

บทสรุปโครงการ (Executive Summary)

ภาวะเต้านมอักเสบในโคนมเป็นปัญหาสุขภาพที่มีความสำคัญและมีผลก่อให้เกิดความสูญเสียทางเศรษฐกิจอย่างมากในอุตสาหกรรมโคนมทั้งในประเทศไทยและประเทศอื่นๆทั่วโลก ความสูญเสียเหล่านี้มักมาจากความสูญเสียจากผลผลิตน้ำนมที่น้อยลง ค่าใช้จ่ายในการรักษาและอัตราการคัดโคที่มีปัญหาเต้านมอักเสบเรื้อรังออกจากฝูงเพิ่มสูงขึ้น ภาวะเต้านมอักเสบในโคนมมักมีสาเหตุจากการติดเชื้อจุลินทรีย์เข้าสู่เต้านม ซึ่งสามารถแบ่งได้เป็นกลุ่มเชื้อจุลินทรีย์ที่สามารถติดต่อได้จากโคสู่โค (contagious pathogens) และกลุ่มเชื้อจุลินทรีย์ที่มักติดเชื้อเข้าสู่เต้านมจากสิ่งแวดล้อมภายนอกตัวโค (environmental pathogens) เชื้อ *S. uberis* เป็นเชื้อก่อโรคที่มีความสำคัญมากและสามารถก่อให้เกิดเต้านมอักเสบได้ทั้งแบบแสดงอาการและไม่แสดงอาการในโคนมทุกระยะของวงจรการผลิต ไม่ว่าจะเป็นโครีดนม โคแห้งนม หรือแม้แต่ในโคสาว แม้ว่าผลการศึกษามากมายยืนยันหนทางในการติดเชื้อหลักของ *S. uberis* มาจากสิ่งแวดล้อมภายนอกตัวโค แต่ยังมีรายงานบางฉบับที่รายงานลักษณะการติดต่อของเชื้อ *S. uberis* เข้าสู่เต้านมโดยติดต่อกันจากโคสู่โคโดยอาศัยวิธีการทางอณูชีววิทยา (molecular biology) นอกจากนี้ความเข้าใจในด้านพยาธิกำเนิดและปัจจัยรุนแรงที่จำเป็นสำหรับการติดเชื้อ *S. uberis* เข้าสู่เต้านมโดยยังไม่มีรายงานที่ชัดเจน การติดเชื้อแบบที่เรื้อรังนี้เข้าสู่เต้านมอาจเป็นการติดเชื้อแบบแสดงอาการ ไม่แสดงอาการ หรือการติดเชื้อแบบซ่อนเร้นได้ ปัจจัยรุนแรงหลายชนิดได้ถูกอธิบายและคาดว่าจะมีความสำคัญกับความสามารถในการก่อโรคและความรุนแรงของเชื้อ *S. uberis* ได้ วัตถุประสงค์ของการศึกษานี้ คือการสำรวจยีนที่เกี่ยวข้องกับความรุนแรงของเชื้อ *S. uberis* ได้แก่ plasminogen activator (*pauA*) glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase (*gapC*) oligopeptide permease (*oppF*) metal transporter *uberis A* (*mtuA*) hyaluronic acid capsules (*hasA, hasB, hasC*) lactoferrin binding protein (*lbp*) adhesion protein (*sua*) และ CAMP factor (*cfu*) รวมทั้งศึกษาระบาดวิทยาโมเลกุลด้วยวิธี pulsed field gel electrophoresis (PFGE) ของเชื้อที่เพาะแยกได้จากน้ำนมของแม่โคที่เป็นเต้านมอักเสบแบบแสดงอาการ แบบไม่แสดงอาการ และการติดเชื้อแอบแฝง ในเขตจังหวัดเชียงใหม่ ทำการเก็บตัวอย่างน้ำนมทั้งสิ้น 645 ตัวอย่าง จากแม่โค 181 ตัวใน 55 ฟาร์ม เพื่อนำมาเพาะเชื้อแบคทีเรีย และสามารถเพาะแยกเชื้อ *S. uberis* ได้ทั้งสิ้น 88 เชื้อ โดยยืนยันด้วยวิธี PCR ยีนที่เกี่ยวข้องกับความรุนแรงที่พบมากที่สุดคือ *oppF* (94.32%) ตามด้วย *hasC* (92.05%) และ *mtuA* (92.05%) PFGE ของเชื้อ 71 เชื้อ พบว่าสามารถแบ่งแยกได้เป็น 56 รูปแบบ และแม้ว่าจะมีรูปแบบหลากหลายมาก แต่รูปแบบของเชื้อสามารถแบ่งกลุ่มได้ตามฟาร์มโดยไม่เกี่ยวข้องกับความรุนแรงของการติดเชื้อ การศึกษานี้สรุปได้ว่า กระบวนการอยู่รอดภายในเต้านมของเชื้ออาจมีบทบาทหลักในการก่อโรคของเชื้อ *S. uberis* และสามารถยืนยันการพบรูปแบบของเชื้อที่จำเพาะต่อฟาร์มได้