต่อชนิดแรงปานกลางพิเศษ 3 ชนิด ในไก่เนื้อ. สัตวแพทยสาร 58(3): 58-67.

Alkie, T.N. 2013. Molecular epidemiology of infectious bursal disease viruses and development of a microparticle based vaccine. Clinic for Poultry. Ph.D. Thesis. The University of Veterinary Medicine Hannover, Germany.

Animal Health Australia. 2009. Disease strategy: Infectious bursal disease caused by very virulent IBD virus or exotic antigenic variant strains of IBD virus (Version 3.0), Australian Veterinary Emergency Plan (AUSVETPLAN), Edition 3, Primary Industries Ministerial Council, Canberra, ACT. Available source : http://www.animalhealthaustralia.com.au, February 10, 2015.

Banda, A. 2002. Characterization of field strains of Infectious Bursal Disease Virus (IBDV) using molecular techniques. The Graduate Faculty of The University of Georgia. Ph.D. Thesis. The University of Georgia.

Banda, A. and Villegas, P. 2004. Genetic characterization of very virulent infectious bursal disease viruses from Latin America. Avian Dis. 48: 540-549.

Eterradossi, N. and Saif, Y.M. 2013. Infectious Bursal Disease, pp. 219-246. In Swayne, D.E., editor in chief. Diseases of Poultry: John Wiley & Sons, Inc.

Hall, T.A. 1999. BioEdit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT. Nucl. Acids. Symp. Ser. 41: 95-98.

Ignjatovic, J. 2004. Very Virulent Infectious Bursal Disease Virus. Australia and New Zealand Standard Diagnostic Procedures. Australian Animal Health Laboratory. Available source: http://www.scahls.org.au/Procedures/Documents/ANZSDP/wibdv.pdf, February 12, 2015.

Jackwood, D.J., Crossley, B. M., Stoute, S.T., Sommer-Wagner, S., Woolcock, P.R. and Charlton, B. R. 2012. Diversity of genome segment B from infectious bursal disease viruses in the United States. Avian Dis. 56(1): 165-172.

Jackwood, D.J, Sommer-Wagner, S.E., Stoute, A.S., Woolcock, P.R., Crossley, B.M., Hietala, S.K. and Charlton, B.R. 2009. Characteristics of a very virulent infectious bursal disease virus from California. Avian Dis. 53(4): 592-600.

Lasher, H.N. and Davis, V.S. 1997. History of infectious bursal disease in the U.S.A.—the first two decades. Avian Dis. 41:11-19.

Lojkic, I., Bidin, Z. and Pokric, B. 2008. Sequence analysis of both genome segments of three Croatian infectious bursal disease field viruses. Avian Dis. 52: 513-519.

Lukert, P.D. and Saif, Y.M. 2003. Infectious bursal disease, pp. 161–179. In: Saif, Y.M., Glisson, J.R., Fadly, A.M., McDougald, L.R. and Swayne, D.E. eds. Diseases of poultry: Iowa State University Press, Iowa.

Malliga M.N. and Frederick S.B.K. 1997. Review Article: Infectious Bursal Disease Virus: A Review of Molecular Basis for Variations in Antigenicity and Virulence. Available source : http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC1189382/pdf/cjvetres00018-0003.pdf, February 12, 2015.

Nouen, C. L., Rivallan, G., Toquin, D. and Eterradossi, N. 2005. Significance of the genetic relationships deduced from partial nucleotide sequencing of infectious bursal disease virus genome segments A or B. Arch Virol 150: 313-325.

Nuansrichay, B., Thonsranoi, K., Wandee, N., Deemagarn, T., Kaewkarntai, N., Dokphut, A., Leethochawalit, S. and Songserm, T. 2014. Sequence analysis of two genome segments of infectious bursal disease viruses isolated from commercial broiler chickens in Thailand. Proceedings of 39th International Conference on Veterinary Science, Nonthaburi, Thailand. p. 43.

Tamura, K., Stecher, G., Peterson, D., Filipski, A. and Kumar, S. 2013. MEGA6: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 6.0. Molecular Biology and Evolution. 30: 2725-2729.

Van Den Berg, T.P., 2000. Acute infectious bursal disease in poultry: A review. Avian Path. 29: 175-194.

Yamaguchi,T., Ogawa M., Miyoshi, M., Inoshima, Y., Fukushi H., and Hirai, K. 1997. Sequence and phylogenetic analyses of highly virulent infectious bursal disease virus. Arch Virol 142: 1441-1458.

CLMV คือกลุ่มประเทศอะไร และสินค้าอะไรที่คนไทยทำตลาดได้บ้าง

CLMV คือประเทศ กัมพูชา ลาว พม่า เวียดนาม เป็นประเทศในกลุ่ม ASEAN ที่มีแนวโน้มเศรษฐกิจโตต่อเนื่องและยังมีแร่ธาตุทรัพยากรอุดมสมบูรณ์ และยังมีค่าจ้างแรงงานไม่สูงนัก กลุ่มประเทศ CLMV จึงเป็นประเทศที่มีคนสนใจเข้าไปลงทุนการผลิตและการตลาด แต่เนื่องด้วย CLMV นั้นมีพรมแดนติดกับไทยทุกประเทศจึงเหมาะมากที่ผู้ประกอบการไทยจะเข้าไปลงทุนหรือหาลู่ทางทำธุรกิจ

ประเทศกัมพูชา

กัมพูชามีจุดเด่นที่ประชากรเพิ่มขึ้นมากทุกปี และมีกลุ่มหนึ่งที่มีกำลังซื้อสูง และมีอุปสงค์ในการบริโภคสินค้าและบริการทุกประเภทในปริมาณสูง แต่ยังไม่สามารถผลิตได้เพียงพอ ต้องนำเข้าหลายอย่าง ซึ่งธุรกิจที่ชาวไทยน่าเข้าไปลงทุนก็มีที่ พนมเปญ พระตะบอง เสียมเรียบ ในส่วนพนมเปญ เมืองที่มีศักยภาพในการค้าของ SMEs ไทย ได้แก่ กรุงพนมเปญ จังหวัดเสียมเรียบ และจังหวัดพระตะบอง ในส่วนของกรุงพนมเปญ สินค้าและบริการทุกอย่าง สามารถขยายตัวทั้งปัจจุบันและอนาคต จังหวัดพระตะบอง ประเภทสินค้าที่มีศักยภาพ คือ สินค้าเกษตร เครื่องจักรกลเกษตร สินค้าอุปโภคบริโภค บริการท่องเที่ยวและธุรกิจเกี่ยวเนื่อง ส่วนจังหวัดเสียมเรียบ ประเภทสินค้าที่มีศักยภาพ คือการท่องเที่ยวและธุรกิจต่อเนื่อง และกลุ่มสินค้าอุปโภคบริโภค ในส่วนจังหวัดพระตะบองที่มีพรมแดนติดต่อกับไทย การค้าขายชายแดนนี้ ควรวางตำแหน่งสินค้าและบริการให้มีภาพลักษณ์ด้านคุณภาพสูงกว่าสินค้าจากมาเลเซียเล็กน้อย และราคาถูกกว่าสินค้าจากเกาหลีใต้

สรุป: ประเทศกัมพูชามีศักยภาพในด้านค่าแรงแรงานที่ยังค่อนข้างต่ำ มีการเติบโตของตลาดการท่องเที่ยวสูง ได้รับสิทธิพิเศษทางด้านการค้าระหว่างประเทศมาก และยังขาดแคลนอุตสาหกรรมการผลิตทั้งภาคเกษตรและอุตสาหกรรมแต่ก็มีข้อจำกัดในด้านขนาดตลาดภายในประเทศที่มีประชากรค่อนข้างน้อย และความพร้อมของสาธารณูปโภคที่น้อย

ประเทศลาว

ถือว่าเป็นประเทศที่มีสังคม วัฒนธรรม ใกล้เคียงกับประเทศไทยมากที่สุดเมืองที่น่าสนใจในการค้า คือ เมืองหลวงเวียงจันทน์ แขวงหลวงพระบาง และแขวงจำปาสัก สินค้าที่มีโอกาสทำตลาด ได้แก่ ประเภทสินค้าอุปโภคบริโภค โดยเฉพาะสินค้ากลุ่มทำความสะอาดผ้า กลุ่มสินค้าเพื่อสุขภาพความงาม เครื่องประดับมีดีไซน์ ยากันยุง หรือประเภทสินค้าเกษตรและเครื่องจักรการเกษตร โดยเฉพาะเครื่องพรวนดินและกำจัดวัชพืชขนาดเล็ก เครื่องจักรแปรรูปสินค้าเกษตร กลุ่มสินค้าวัสดุอุปกรณ์ก่อสร้าง กลุ่มสินค้าอะไหล่ยานยนต์และรถยนต์ โดยเฉพาะล้อแม็กซ์ ฟิล์มกรองแสง GPS เครื่องเสียง และอู่ซ่อมรถ ในส่วนของสินค้าบริการของไทย ที่มีศักยภาพในแต่ละเมืองเป้าหมาย พบว่าเวียงจันทร์ สินค้าบริการที่มีศักยภาพ ได้แก่ ร้านกาแฟ อู่ซ่อมรถ ร้านอาหาร ร้านเสริมสวย เมืองหลวงพระบาง ได้แก่ ร้านอาหาร นวด–สปา อู่ซ่อมรถ ร้านกาแฟ แขวงจำปาสัก ได้แก่ ร้านอาหาร นวด–สปา โรงแรม อู่ซ่อมรถ โดยช่องทางการเข้าสู่ตลาดใน ลาว ส่วนใหญ่จะเป็นการ การร่วมลงทุน ส่งออกทางอ้อม และส่งออกทางตรง

สรุป:ประเทศลาวนั้นมีศักยภาพในด้านค่าแรงแรงานที่ยังค่อนข้างต่ำ มีทรัพยากรธรรมชาติที่อุดมสมบูรณ์ทั้งแร่ธาตุ พลังน้ำ และที่ดินสำหรับทำการเกษตร มีวัฒนธรรมและภาษาใกล้เคียงกับไทย และยังขาดแคลนเทคโนโลยีการผลิตผลผลิตทางการเกษตร แต่ก็มีข้อจำกัดในด้านขนาดตลาดในประเทศที่มีประชากรน้อย ความพร้อมของสาธารณูปโภค และการไม่มีพรมแดนติดทะเลจึงทำให้การขนส่งสินค้าระหว่างประเทศต้องผ่านประเทศอื่น

ประเทศพม่า

สหภาพพม่าเป็นประเทศที่มีประชากรอยู่จำนวนมาก และยังไม่สามารถผลิตปัจจัยสี่ได้เพียงพอ สภาพแวดล้อมทางสังคมและวัฒนธรรม การนับถือศาสนาพุทธ วิถีชีวิต ความเชื่อ คล้ายกับไทย และเป็นจุดร่วมสำคัญที่สร้างโอกาสทางการตลาดให้กับสินค้าไทย ซึ่งชาวพม่ามีค่านิยมในการบริโภคสินค้าที่ยึดติดกับตราสินค้าโดยเฉพาะตราสินค้าไทย ที่ชาวพม่ารับรู้และเชื่อมั่นว่าเป็นสินค้าที่มีคุณภาพดี เมืองที่มีศักยภาพทางการค้าสำหรับ ไทย ได้แก่ เมืองย่างกุ้ง เมืองเมียวดี และเมืองมัณฑะเลย์ ซึ่งโอกาสของสินค้าไทยในแต่ละเมืองเป้าหมาย พบว่า เมืองย่างกุ้ง สินค้าที่มีศักยภาพคือ กลุ่มสินค้าอุปโภคบริโภค กลุ่มสินค้าวัสดุอุปกรณ์ก่อสร้าง กลุ่มสินค้ายานยนต์และชิ้นส่วนอะไหล่ เมืองเมียวดี ได้แก่ กลุ่มสินค้าอุปโภคบริโภค กลุ่มสินค้าเกษตรและเครื่องการเกษตร กลุ่มสินค้าวัสดุก่อสร้าง และกลุ่มสินค้ายานยนต์และชิ้นส่วนอะไหล่ เมืองมัณฑะเลย์ สินค้าที่มีศักยภาพ ได้แก่ กลุ่มสินค้าเกษตรและเครื่องจักรเกษตร และกลุ่มสินค้าวัสดุก่อสร้าง

สรุป:ประเทศเมียนม่าร์มีศักยภาพในด้านกำลังแรงงานที่มีอยู่เป็นจำนวนมาก มีระดับค่าแรงที่ต่ำ ทรัพยากรธรรมชาติมีความอุดมสมบูรณ์ทั้งแร่ธาตุ น้ำมัน และที่ดินสำหรับทำการเกษตร นอกจากนี้ยังมีการแข่งขันในประเทศที่ไม่สูงนัก แต่ก็มีข้อจำกัดใดด้านความไม่แน่นอนทางการเมือง การส่งเสริมการลงทุน การขนส่งสินค้าผ่านแดน และความพร้อมของสาธารณูปโภค ทั้งนี้ ช่องทางการเข้าสู่ตลาดของไทย ในสหภาพพม่า ส่วนใหญ่จะเป็นการส่งออกทางตรง ส่งออกทางอ้อม และธุรกิจแบบแฟรนไชส์

ประเทศเวียดนาม

เวียดนาม ที่ปัจจุบันเป็นทั้งแหล่งผลิตและแหล่งตลาดที่สำคัญใน AEC มีศักยภาพพร้อมครบถ้วน ทั้งนโยบายด้านการค้า การลงทุนที่ชัดเจนและบังคับใช้ทั่วประเทศ และสำคัญคนเวียดนามมีความรู้สึกที่ดีต่อสินค้าไทย สินค้าไทยที่มีศักยภาพในตลาดเวียดนาม ได้แก่ อุปกรณ์ชิ้นส่วนรถจักรยานยนต์และอะไหล่ อุปกรณ์ตกแต่งรถจักรยานยนต์ วัสดุก่อสร้าง ธุรกิจซ่อมรถจักรยานยนต์ สินค้าอุปโภคบริโภค เครื่องสำอาง รวมถึงการทำธุรกิจท่องเที่ยวแบบ Inbound Tourism และธุรกิจต่อเนื่อง เช่น สปา ร้านอาหาร ภัตตาคาร เมืองที่มีศักยภาพทางเข้าทำการค้าด้วย ได้แก่ นครโฮจิมินห์ นครเกิ่นเธอ และนครไฮฟอง โดยเฉพาะนครไฮฟอง นั้นบริษัทอสังหาริมทรัพย์ของคนไทย คือ บริษัท พฤกษาเรียลเอสเตท ได้รับอนุมัติให้ดำเนินโครงการหมู่บ้านจัดสรรสำหรับผู้มีรายได้น้อยซึ่งเริ่มดำเนินงานในปี 2010 แล้ว

การเข้าตลาดของสินค้าทุกประเภทในประเทศเวียดนาม ควรเริ่มต้นด้วยวิธีการส่งสินค้า (Export) เข้าไปจำหน่ายโดยผ่านตัวแทนจำหน่ายที่มีใบอนุญาตเท่านั้น ในส่วนของธุรกิจบริการสามารถเข้าตลาดด้วยการลงทุน 100% ร่วมทุนกับบริษัทท้องถิ่น การร่วมมือทางธุรกิจ และการเช่าสถานที่พร้อมใบอนุญาต ฯลฯ โดยต้องวางภาพลักษณ์เป็นสินค้าคุณภาพและแข่งขันในตลาดสินค้าระดับกลาง-บน ในส่วนของอุตสาหกรรมก่อสร้าง ควรดำเนินการในลักษณะเป็นผู้รับเหมาช่วง

สรุป:ประเทศเวียดนามนั้นนับว่ามีศักยภาพสูงมากทั้งในด้านกำลังแรงงานที่ประชากรส่วนใหญ่ของประเทศอยู่ในวัยหนุ่มสาว ค่าแรงที่ยังค่อนข้างต่ำ การพัฒนาของสาธารณูปโภคอย่างต่อเนื่อง ขนาดของตลาดภายในประเทศที่มีประชากรมากกว่าประเทศไทย ช่องทางการส่งออกสินค้าไปยังต่างประเทศเสถียรภาพทางการเมืองและเศรษฐกิจ แต่ก็มีข้อจำกัดที่สำคัญคือ ความรุนแรงในการแข่งขันทั้งนี้เนื่องจากประเทศเวียดนามเป็นประเทศที่มีนักลงทุนต่างชาติเพิ่มขึ้นอย่างรวดเร็ว

บทความโดย thai-aec.com สามารถนำไปเผยแพร่ได้โดยอ้างอิงที่มา

ที่มา : http://www.thai-aec.com/65

ข้อมูลจาก http://www.thai-aec.com

โปรดติดตามตอนต่อไปของ AEC นะค่ะ ^^_^^ **กองบรรณาธิการ**

รายงานการชันสูตรโรคสัตว์

มกราคม – มีนาคม 2560

ชนิดสัตว์	จำนวนตัวอย่างที่ส่งตรวจ				โรคที่ตรวจพบ	จำนวนตัวอย่างที่พบ
	ซาก, มีชีวิต	อุจจาระ	เลือด, ซีรั่ม	เชื้อป้ายสำลี		
โค	-	253	2,460	-	Blackleg	1
กระบือ	-	65	240	-	-	-
สุกร	2	-	1,847	5	Classical swine fever	1
แกะ	-	8	1,535	-	-	-
แพะ	1	178	9,513	-	-	-
กวาง	-	-	-	-	-	-
ไก่	1,240	-	7,523	9,112	-	-
เป็ด	3	-	7,243	6,177	-	-
นกธรรมชาติ	62	-	-	82	-	-
สัตว์ปีกสวยงาม	-	-	-	-	-	-
นกกระทา	-	-	-	-	-	-
นกกระจอกเทศ	-	-	-	2	-	-
ห่าน	-	-	-	-	-	-
ม้า	-	-	22	-	-	-
สัตว์ป่า	3	-	154	24	-	-
สัตว์น้ำ	1	-	-	-	-	-
สัตว์เลี้ยง	134	-	-	-	Rabies (สุนัข)	4
สัตว์ครึ่งบกครึ่งน้ำ	-	-	-	-	-	-
สัตว์ทดลอง	24	-	-	-	-	-

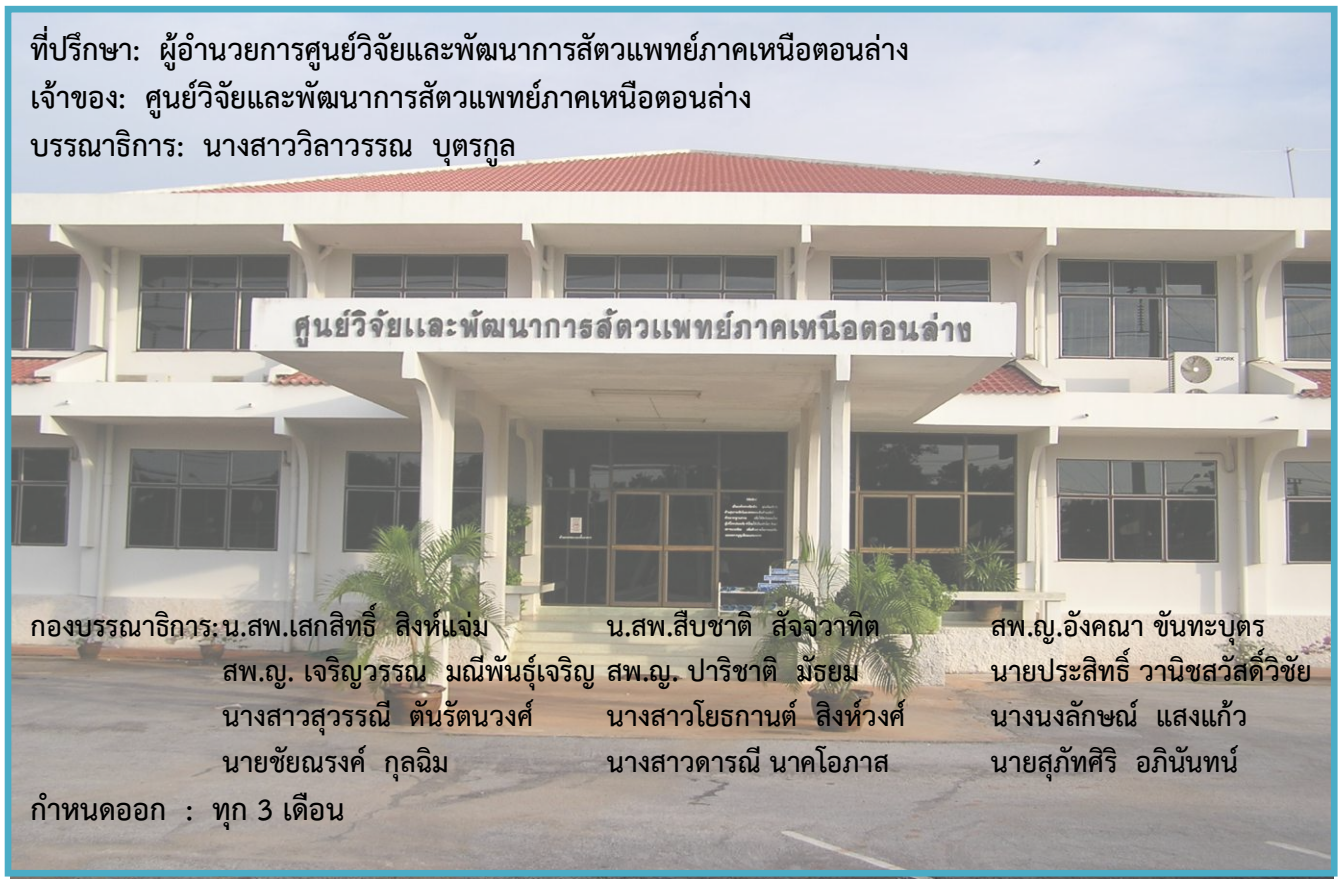
ศูนย์วิจัยและพัฒนาการสัตวแพทย์ภาคเหนือตอนล่าง

อ.วังทอง จ.พิษณุโลก 65130 โทร 0-5531-2069

E-mail : vrd_sn@dld.go.th

ชำระค่าฝากส่งเป็นรายเดือน
ใบอนุญาตเลขที่ 60/2542
ไปรษณีย์วังทอง

เหตุขัดข้องที่นำจ่ายผู้รับไม่ได้
0จ่าหน้าไม่ชัดเจน
0ไม่มีเลขที่บ้านตามจ่าหน้า
0ไม่ยอมรับ
0ไม่มีผู้รับตามจ่าหน้า
0ไม่มารับภายในกำหนด
0ตาย
0เลิกกิจการ
0ลาออก
0ย้าย ไม่ทราบที่อยู่ใหม่
0เลขทับมีไม่ถึง
0บ้านรื้อถอน
0เลขขาดหายไป
0อื่นๆ .....
ลงชื่อ.....



ที่ปรึกษา: ผู้อำนวยการศูนย์วิจัยและพัฒนาการสัตวแพทย์ภาคเหนือตอนล่าง
เจ้าของ: ศูนย์วิจัยและพัฒนาการสัตวแพทย์ภาคเหนือตอนล่าง
บรรณาธิการ: นางสาววิลาวรรณ บุตรกูล

กองบรรณาธิการ: น.สพ.เสกสิทธิ์ สิงห์แจ่ม น.สพ.สืบชาติ สัจจวาทิต สพ.ญ.อังคณา ขันทะบุตร
สพ.ญ. เจริญวรรณ มณีพันธุ์เจริญ สพ.ญ. ปาริชาติ มัธยม นายประสิทธิ์ วานิชสวัสดิ์วิชัย
นางสาวสุวรรณี ตันรัตนวงศ์ นางสาวโยธกานต์ สิงห์วงศ์ นางนงลักษณ์ แสงแก้ว
นายชัยณรงค์ กุลฉิม นางสาวดารณี นาคโอภาส นายสุภัทศิริ อภินันทน์

กำหนดออก : ทุก 3 เดือน