

เชื้อไวรัสพาร์อาร์เอสประกอบด้วยสองสายพันธุ์หลักคือ สายพันธุ์อเมริกาเหนือและสายพันธุ์ยุโรป ตามทวิปที่ค้นพบและเกิดปัญหา ปัจจุบันหลายประเทศพบการติดเชื้อทั้งสองสายพันธุ์ อาจส่งผลให้เกิดการติดเชื้ออย่างรุนแรงมากขึ้นและเชื้อไวรัสมีการเปลี่ยนแปลงทางพันธุกรรมสูง งานวิจัยนี้มีวัตถุประสงค์เพื่อศึกษาความรุนแรงของรอยโรคที่ปอดทางมหภาคและการเปลี่ยนแปลงทางพันธุกรรมของเชื้อไวรัสพาร์อาร์เอสส่วน open reading frame 5 ในสุกรที่ติดเชื้อไวรัสพาร์อาร์เอสรวมทั้งสองสายพันธุ์ สุ่มแบ่งสุกรปลอดเชื้อไวรัสพาร์อาร์เอสอายุ 3 - 4 สัปดาห์ตามน้ำหนักจำนวน 29 ตัว ออกเป็น 4 กลุ่มประกอบด้วย NEG US EU และ MIX กลุ่ม NEG เป็นกลุ่มควบคุมลบ กลุ่ม US และ EU เป็นกลุ่มติดเชื้อไวรัสพาร์อาร์เอสสายพันธุ์อเมริกาเหนือ (US) และสายพันธุ์ยุโรป (EU) ตามลำดับ กลุ่ม MIX เป็นกลุ่มติดเชื้อไวรัสพาร์อาร์เอสรวมทั้งสายพันธุ์ยุโรปและสายพันธุ์อเมริกาเหนือ เจาะเลือดสุกรวันที่ 0, 5, 10, และ 30 หลังฉีดเชื้อไวรัสพาร์อาร์เอส เพื่อเก็บซีรัม และในวันที่ 10 และ 30 หลังฉีดเชื้อไวรัสพาร์อาร์เอส นำสุกรจำนวน 5 และ 3 ตัวตามลำดับจากแต่ละกลุ่ม มาทำการุณยฆาตเพื่อวัดปริมาณรอยโรคที่ปอดและเก็บน้ำล้างปอด นำตัวอย่างซีรัมและน้ำล้างปอดมาตรวจเชื้อไวรัส และถอดรหัสพันธุกรรมของยีนลำดับที่ 5 ผลการทดลองพบว่าที่ 10 วันหลังฉีดเชื้อไวรัสพาร์อาร์เอส สุกรกลุ่มติดเชื้อไวรัสพาร์อาร์เอสรวมทั้งสายพันธุ์ยุโรปและพันธุ์อเมริกาเหนือ มีรอยโรคที่ปอดรุนแรงกว่าสุกรที่ติดเชื้อเพียงสายพันธุ์เดียว แต่ไม่พบความแตกต่างของรอยโรคที่ปอดที่ 30 วันหลังฉีดเชื้อ แยกไวรัสลูกหลานสายพันธุ์อเมริกาเหนือหรือยุโรปได้จากกลุ่มที่ได้รับเชื้อสายพันธุ์อเมริกาเหนือหรือยุโรป แต่สามารถแบ่งไวรัสลูกหลานจากกลุ่มติดเชื้อร่วมออกได้เป็น 3 กลุ่ม (clades) คือกลุ่มสายพันธุ์ยุโรปอเมริกาเหนือ และกลุ่มที่แตกต่างจากสายพันธุ์ยุโรปหรืออเมริกาเหนือ ผลการถอดรหัสพันธุกรรมพบว่าไวรัสลูกหลานจากกลุ่มติดเชื้อร่วมมีความแตกต่างทางพันธุกรรมมากกว่าไวรัสลูกหลานจากกลุ่มติดเชื้อเดียว และความแตกต่างทางพันธุกรรมไวรัสลูกหลานที่แยกได้จากกลุ่มติดเชื้อร่วมช่วงวันที่ 30 เมื่อเปรียบเทียบกับไวรัสต้นแบบน้อยกว่ามีความเชื่อไวรัสลูกหลานที่แยกได้ช่วงวันที่ 10 และพบไวรัสลูกหลานที่เกิดการแลกเปลี่ยนทางพันธุกรรมของสองสายพันธุ์ทุกช่วงเวลา ผลการทดลองสรุปได้ว่าการติดเชื้อร่วมสองสายพันธุ์สามารถเร่งการเปลี่ยนแปลงทางพันธุกรรมของเชื้อไวรัสลูกหลานและก่อให้เกิดอาการโรคที่รุนแรงมากขึ้น แต่ละสายพันธุ์เปลี่ยนแปลงโดยตัวเองแต่จะมีไวรัสที่เกิดจากการแลกเปลี่ยนพันธุกรรมของสองสายพันธุ์ตลอดเวลา

Two distinct genotypes of PRRSV, European and North American (NA), are described with each genotype independently evolving in each continent. In several countries, however, both genotypes concurrently exist in which may play an important role in increased severity of clinical disease and genetic modification of PRRSV. The objectives of the study were to investigate pneumonic lesion and ongoing changes in open reading frame 5 of PRRSV in pigs simultaneously infected with both EU and NA PRRSV isolates. Twenty nine, PRRSV free, pigs were randomly allocated into 4 groups; NEG, US, EU and MIX. NEG was no-challenge control. Groups US and EU were intranasally challenged with NA and EU PRRSV isolate, respectively. Group MIX was intranasally challenged with both isolates. 5 and 3 pigs per group were sacrificed on 10 and 30 days post infection (DPI), respectively. Lungs were assessed for PRRSV-induced macroscopic pneumonic lesion. PRRSV was isolated from bronchoalveolar lavage fluid (BALF). At 10 DPI, PRRSV-induced macroscopic pneumonic lesions were significantly more severe in pigs concurrently infected with both EU and NA isolates than pigs infected with either isolate. At 30 DPI, there was no difference between single and dual infection. Several plaque-cloned viruses were recovered and compared to the parent virus by sequencing of open reading frames (ORF) 5 of the genome. EU or US related progeny viruses were isolated from either EU or US infected pigs. In dual infected pigs, however, 3 clades of progeny viruses were determined; EU- and US-related, and a group distinct from either EU or US. The sequence analysis showed the changes in ORF 5 occurred more rapidly in pigs concurrently infected with both EU and NA isolates than pigs infected with either isolate. Progeny viruses isolated at 30 DPI were closely related to the parent virus than progeny viruses isolated at 10 DPI by which were genetically more diverse. Interestingly, recombination between the 2 genotypes was observed at every time points. The findings suggest the presence of 2 distinctive PRRSV genotypes can accelerate the change of viral genome and increase the severity of the disease. Each genotype independently evolving and the recombination between the 2 distinct genotypes can occur, but its ability to persistently infect remained to be further investigated.