ปลานิล (*Oreochromis nilotica*) จัดเป็นปลาน้ำจืดชนิดหนึ่งที่มีคุณค่าทางเศรษฐกิจ สามารถเลี้ยงได้ทุกสภาพภูมิภาคต่างๆ ของประเทศไทย ผลผลิตปลานิลเป็นที่นิยมบริโภคภายในประเทศและมีมูลค่าการส่งออกสูงสุดของผลิตภัณฑ์สัตว์น้ำจืดของประเทศไทย การพัฒนาระบบการเลี้ยงปลานิลเพื่อเพิ่มผลผลิตและเลี้ยงหนาแน่นทำให้มีความเสี่ยงต่อการเกิดโรคหรือการระบาดของโรค เชื้อแบคทีเรียสเตรปโตคอคคัสเป็นสาเหตุโรครุนแรงในปลานิลและมีรายงานการสูญเสียทางเศรษฐกิจในอุตสาหกรรมการผลิตปลานิลทั่วโลกรวมทั้งประเทศไทย การศึกษานี้เป็นการศึกษาลักษณะของการเกิดโรคและความไวรับต่อยาต้านจุลชีพของเชื้อสเตรปโตคอคคัสในปลานิลเพาะเลี้ยง ปลานิลป่วยหรือตายจากอาการสันนิษฐานว่าเกิดการติดเชื้อสเตรปโตคอคคัสจำนวน 60 รายงานการเกิดโรคจาก 9 จังหวัด นำมาศึกษาลักษณะของการเกิดโรคโดยการชันสูตรซาก แยกเชื้อสเตรปโตคอคคัสเพื่อทดสอบความไวรับต่อยาต้านจุลชีพ amoxicillin, oxytetracycline, sulfadiazine/trimethoprim และ sulfadimethoxine/ormetoprim จำแนกชนิดของเชื้อแบคทีเรียจากคุณสมบัติทางชีวเคมีด้วยชุดทดสอบ API และยืนยันชนิดของเชื้อทางชีวโมเลกุลด้วยวิธี PCR การศึกษารอยโรคของปลานิลป่วยด้วยโรคสเตรปโตคอคโคซิสพบลักษณะผิดปกติ ได้แก่ จุดเลือดออกที่อวัยวะภายใน ของเหลวสีน้ำเลือดในช่องท้อง ตับ ไต และม้ามมีขนาดใหญ่ ลักษณะโคโลนีของเชื้อแบคทีเรียสเตรปโตคอคคัสเป็นจุดสีขาวและพบการแตกตัวของเม็ดเลือดแดงในอาหารเลี้ยงเชื้อบริเวณรอบโคโลนี เชื้อติดสีแกรมบวก เซลล์กลมเรียงต่อกันเป็นสายไม่สร้างเอนไซม์คะตาเลส การทดสอบความไวรับของเชื้อต่อยาต้านจุลชีพโดย agar dilution technique แสดงความไวรับของเชื้อต่อยาต้านจุลชีพทั้ง 4 ชนิด การจำแนกเชื้อสเตรปโตคอคคัสด้วยคุณสมบัติทางชีวเคมีด้วยชุดทดสอบ API จำนวน 60 รายงานการเกิดโรค พบเป็น *Streptococcus agalactiae* 47 ราย (81.67%) *S. dys.ssp.equisimilis* 4 ราย (6.67%) *S. porcinus* 8 ราย (13.33%) และ *S. constellatus* 1 ราย (1.67%) ผลการยืนยันชนิดเชื้อด้วยวิธี PCR โดยใช้ primer จาก sequence ใน 16sRNA gene สำหรับตรวจระบุชนิดเชื้อแบคทีเรียสเตรปโตคอคคัสจำนวน 3 คู่ คือ primer C1, 5'-GCG TGC CTA ATA CAT GCA A-3' และ C2, 5'-TAC AAC GCA GGT CCA TCT-3'; primer F1, 5'-GAG TTT GAT CAT GGC TCA G-3' และ IMOD, 5'-ACC AAC ATG TGT TAA TTA CTC-3'; primer Sin-1, 5'-CTA GAG TAC ACA TGT ACT AAG-3' และ Sin-2, 5'-GGA TTT TCC ACT CCC ATT AC-3' การตรวจระบุชนิดของเชื้อสเตรปโตคอคคัสโดยวิธีทางชีวโมเลกุลแสดงผลต่างจากการจำแนกเชื้อด้วยคุณสมบัติทางชีวเคมี คือการตรวจระบุเชื้อโดยวิธี PCR พบ *S. agalactiae* 53 ราย (83.33%) และ *S. iniae* 7 ราย (11.64%)

197095

4875574131 : MAJOR VETERINARY PUBLIC HEALTH

KEY WORD: STREPTOCOCCOSIS / ANTIMICROBIAL SUSCEPTIBILITY / TILAPIA

HATHAIRAT MAISAK : STREPTOCOCCOSIS AND ANTIMICROBIAL SUSCEPTIBILITY OF CLINICAL ISOLATES FROM FARMED TILAPIA (*OREOCHROMIS NILOTICA*).

THESIS ADVISOR : ASST.PROF.BENJAMAS PATAMALAI, D.V.M., Ph.D

THESIS COADVISOR : ASSOC.PROF.JANENUJ WONGTAVATCHAI, D.V.M., MS., Ph.D AND ASST.PROF.ALONGKORN AMONSIN, D.V.M., Ph.D 82 PP.

Tilapia *(Oreochromis niloticus)* is being increasingly cultured for food fish in many countries. Amongs diseases in intensive tilapia farming, Streptococcosis causes the most reduction in stocking of tilapia and has economic consequences on fisheries in many areas of the world. With the intensive growth of tilapia culture, Streptococcal infections are becoming a major threat to the tilapia industry worldwide. The present study aims to identify Streptococcal bacteria in Thai cultured tilapia and their susceptibility to different antimicrobials; amoxicillin, oxytetracycline, sulfadiazine/trimethoprim and sulfadimethoxine/ormetoprim. Diseased fishes obtained from 9 provinces, 60 clinical cases were used for the study. Streptococcus bacteria was isolated from the kidney of diseased fish and biochemically identified using the API system. Bacterial isolates those represented morphology and biochemical profiles of *Streptococcus spp.* were further confirmed by the polymerase chain reaction (PCR). The diseased fish was found to have gross lesions as generally described in fish Streptococcosis; including generalized hemorrhage of the visceral organs, serosanguneous peritonitis and congestion of the liver, kidney and spleen. Bacteriological procedures on the sample obtained from nephritic tissue showed dull-white pin point colonies with hemolysis and catalase negative. Microscopic morphology of bacterial isolates revealed gram positive, long chain cocci. Antimicrobial susceptibility test showed that most of isolates were susceptible to all 4 compounds tested. Biochemical analysis with the API system indicated that isolates were *Streptococcus agalactiae* 47 cases (81.67%) *S. dys.ssp.equisimilis* 4 cases (6.67%) *S. porcinus* 8 cases (13.33%) and *S. constellatus* 1 cases (1.67%). PCR identification was performed by using primers templated from specific sequences of 16sRNA gene ; C1 (5'-GCG TGC CTA ATA CAT GCA A-3'), C2 (5'-TAC AAC GCA GGT CCA TCT-3'); F1 (5'-GAG TTT GAT CAT GGC TCA G-3'), IMOD (5'-ACC AAC ATG TGT TAA TTA CTC-3'); and Sin-1 (5'-CTA GAG TAC ACA TGT ACT AAG-3'), Sin-2 (5'-GGA TTT TCC ACT CCC ATT AC-3'). The PCR technique demonstrated different results from biochemical identification, PCR products suggesting the 16sRNA amplification of *S. agalactiae* were 53 out of 60 cases (83.33%) and other cases were *S. iniae* (7 cases, 11.64%).