

เชื้อไวรัสพอร์อาร์เอส เป็นเชื้อไวรัสที่เป็นสาเหตุของโรคพอร์อาร์เอสในสุกร การวิจัยครั้งนี้เป็นการหาลำดับเบสทั้งหมดของเชื้อไวรัสพอร์อาร์เอส สายพันธุ์ที่แยกได้ในประเทศไทย คือ 01CB1 ผลการหาลำดับเบสของเชื้อไวรัส 01CB1 นี้มีขนาด 14943 นิวคลีโอไทด์ ซึ่งประกอบด้วย 5' UTR และ 3' UTR (บริเวณที่ไม่มีการสร้างโปรตีน) และยีน (ORF) จำนวน 8 ยีน คือ ORF1a ORF1b และ ORF2-7 เพื่อที่จะเปรียบเทียบความแตกต่างของรหัสพันธุกรรมและความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของเชื้อไวรัส พอร์อาร์เอส คณะผู้วิจัยได้เปรียบเทียบลำดับเบสทั้งหมดของเชื้อไวรัสที่แยกได้ในประเทศไทย สายพันธุ์ยุโรป (01CB1) และสายพันธุ์อเมริกา (01NP1) กับตัวแทนของเชื้อไวรัสกลุ่มสายพันธุ์ยุโรป (Lelystad และ EuroPRRSV) และสายพันธุ์อเมริกา (MLV, 16244B, และ VR2332) ผลการวิจัยพบว่าเชื้อไวรัส 01CB1 มีลำดับเบสใกล้เคียงกับเชื้อไวรัสกลุ่มสายพันธุ์ยุโรป Lelystad และ EuroPRRSV เท่ากับ 99.2% และ 95.2% ตามลำดับ ส่วนเชื้อไวรัส 01NP1 มีลำดับเบสใกล้เคียงกับเชื้อไวรัสกลุ่มสายพันธุ์อเมริกา MLV, VR2332 และ 16244B เท่ากับ 99.8%, 99.7% และ 98.5% ตามลำดับ ผลการวิเคราะห์ความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมพบว่าเชื้อไวรัส 01CB1 และ 01NP1 มีลักษณะทางพันธุกรรมใกล้เคียงและจัดอยู่ในกลุ่มเดียวกับเชื้อไวรัสในกลุ่มสายพันธุ์ยุโรปและอเมริกา ตามลำดับ โดยสรุปอาจกล่าวได้ว่าเชื้อไวรัสสายพันธุ์ไทย (01CB1) อาจมีต้นกำเนิดและมีวิวัฒนาการมาจากเชื้อไวรัสต้นแบบสายพันธุ์ยุโรป (Lelystad virus) ส่วนเชื้อไวรัสสายพันธุ์ไทย (01NP1) อาจมีต้นกำเนิดและมีวิวัฒนาการมาจากเชื้อไวรัสที่ใช้เป็นวัคซีน (MLV) นอกจากนี้ยังผลการเปรียบเทียบลำดับเบสพบว่าบริเวณที่พบมีการเปลี่ยนแปลงของกรดอะมิโนมากที่สุด คือ ORF1a การวิจัยครั้งนี้เป็นรายงานแรกในประเทศไทยที่มีการรายงานลำดับเบสทั้งหมดของเชื้อไวรัสพอร์อาร์เอสสายพันธุ์ที่แยกได้ในประเทศไทยกลุ่มสายพันธุ์ยุโรป

Porcine reproductive and respiratory syndrome virus (PRRSV) is a causative agent of a disease in swine, Porcine Reproductive and Respiratory Syndrome (PRRS). In this study, the complete nucleotide sequences of a Thai PRRSV (01CB1) were determined. The PRRSV (01CB1) contains 14,943 nucleotides with 2 untranslated regions (5' UTR and 3' UTR) and 8 open reading frames (ORFs) designated as ORF1a, ORF1b and ORF2-7. In order to determine the genetic variation and genetic relatedness among PRRSV isolates, the complete nucleotide sequences of PRRSV isolated in Thailand, EU strain (01CB1) and US strain (01NP1) were compared with those of 2 EU strains (Lelystad and EuroPRRSV) and 3 US strains (MLV, 16244B and Vr2332). Our results showed that the 01CB1 genome shares approximately 99.2% (Lelystad) and 95.2% (EuroPRRSV) nucleotide identity with EU field strains. While, the 01NP1 genome has 99.8% nucleotide identity with live vaccine strain (MLV) and 99.7% and 98.5% nucleotide identity with 2 other US isolates, VR2332 and 16244B, respectively. Phylogenetic analysis also showed that the 01CB1 was closely related and grouped into EU genotype. On the other hand, the 01NP1 was closely related and clustered into US genotype. These finding suggested that Thai PRRSV, EU strain (01CB1) may evolved from EU filed strain, Lelystad virus. While the Thai PRRSV, US strain (01NP1) may has originated and evolved from vaccine virus or its derivatives. This report is the first report of complete nucleotide sequences of PRRSV, EU strain in Thailand.