

### บทที่ 3

#### ผลการทดลอง

งานวิจัยฉบับนี้ได้ทำการศึกษาองค์ประกอบเลือดและโครงสร้างประชากรแบคทีเรียในทางเดินอาหารของกุ้งขาวและการเปลี่ยนแปลงที่เกิดจากเชื้อไวรัสทอราโรควิริโอซิสและโปรไบโอติก โดยทำการแบ่งออกเป็น 2 การทดลอง คือ 1. การศึกษาองค์ประกอบเลือดและโครงสร้างชุมชนแบคทีเรียในทางเดินอาหารของกุ้งปกติและติดเชื้อไวรัสทอราโรควิริโอซิสในสภาพการเลี้ยงเชิงการค้าของระบบการเลี้ยงกุ้งแบบพัฒนา (intensive system) ในบ่อดิน เพื่อศึกษาถึงค่าปกติขององค์ประกอบเลือดและสัดส่วนของกลุ่มแบคทีเรียที่ทำการศึกษาในทางเดินอาหารส่วนต่าง ๆ ของกุ้งปกติและติดเชื้อไวรัส โดยทำการศึกษาใน 3 พื้นที่การเลี้ยงบริเวณภาคใต้ตอนล่างของประเทศไทย จากนั้นจึงนำข้อมูลที่ได้มาทำการเปรียบเทียบ เพื่อสรุปถึงผลกระทบของการเกิดโรคทอราต่อการเปลี่ยนแปลงองค์ประกอบเลือดและโครงสร้างประชากรแบคทีเรียในกุ้งขาวที่เลี้ยงในบ่อดิน จากนั้นทำการยืนยันผลการศึกษาที่ได้จากบ่อดินอีกครั้งหนึ่งในการทดลองที่ 2 โดยทำการศึกษาการเปลี่ยนแปลงขององค์ประกอบเลือดและโครงสร้างประชากรแบคทีเรียในทางเดินอาหารของกุ้งขาวจากผลของการติดเชื้อไวรัสทอรา แบคทีเรียก่อโรครวมถึงประสิทธิภาพของการยับยั้งเชื้อก่อโรคและการควบคุมเปลี่ยนแปลงโครงสร้างชุมชนจุลินทรีย์ในทางเดินอาหารกุ้งด้วยโปรไบโอติกในห้องปฏิบัติการ โดยทำการตรวจสอบค่าองค์ประกอบเลือดและโครงสร้างชุมชนแบคทีเรียของกุ้งจำนวน 6 ชุดการทดลอง ซึ่งประกอบด้วย

- T1 กุ้งขาวปกติได้รับอาหารปกติ (Control)
- T2 กุ้งขาวปกติที่ได้รับเชื้อ *V. harveyi* AAHRC 01 (VH)
- T3 กุ้งขาวปกติที่ได้รับเชื้อไวรัสทอรา (TSV)
- T4 กุ้งขาวปกติที่ได้รับเชื้อ *V. harveyi* AAHRC 01 ร่วมกับ *L. plantarum* TISTR 050 (VH+LP)
- T5 กุ้งขาวปกติที่ได้รับเชื้อไวรัสทอราพร้อมกับ *V. harveyi* AAHRC 01 (TSV+VH)
- T6 กุ้งขาวปกติที่ได้รับเชื้อไวรัสทอราและเชื้อ *V. harveyi* AAHRC 01 ร่วมกับ *L. plantarum* TISTR 050 (TSV+VH+LP)

เพื่อยืนยันถึงการเพิ่มจำนวนของแบคทีเรียกลุ่ม *Vibrio* spp. ในทางเดินอาหารกุ้ง เมื่อมีการติดเชื้อไวรัสทอรา รวมถึงการศึกษาลักษณะการเปลี่ยนแปลงชุมชนแบคทีเรียเมื่อเกิดการติดเชื้อ *V. harveyi* และ *V. harveyi* ร่วมกับเชื้อไวรัสทอรา นอกจากนี้ยังทำการศึกษาดังประสิทธิภาพของโปรไบโอติก *L. plantarum* TISTR 050 ในการควบคุมเชื้อแบคทีเรียในกลุ่ม *Vibrio* spp. ในสภาวะที่มีการติดเชื้อ *V. harveyi* เพียงชนิดเดียวและ *V. harveyi* ร่วมกับเชื้อไวรัสทอรา

### 3.1 ศึกษาค่าองค์ประกอบเลือดและโครงสร้างประชากรแบคทีเรียในทางเดินอาหารของ กุ้งขาวที่มีสุขภาพปกติและติดเชื้อไวรัสทอราในบ่อดิน

วิเคราะห์ค่าองค์ประกอบเลือดของกุ้งขาวปกติและติดเชื้อไวรัสทอราทำการวิเคราะห์ ปริมาณเม็ดเลือดรวม (total hemocyte count), ค่า Oxyhemocyanin ในน้ำเลือด, ปริมาณกลูโคส (blood glucose)

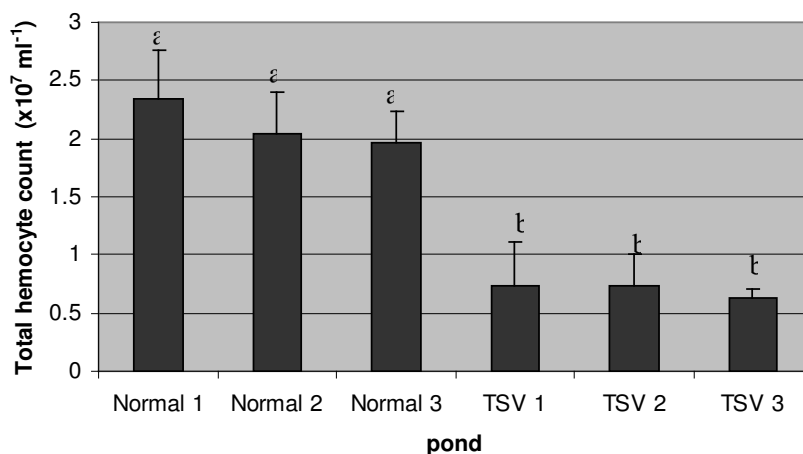
ศึกษาปริมาณแบคทีเรียรวม (total bacteria) และ แบคทีเรียกลุ่ม *Vibrio* spp. ในทางเดินอาหารของกุ้งขาวที่มีสุขภาพปกติและติดเชื้อไวรัสทอรา โดยทำการศึกษาในดับและดับอ่อน, ลำไส้ส่วนต้น, และลำไส้ส่วนปลาย ด้วยวิธีการเพาะเลี้ยงแบคทีเรียบนอาหารเลี้ยงเชื้อจุลินทรีย์ โดยจะทำการสุ่มตัวอย่างกุ้งที่มีสุขภาพปกติและติดเชื้อไวรัสทอราจาก 3 พื้นที่การเลี้ยงของภาคใต้ตอนล่าง รวมถึงทำการวิเคราะห์โครงสร้างชุมชนแบคทีเรียในทางเดินอาหารทั้ง 3 ส่วนของกุ้งตัวอย่างด้วยเทคนิค FISH เพื่อทำการศึกษาดังผลของสภาพพื้นที่การเลี้ยงต่อลักษณะของโครงสร้างประชากรแบคทีเรียในทางเดินอาหารแต่ละส่วนทั้งในสภาวะที่กุ้งมีสุขภาพปกติและติดเชื้อไวรัสทอรา จากนั้นจึงนำข้อมูลที่ได้มาทำการเปรียบเทียบการเปลี่ยนแปลงของโครงสร้างชุมชนแบคทีเรียในทางเดินอาหารแต่ละส่วนที่ทำการศึกษา เพื่ออธิบายถึงผลกระทบของการเป็นโรคทอราต่อการเปลี่ยนแปลงโครงสร้างชุมชนแบคทีเรียในทางเดินอาหารของกุ้งขาวในสภาวะการเลี้ยงจริงในบ่อดิน

#### 3.1.1 ค่าองค์ประกอบเลือดกุ้งขาวปกติและติดเชื้อไวรัสทอราในบ่อดิน

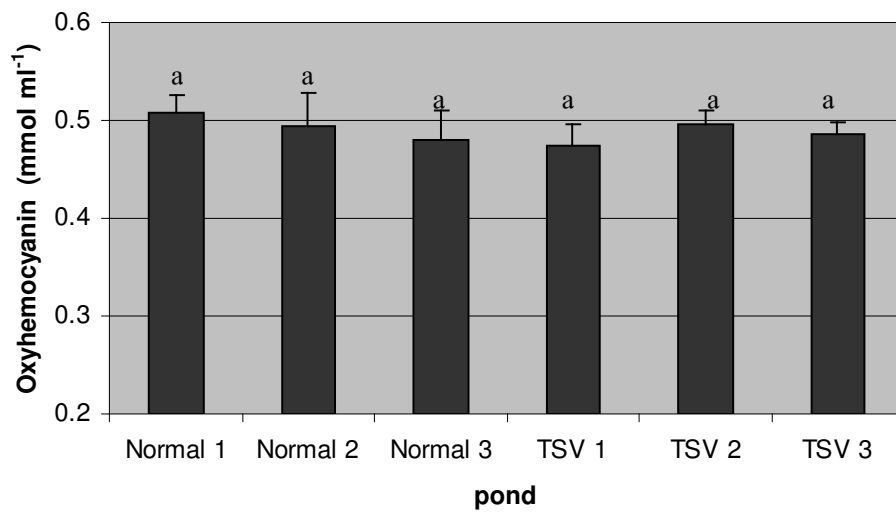
ปริมาณเม็ดเลือดรวมของกุ้งปกติในบ่อดินจากทั้ง 3 แหล่ง พบว่ามีปริมาณเฉลี่ยระหว่าง  $1.83 \times 10^7$ - $2.44 \times 10^7$  เซลล์/มล. โดยทั้ง 3 บ่อมีปริมาณเม็ดเลือดไม่แตกต่างกันทางสถิติ ( $P < 0.05$ ) เมื่อทำการตรวจสอบกุ้งติดเชื้อไวรัสทอราทั้ง 3 บ่อ พบว่ามีปริมาณเม็ดเลือดรวมลดลงอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ ( $P > 0.05$ ) เมื่อเทียบกับกุ้งปกติ โดยกุ้งติดเชื้อไวรัสทอราจะมีปริมาณเม็ดเลือดเฉลี่ยระหว่าง  $6.2 \times 10^6$ - $7.7 \times 10^6$  เซลล์/มล. ดังภาพที่ 12

ปริมาณ Oxyhemocyanin ในน้ำเลือดของกุ้งปกติในบ่อดินจากทั้ง 3 แหล่ง พบว่ามีปริมาณเฉลี่ยระหว่าง 0.48-0.51 มิลลิโมล/มล. และกุ้งติดเชื้อไวรัสทอราที่มีปริมาณเฉลี่ยระหว่าง 0.47-0.50 มิลลิโมล/มล. เมื่อทำการเปรียบเทียบค่าเฉลี่ยระหว่างกุ้งปกติและติดเชื้อไวรัสพบว่าไม่มีความแตกต่างอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ ( $P < 0.05$ ) ดังภาพที่ 13

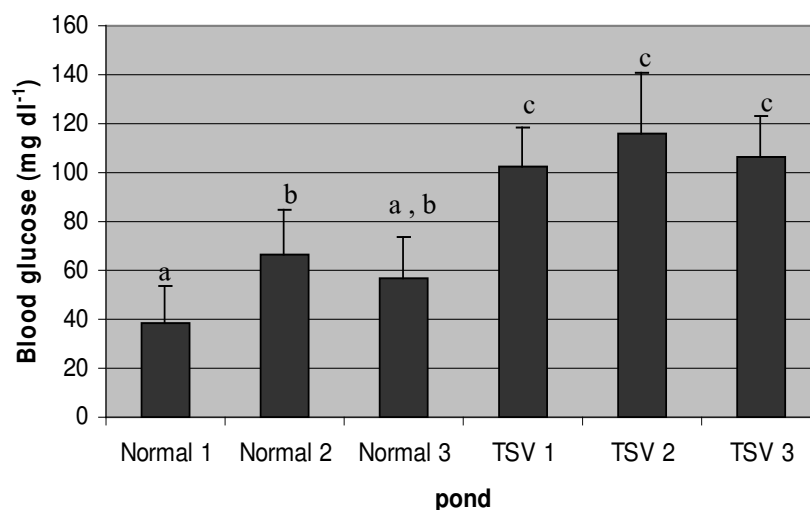
ปริมาณกลูโคสในน้ำเลือดของกุ้งปกติจากทั้ง 3 แหล่งพบว่ามีปริมาณเฉลี่ยระหว่าง 38.17 - 66.08 มิลลิกรัมต่อเดซิลิตร โดยกุ้งปกติจากแหล่งเลี้ยงฝั่งตะวันตก (normal 1) มีปริมาณกลูโคสในน้ำเลือดไม่แตกต่างกับกุ้งปกติจากแหล่งเลี้ยงจากทะเลสาบสงขลา (normal 3) ( $P < 0.05$ ) และกุ้งปกติจากแหล่งเลี้ยงจากฝั่งตะวันออก (normal 2) มีปริมาณกลูโคสในน้ำเลือดไม่แตกต่างกับกุ้งปกติจากแหล่งเลี้ยงทะเลสาบสงขลา ( $P < 0.05$ ) ในขณะที่ปริมาณกลูโคสในน้ำเลือดของกุ้งติดเชื้อไวรัสจะมีปริมาณเฉลี่ยระหว่าง 102.74-115.85 มิลลิกรัมต่อเดซิลิตร ซึ่งกุ้งติดเชื้อไวรัสจากทุกแหล่งเลี้ยงมีปริมาณกลูโคสเฉลี่ยไม่แตกต่างกัน ( $P < 0.05$ ) แต่เมื่อเปรียบเทียบกับกุ้งปกติพบว่า กุ้งติดเชื้อมีปริมาณกลูโคสในน้ำเลือดมากกว่ากุ้งปกติจากทุกแหล่งอย่างมีนัยสำคัญ ( $P > 0.05$ ) ดังภาพที่ 14



**ภาพที่ 12** ปริมาณเม็ดเลือดรวมของกุ้งขาวปกติและติดเชื้อไวรัสในบ่อดิน โดย Normal 1 และ TSV1 คือ ตัวอย่างกุ้งปกติและติดเชื้อ TSV จากแหล่งเลี้ยงฝั่งตะวันตก, Normal 2 และ TSV2 คือ ตัวอย่างกุ้งปกติและติดเชื้อ TSV จากแหล่งเลี้ยงฝั่งตะวันออก, Normal 3 และ TSV3 คือ ตัวอย่างกุ้งปกติและติดเชื้อ TSV จากแหล่งเลี้ยงทะเลสาบสงขลา ค่าเฉลี่ยในภาพที่มีตัวอักษรเหมือนกันกำกับ ไม่มีความแตกต่างทางสถิติที่ระดับความเชื่อมั่น 95% ( $P > 0.05$ )



ภาพที่ 13 ปริมาณ Oxyhemocyanin ในน้ำเลือดของกุ้งขาวปกติและติดเชื้อไวรัสในบ่อดินโดย Normal 1 และ TSV1 คือ ตัวอย่างกุ้งปกติและติดเชื้อ TSV จากแหล่งเลี้ยงฝั่งตะวันตก, Normal 2 และ TSV2 คือ ตัวอย่างกุ้งปกติและติดเชื้อ TSV จากแหล่งเลี้ยงฝั่งตะวันออก, Normal 3 และ TSV3 คือ ตัวอย่างกุ้งปกติและติดเชื้อ TSV จากแหล่งเลี้ยงทะเลสาบสงขลา ค่าเฉลี่ยในภาพที่มีตัวอักษรเหมือนกันกำกับ ไม่มีความแตกต่างทางสถิติที่ระดับความเชื่อมั่น 95% ( $P > 0.05$ )



ภาพที่ 14 ปริมาณกลูโคสในน้ำเลือดของกุ้งขาวปกติและติดเชื้อไวรัสในบ่อดินโดย Normal 1 และ TSV1 คือ ตัวอย่างกุ้งปกติและติดเชื้อ TSV จากแหล่งเลี้ยงฝั่งตะวันตก, Normal 2 และ TSV2 คือ ตัวอย่างกุ้งปกติและติดเชื้อ TSV จากแหล่งเลี้ยงฝั่งตะวันออก, Normal 3 และ TSV3 คือ ตัวอย่างกุ้งปกติและติดเชื้อ TSV จากแหล่งเลี้ยงทะเลสาบสงขลา ค่าเฉลี่ยในภาพที่มีตัวอักษรเหมือนกันกำกับ ไม่มีความแตกต่างทางสถิติที่ระดับความเชื่อมั่น 95% ( $P > 0.05$ )

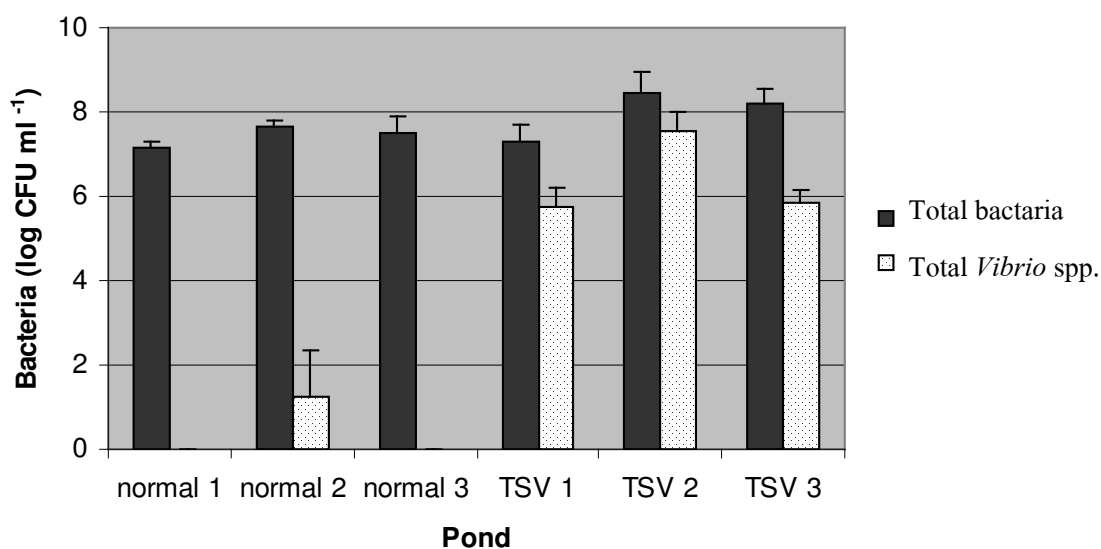
### 3.1.2 การตรวจสอบปริมาณแบคทีเรียรวมและแบคทีเรียในกลุ่ม *Vibrio* spp. ในทางเดินอาหารกุ้งขาวปกติและติดเชื้อไวรัสในบ่อดินโดยเทคนิคการเพาะเลี้ยงบนอาหารเลี้ยงเชื้อจุลินทรีย์

จากการตรวจสอบตัวอย่างกุ้งปกติและติดเชื้อไวรัสทอราจาก 3 แหล่งเลี้ยงที่สำคัญในภาคใต้ของประเทศไทย โดยการการสุมตัวอย่างกุ้งปกติและติดเชื้อไวรัสทอราอย่างละ 1 บ่อจากแต่ละแหล่งเลี้ยง ทำการวิเคราะห์ปริมาณแบคทีเรียด้วยวิธีการเพาะเลี้ยงแบคทีเรียบนอาหารเลี้ยงเชื้อจุลินทรีย์ 2 ชนิด คืออาหาร TSA ที่มีการเติมเกลือ 1.5% และอาหาร TCBS ที่ใช้ในการตรวจสอบปริมาณแบคทีเรียรวมและปริมาณแบคทีเรียในกลุ่ม *Vibrio* spp. ตามลำดับ โดยทำการตรวจสอบในทางเดินอาหาร 3 ส่วนได้แก่ ตับและตับอ่อน ลำไส้ส่วนต้น และลำไส้ส่วนปลาย แต่เนื่องจากข้อมูลที่ได้มีการกระจายตัวในช่วงกว้าง ดังนั้นจึงทำการปรับฐานข้อมูลของจำนวนแบคทีเรียที่ได้จากการเพาะเลี้ยงแบคทีเรียบนอาหารเลี้ยงเชื้อเป็นข้อมูลในรูป  $\log_{10}$  และไม่นำข้อมูลดังกล่าวไปวิเคราะห์ทางสถิติ ซึ่งข้อมูลที่ได้แสดงให้เห็นว่าปริมาณแบคทีเรียรวมในทางเดินอาหารทุกส่วนที่ทำการศึกษาของกุ้งปกติและติดเชื้อไวรัสมีการเปลี่ยนแปลงไม่มากนักแต่อย่างไรก็ตามปริมาณแบคทีเรียรวมก็มีแนวโน้มเพิ่มสูงขึ้นจากการติดเชื้อไวรัสทอรา ในขณะที่แบคทีเรียในกลุ่ม *Vibrio* spp. มีปริมาณเพิ่มขึ้นอย่างชัดเจนเมื่อกุ้งติดเชื้อไวรัสในทุกส่วนของทางเดินอาหารที่ทำการศึกษา โดยเฉพาะอย่างยิ่งในตับและตับอ่อน ซึ่งเป็นอวัยวะสำคัญในการชีวิตสุขภาพกุ้ง

#### 3.1.2.1 การตรวจสอบปริมาณแบคทีเรียรวมและปริมาณแบคทีเรียในกลุ่ม *Vibrio* spp. ในตับและตับอ่อนของกุ้งขาวปกติและติดเชื้อไวรัสทอรา

ข้อมูลปริมาณแบคทีเรียรวมมีการกระจายในช่วงกว้างและไม่สามารถแบ่งกลุ่มแบคทีเรียรวมในตับและตับอ่อนของกุ้งปกติและติดเชื้อไวรัสออกจากกันได้ชัดเจน โดยแบคทีเรียรวมในตับและตับอ่อนของกุ้งปกติและติดเชื้อไวรัสมีปริมาณระหว่าง 7.14-8.45  $\log\text{CFU ml}^{-1}$  แต่อย่างไรก็ตามปริมาณแบคทีเรียรวมในตับและตับอ่อนก็มีแนวโน้มสูงขึ้นจากการติดเชื้อไวรัสทอรา นอกจากนี้ผลการทดลองยังแสดงให้เห็นว่า ปริมาณแบคทีเรียในกลุ่ม *Vibrio* spp. จะมีปริมาณสูงชันอย่างชัดเจนในกุ้งขาวที่ติดเชื้อไวรัสจากทุกแหล่งเลี้ยง โดยกุ้งปกติจะพบแบคทีเรียกลุ่ม *Vibrio* spp. ในตับและตับอ่อนเฉลี่ยระหว่าง 0-1.26  $\log\text{CFU ml}^{-1}$  ในขณะที่กุ้งติดเชื้อไวรัสพบแบคทีเรียกลุ่ม *Vibrio* spp. ในตับและตับอ่อนเฉลี่ยระหว่าง 5.73-7.53  $\log\text{CFU ml}^{-1}$  ดังแสดงในภาพที่ 15 ซึ่งจากข้อมูลที่ได้แสดงให้เห็นว่าสัดส่วนประชากรในตับและตับอ่อนของกุ้งขาวที่ติดเชื้อไวรัส น่าจะมีการเปลี่ยนแปลงเมื่อเทียบกับกุ้งปกติ เนื่องจากปริมาณแบคทีเรียกลุ่ม

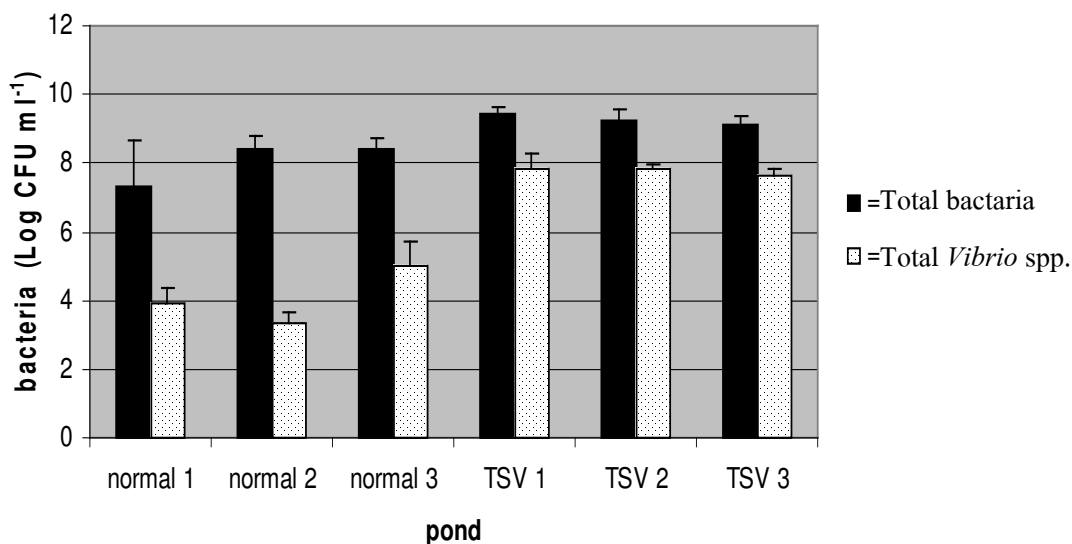
*Vibrio* spp. มีการเพิ่มขึ้นอย่างชัดเจน ในขณะที่ปริมาณแบคทีเรียรวมของกึ่งติดเชื้อไวรัสมีการเพิ่มสูงขึ้นไม่มากนักเมื่อทำการเปรียบเทียบกับกึ่งปกติ



ภาพที่ 15 ปริมาณแบคทีเรียรวมและแบคทีเรียกลุ่ม *Vibrio* spp. ในต้นและต้นอ่อนของกึ่งขาวปกติและติดเชื้อไวรัสในบ่อดินโดย Normal 1 และ TSV 1 คือ ตัวอย่างกึ่งปกติและติดเชื้อ TSV จากแหล่งเลี้ยงฝั่งตะวันตก, Normal 2 และ TSV 2 คือ ตัวอย่างกึ่งปกติและติดเชื้อ TSV จากแหล่งเลี้ยงฝั่งตะวันออก, Normal 3 และ TSV 3 คือ ตัวอย่างกึ่งปกติและติดเชื้อ TSV จากแหล่งเลี้ยงทะเลสาบสงขลา

### 3.1.2.2 การตรวจสอบปริมาณแบคทีเรียรวมและปริมาณแบคทีเรียในกลุ่ม *Vibrio* spp. ในลำไส้ส่วนต้นของกึ่งขาวปกติและติดเชื้อไวรัสทอรา

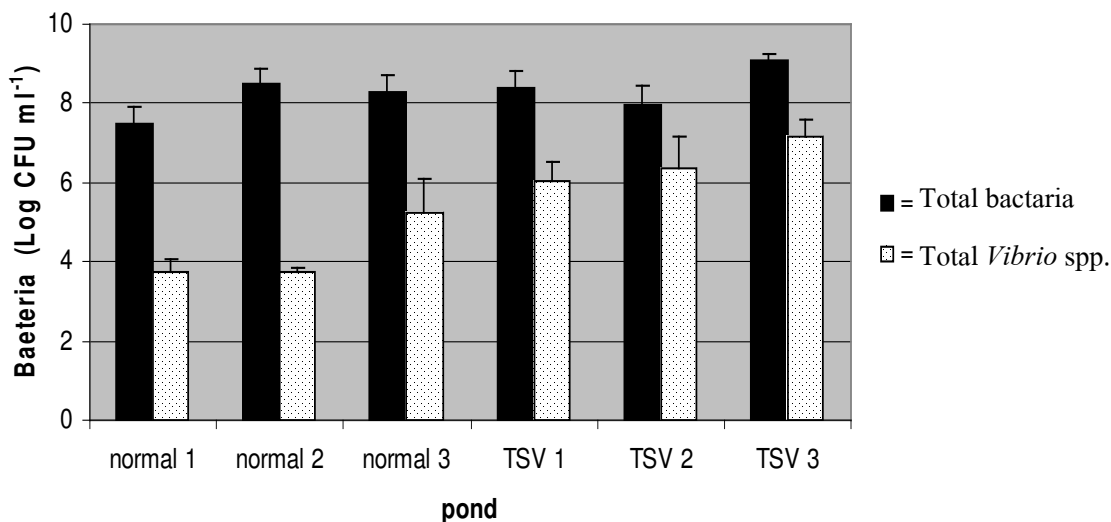
จากการตรวจสอบปริมาณแบคทีเรียรวมในลำไส้ส่วนต้นของกึ่งปกติและติดเชื้อไวรัสพบว่าปริมาณแบคทีเรียรวมมีการกระจายตัวในช่วงกว้าง โดยแบคทีเรียรวมในลำไส้ของกึ่งปกติทั้ง 3 แหล่งมีปริมาณระหว่าง 7.33-8.41 logCFU ml<sup>-1</sup> และแบคทีเรียรวมในลำไส้ของกึ่งที่ติดเชื้อไวรัสมีปริมาณระหว่าง 9.14-9.44 logCFU ml<sup>-1</sup> แต่อย่างไรก็ตามปริมาณของแบคทีเรียรวมในลำไส้ส่วนต้นของกึ่งที่ติดเชื้อไวรัสทอราคี่มีแนวโน้มที่สูงขึ้นจากกึ่งปกติ ในขณะที่แบคทีเรียกลุ่ม *Vibrio* spp. ในลำไส้ส่วนต้นของกึ่งติดเชื้อไวรัสจากทั้ง 3 แหล่งมีปริมาณสูงกว่ากึ่งปกติอย่างชัดเจน โดยมีปริมาณระหว่าง 7.65-7.86 logCFU ml<sup>-1</sup> ในขณะที่กึ่งปกติพบในปริมาณระหว่าง 3.35-4.99 logCFU ml<sup>-1</sup> ดังแสดงในภาพที่ 16



ภาพที่ 16 ปริมาณแบคทีเรียรวมและแบคทีเรียกลุ่ม *Vibrio* spp. ในลำไส้ส่วนต้นของกุ้งขาว ปกติและติดเชื้อไวรัสในบ่อดินโดย Normal 1 และ TSV 1 คือ ตัวอย่างกุ้งปกติและติดเชื้อ TSV จากแหล่งเลี้ยงฝั่งตะวันตก, Normal 2 และ TSV 2 คือ ตัวอย่างกุ้งปกติและติดเชื้อ TSV จากแหล่งเลี้ยงฝั่งตะวันออก, Normal 3 และ TSV 3 คือ ตัวอย่างกุ้งปกติและติดเชื้อ TSV จากแหล่งเลี้ยงทะเลสาบสงขลา

### 3.1.2.3 การตรวจสอบปริมาณแบคทีเรียรวมและปริมาณแบคทีเรียในกลุ่ม *Vibrio* spp. ในลำไส้ส่วนปลายของกุ้งขาวปกติและติดเชื้อไวรัสทอรา

ปริมาณแบคทีเรียรวมในลำไส้ส่วนปลายของกุ้งปกติและติดเชื้อไวรัสมีปริมาณไม่แตกต่างกันมากนัก จากการศึกษาพบว่าลำไส้ส่วนปลายมีปริมาณแบคทีเรียรวมเฉลี่ยของทั้งกุ้งปกติอยู่ระหว่าง 7.51-8.49 logCFU ml<sup>-1</sup> และติดเชื้อไวรัสทอรา มีปริมาณแบคทีเรียรวมอยู่ระหว่าง 7.96 - 9.11 logCFU ml<sup>-1</sup> ในขณะที่ปริมาณแบคทีเรียกลุ่ม *Vibrio* spp. ในลำไส้ส่วนปลายของกุ้งปกติและติดเชื้อไวรัสมีการกระจายตัวในช่วงที่กว้าง โดยกุ้งปกติจะมีปริมาณแบคทีเรียกลุ่ม *Vibrio* spp. น้อยกว่ากุ้งที่ติดเชื้อไวรัส ยกเว้นกุ้งปกติจากแหล่งเลี้ยงทะเลสาบสงขลาจะมีปริมาณใกล้เคียงกับกุ้งติดเชื้อไวรัส โดยกุ้งปกติพบแบคทีเรียกลุ่ม *Vibrio* spp. ในปริมาณระหว่าง 3.74-5.26 logCFU ml<sup>-1</sup> ในขณะที่กุ้งติดเชื้อไวรัสทอราพบ *Vibrio* spp. ในปริมาณระหว่าง 6.06-7.17 logCFU ml<sup>-1</sup> นอกจากนี้ข้อมูลที่พบยังแสดงให้เห็นว่าปริมาณแบคทีเรียกลุ่ม *Vibrio* spp. ของกุ้งที่ติดเชื้อไวรัสจากทุกแหล่งเลี้ยงมีปริมาณไม่แตกต่างแตกต่างกันมากนัก ดังแสดงในภาพที่ 17

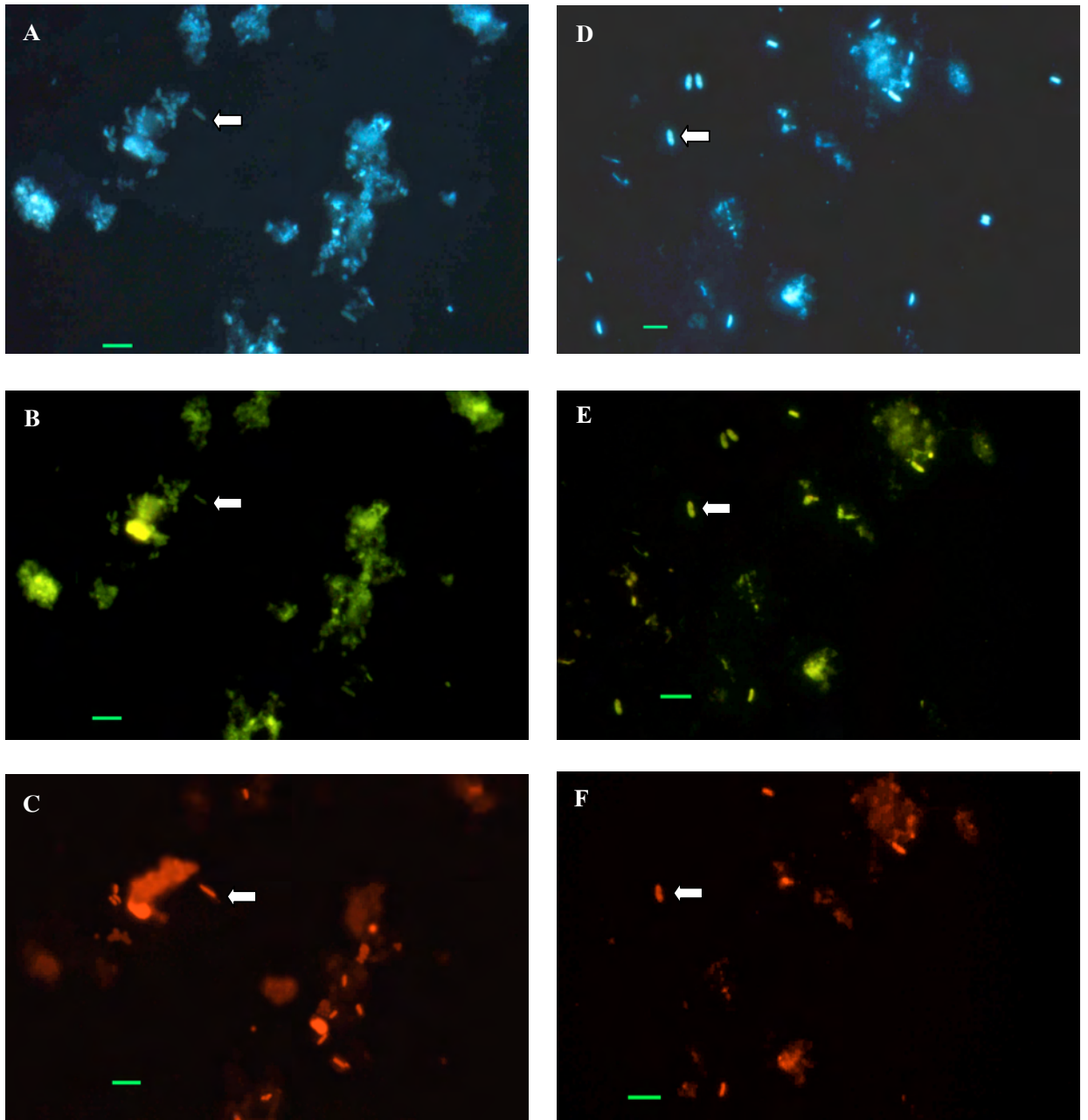


ภาพที่ 17 ปริมาณแบคทีเรียรวมและแบคทีเรียกลุ่ม *Vibrio* spp. ในลำไส้ส่วนปลายของกุ้งขาว ปกติและติดเชื้อไวรัสในบ่อคินโดย Normal 1 และ TSV 1 คือ ตัวอย่างกุ้งปกติและติดเชื้อ TSV จากแหล่งเลี้ยงฝั่งตะวันตก, Normal 2 และ TSV 2 คือ ตัวอย่างกุ้งปกติและติดเชื้อ TSV จากแหล่งเลี้ยงฝั่งตะวันออก, Normal 3 และ TSV 3 คือ ตัวอย่างกุ้งปกติและติดเชื้อ TSV จากแหล่งเลี้ยงทะเลสาบสงขลา



### 3.1.3 การตรวจสอบโครงสร้างชุมชนแบคทีเรียในทางเดินอาหารกุ้งขาวปกติและติดเชื้อไวรัสในปอดด้วยเทคนิค FISH

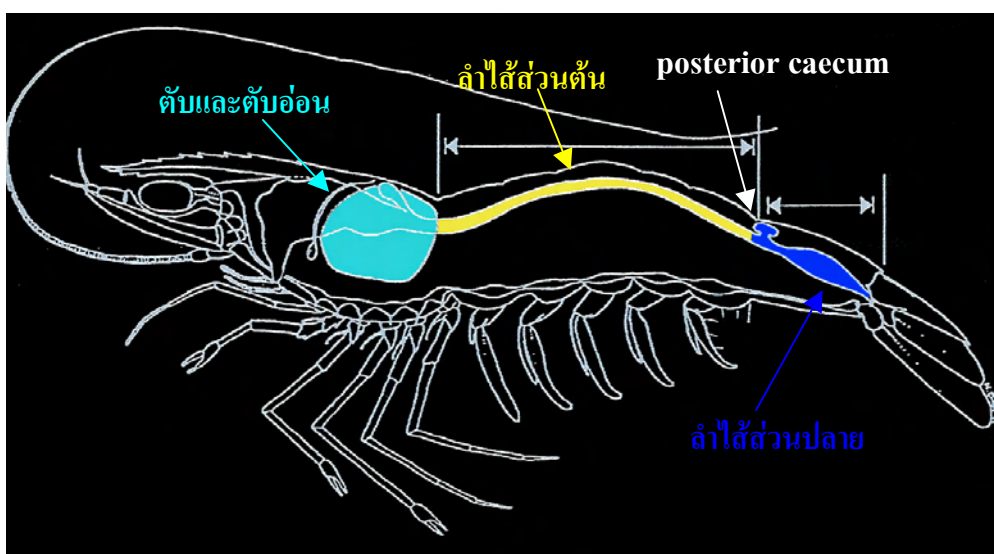
ในการวิจัยครั้งนี้จะทำการตรวจสอบโครงสร้างชุมชนแบคทีเรียในทางเดินอาหารทั้ง 3 ส่วนของกุ้งขาวปกติและติดเชื้อไวรัสทอราในปอดด้วยเทคนิค FISH ซึ่งผลจากการทดลองแสดงให้เห็นว่าทางเดินอาหารแต่ละส่วนของกุ้งขาวที่มีสุขภาพปกติมีส่วนของกลุ่มแบคทีเรียและกลุ่มของแบคทีเรียเด่นที่แตกต่างกัน นอกจากนี้ยังพบการเปลี่ยนแปลงของโครงสร้างชุมชนแบคทีเรียในทางเดินอาหารทั้ง 3 ส่วนของกุ้งขาวเมื่อมีการติดเชื้อไวรัสทอรา จากการใช้โพรบ 2 ชนิด ซึ่งประกอบด้วยโพรบ EUB338 mixed ที่สามารถตรวจสอบแบคทีเรียทั้งหมด (*Eubacteria*) และโพรบที่จำเพาะต่อกลุ่มแบคทีเรียที่ต้องการศึกษาทำการ hybridization พร้อมกันในตัวอย่างที่ทำการศึกษาร่วมกับการย้อมเซลล์ด้วยสารย้อมเรืองแสง DAPI สามารถที่จะแสดงให้เห็นถึงสัดส่วนของกลุ่มแบคทีเรียที่ต้องการศึกษาในทางเดินอาหารของกุ้งได้จากการที่เซลล์แบคทีเรียมีการเรืองแสงที่แตกต่างกัน โดยเซลล์สิ่งมีชีวิตทุกเซลล์จะสามารถติดสีเรืองแสงของ DAPI ได้ซึ่งจะมีการเรืองแสงสีน้ำเงิน ในขณะที่โพรบ EUB338 mixed ซึ่งเป็นโพรบที่ใช้ในการติดตามแบคทีเรียในกลุ่ม *Eubacteria* ซึ่งในการทดลองครั้งนี้ใช้โพรบ EUB338 mixed ที่ติดฉลากสารเรืองแสง 2 ชนิด ได้แก่ Fluorescein ซึ่งแสดงการเรืองแสงสีเขียวและ Rhodamine ซึ่งแสดงการเรืองแสงสีแดง โดยจะทำการเลือกใช้สีที่มีความแตกต่างจากโพรบจำเพาะที่ใช้ในการตรวจสอบกลุ่มแบคทีเรียที่ต้องการ จากข้อมูลทั้งหมดแสดงให้เห็นถึงโครงสร้างประชากรแบคทีเรียในส่วนต่างๆของทางเดินอาหารที่ศึกษา ซึ่งตัวอย่างลักษณะการเรืองแสงของกลุ่มแบคทีเรียแสดงภาพที่ 18



**ภาพที่ 18** ภาพการเรืองแสงของกลุ่มจุลินทรีย์ที่ตรวจสอบด้วยเทคนิค FISH ที่ถ่ายในพื้นที่เดียวกัน A-C คือภาพของกลุ่มแบคทีเรียในเนื้อเยื่อตับและตับอ่อนของกิ้งชวาปกติและ D-F คือภาพของเนื้อเยื่อดำไส้ส่วนปลายของกิ้งชวาปกติ โดยภาพ A และ D ข้อมด้วยสีย้อมเรืองแสง DAPI ภาพ B และ E ตรวจสอบด้วยโพรบ EUB338 mixed ซึ่งจำเพาะต่อแบคทีเรียทั้งหมด และภาพ C และ F ตรวจสอบด้วยโพรบ LGC mixed ซึ่งจำเพาะต่อแบคทีเรียกลุ่ม LGC Bar, 5 µm.

### 3.1.3.1 การตรวจสอบโครงสร้างชุมชนแบคทีเรียในทางเดินอาหารกึ่งขาพกติด้วย ปกติที่เลี้ยงในป๋อดินด้วยเทคนิค FISH

ทำการตรวจสอบโครงสร้างชุมชนแบคทีเรียในทางเดินอาหารของกึ่งขาพกติด้วยเทคนิค FISH โดยแบ่งทางเดินอาหารที่ทำการศึกษออกเป็น 3 ส่วน ได้แก่ ดับและดับอ่อน ลำไส้ส่วนต้น ลำไส้ส่วนปลาย โดยเริ่มจาก posterior caecum จนถึง anus ดังแสดงในภาพที่ 19 ซึ่งทำการเก็บตัวอย่างจาก 3 แหล่งเลี้ยงของภาคใต้ตอนล่าง เพื่อศึกษาถึงโครงสร้างชุมชนแบคทีเรียของทางเดินอาหารที่ทำการศึกษาจากสภาวะปกติของกึ่งขาพกติในสภาพการเลี้ยงจริงในป๋อดินรวมถึงผลของสภาพพื้นที่การเลี้ยงต่อโครงสร้างชุมชนแบคทีเรีย

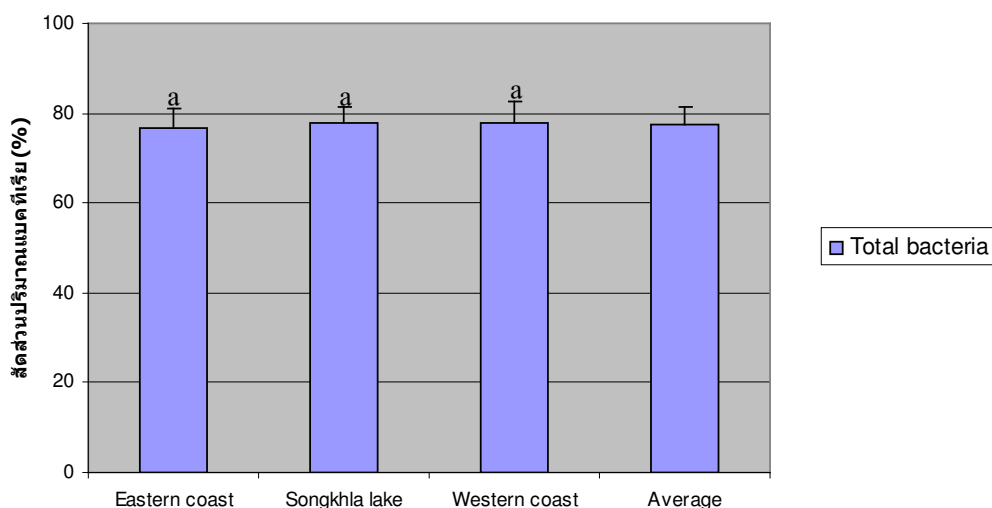


ภาพที่ 19 แสดงส่วนของทางเดินอาหารกึ่งขาพกติที่ทำการศึกษา

#### 3.1.3.1.1 โครงสร้างชุมชนแบคทีเรียในดับและดับอ่อนของกึ่งขาพกติ

จากการตรวจสอบชุมชนแบคทีเรียในดับและดับอ่อนของกึ่งขาพกติที่เลี้ยงในป๋อดินด้วยเทคนิค FISH จากตัวอย่างกึ่งขาพกติทั้ง 3 แหล่งพบว่า มีปริมาณของ *Eubacteria* ในระหว่าง 76.77-78.00% ของปริมาณเซลล์ทั้งหมดที่ได้จากการตรวจสอบด้วยสีย้อมเรืองแสง DAPI (ภาพที่ 20) ซึ่งการตรวจสอบโครงสร้างประชากรแบคทีเรียจากทั้ง 3 แหล่งการเลี้ยงแสดงให้เห็นถึงลักษณะของโครงสร้างประชากรที่ใกล้เคียงกันในทุกแหล่งเลี้ยง โดยตัวอย่างกึ่งขาพกติจากแหล่งเลี้ยงฝั่ง

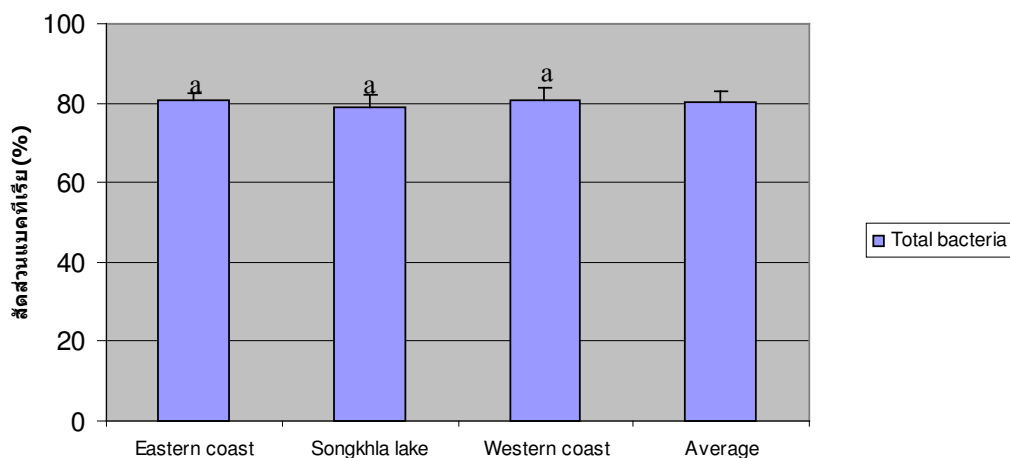
ตะวันออกและแหล่งเลี้ยงที่ใช้น้ำจากทะเลสาบสงขลามิแบคทีเรียกลุ่ม  $\beta$ -proteobacteria และ  $\gamma$ -proteobacteria เป็นแบคทีเรียกลุ่มหลัก โดยกึ่งจากแหล่งเลี้ยงตะวันออกพบ  $29.88 \pm 5.84\%$  และ  $26.36 \pm 5.56\%$  ตามลำดับและกึ่งจากแหล่งเลี้ยงที่ใช้น้ำจากทะเลสาบสงขลาพบ  $27.96 \pm 4.09\%$  และ  $29.77 \pm 10.81\%$  ตามลำดับ แต่อย่างไรก็ตามกลุ่ม  $\gamma$ -proteobacteria หรือ  $\beta$ -proteobacteria ก็มีปริมาณไม่แตกต่างทางสถิติ ( $P < 0.05$ ) กับแบคทีเรียกลุ่ม LGC ขณะที่ตัวอย่างกึ่งจากแหล่งเลี้ยงฝั่งตะวันตกมีแบคทีเรียกลุ่ม  $\beta$ -proteobacteria,  $\gamma$ -proteobacteria, และ LGC เป็นแบคทีเรียกลุ่มหลักในสัดส่วน  $28.74 \pm 6.23\%$ ,  $22.40 \pm 0.91\%$  และ  $26.11 \pm 2.10\%$  ตามลำดับ (ตารางภาคผนวก ข. ที่ 1) เมื่อทำการวิเคราะห์สัดส่วนย่อยของแบคทีเรียกลุ่ม  $\gamma$ -proteobacteria พบว่ากึ่งตัวอย่างจากทุกแหล่งเลี้ยงมีส่วนส่วนของแบคทีเรียกลุ่ม *Vibrio* spp. ในดับและดับอ่อนระหว่าง  $0.39$ - $1.09\%$  ของ  $\gamma$ -proteobacteria ทั้งหมดและมีสัดส่วนของ Other bacteria groups ที่เป็นสมาชิกในกลุ่ม  $\gamma$ -proteobacteria เป็นแบคทีเรียกลุ่มหลัก โดยมีสัดส่วนระหว่าง  $80.00$  -  $88.45\%$  (ตารางภาคผนวก ข. ที่ 2) ขณะที่สัดส่วนย่อยของแบคทีเรียกลุ่ม LGC พบว่ามีสัดส่วนของแบคทีเรียกลุ่ม *Bacillus* spp. เป็นแบคทีเรียกลุ่มหลักซึ่งมีส่วนประมาณ  $41.97$  -  $47.47\%$  ของปริมาณแบคทีเรียกลุ่ม LGC ทั้งหมดเช่นเดียวกันในทุกแหล่งเลี้ยง (ตารางภาคผนวก ข. ที่ 3)



ภาพที่ 20 แสดงเปอร์เซ็นต์สัดส่วนแบคทีเรียทั้งหมดในดับและดับอ่อนของกุ้งขาวปกติเมื่อตรวจสอบด้วยโพรบ EUB338 mixed ในการทำ FISH เทียบกับการใช้สีย้อม DAPI โดยแท่งกราฟที่มีตัวอักษรเหมือนกันกำกับ ไม่มีความแตกต่างทางสถิติที่ระดับ

### 3.1.3.1.2 โครงสร้างชุมชนแบคทีเรียในลำไส้ส่วนต้นของกุ้งขาวปกติ

การตรวจสอบชุมชนแบคทีเรียในลำไส้ส่วนต้นจากกุ้งขาวสุขภาพปกติที่เลี้ยงในบ่อดินทั้ง 3 แหล่งพบว่า มีปริมาณของ *Eubacteria* ในระหว่าง 78.78–80.81 % ของปริมาณเซลล์ทั้งหมดที่ได้จากการตรวจสอบด้วยสีย้อมเรืองแสง DAPI (ภาพที่ 21) ซึ่งแสดงให้เห็นว่าชุมชน จุลินทรีย์ในลำไส้ส่วนต้นประกอบด้วยแบคทีเรียเป็นส่วนใหญ่ ซึ่งจากการตรวจสอบ โครงสร้างชุมชนแบคทีเรียในลำไส้กุ้งขาวส่วนต้นจากทั้ง 3 แหล่งด้วยเทคนิค FISH พบว่า ลักษณะของโครงสร้างชุมชนแบคทีเรียมีความใกล้เคียงกัน โดยมีแบคทีเรียกลุ่ม LGC เป็นแบคทีเรียกลุ่มหลักเหมือนกันในทุกแหล่งเลี้ยง โดยกุ้งจากแหล่งเลี้ยงฝั่งตะวันออกพบ  $34.77 \pm 1.34\%$  กุ้งจากแหล่งที่ใช้น้ำจากทะเลสาบสงขลาพบ  $34.50 \pm 3.56\%$  กุ้งจากแหล่งเลี้ยงฝั่งตะวันตกพบ  $39.93 \pm 2.69\%$  แต่ชุมชนแบคทีเรียในลำไส้ส่วนต้นของกุ้งจากแหล่งเลี้ยงที่ใช้น้ำจากทะเลสาบสงขลานอกจากจะมีแบคทีเรียกลุ่ม LGC เป็นแบคทีเรียกลุ่มหลักแล้วยังพบว่ามีแบคทีเรียกลุ่ม  $\gamma$ -proteobacteria ในสัดส่วนที่ไม่แตกต่างที่สถิติ ( $P < 0.05$ ) กับแบคทีเรียในกลุ่ม LGC ในขณะที่ลำไส้ส่วนต้นของกุ้งจากแหล่งอื่นพบว่า  $\gamma$ -proteobacteria group เป็นแบคทีเรียในกลุ่มรอง นอกจากนี้ยังพบแบคทีเรียกลุ่ม CFB, HGC,  $\alpha$ -Proteobacteria,  $\beta$ -Proteobacteria, และ Other bacteria ในสัดส่วนที่ใกล้เคียงกันในทุกแหล่งเลี้ยง โดยพบสัดส่วนระหว่าง 4.80–5.53%, 2.19–4.40%, 2.92–3.19%, 7.14–7.55% และ 17.98–9.74% ตามลำดับ (ตารางภาคผนวก ข ที่ 4) เมื่อทำการวิเคราะห์สัดส่วนย่อยของแบคทีเรียกลุ่ม  $\gamma$ -proteobacteria พบว่ากุ้งตัวอย่างจากทุกแหล่งเลี้ยงมีแบคทีเรียกลุ่ม *Vibrio* spp. และแบคทีเรียกลุ่ม Other bacteria เป็นแบคทีเรียกลุ่มหลัก ในสัดส่วนที่ไม่แตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ ( $P < 0.05$ ) โดยมีสัดส่วนเฉลี่ยของแบคทีเรียกลุ่ม *Vibrio* spp. และ Other bacteria ระหว่าง 47.08–49.15% และ 46.53–50.03% ตามลำดับ (ตารางภาคผนวก ข ที่ 5) ขณะที่สัดส่วนย่อยของแบคทีเรียกลุ่ม LGC พบว่ามีสัดส่วนของแบคทีเรียกลุ่ม *Bacillus* spp. เป็นแบคทีเรียกลุ่มหลักเหมือนกันในทุกแหล่งเลี้ยงเช่นเดียวกัน โดยกุ้งจากแหล่งเลี้ยงฝั่งตะวันออกพบ  $42.15 \pm 2.34\%$  กุ้งจากแหล่งที่ใช้น้ำจากทะเลสาบสงขลาพบ  $40.53 \pm 8.98\%$  กุ้งจากแหล่งเลี้ยงฝั่งตะวันตกพบ  $43.32 \pm 1.90\%$  ในขณะที่แบคทีเรียกลุ่ม *Lactobacillus* spp. เป็นแบคทีเรียกลุ่มรองเช่นเดียวกันในทุกแหล่งเลี้ยง ถึงแม้ว่าตัวอย่างกุ้งจากแหล่งเลี้ยงที่ใช้น้ำจากทะเลสาบจะพบว่ามีปริมาณของ Other bacteria groups ไม่แตกต่างอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ ( $P < 0.05$ ) กับแบคทีเรียกลุ่ม LGC ก็ตาม (ตารางภาคผนวก ข ที่ 6)

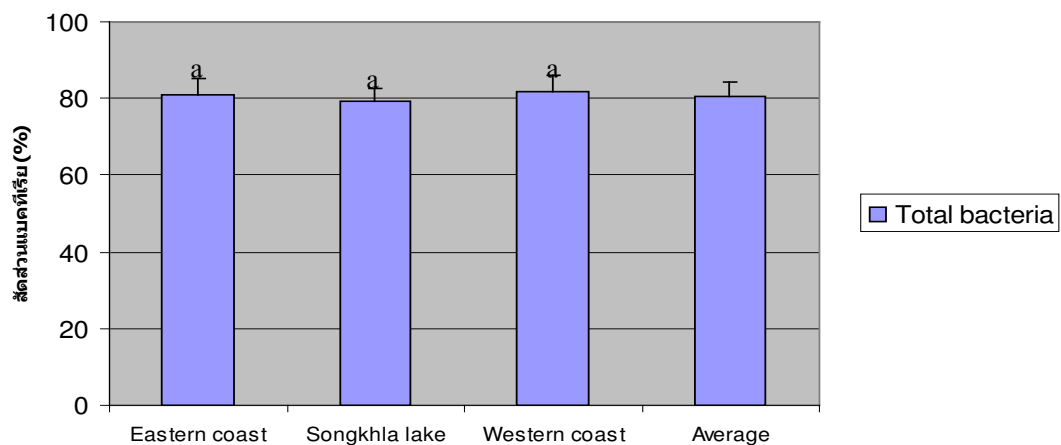


ภาพที่ 21 แสดงสัดส่วนแบคทีเรียทั้งหมดในลำไส้ส่วนต้นของกุ้งขาวปกติเมื่อตรวจสอบด้วย โพรบ EUB338 mixed ในการทำ FISH เทียบกับการใช้สีย้อม DAPI โดยแท่งกราฟ ที่มีตัวอักษรเหมือนกันกำกับ ไม่มีความแตกต่างทางสถิติที่ระดับความเชื่อมั่น 95% ( $P>0.05$ )

### 3.1.3.1.3 โครงสร้างชุมชนแบคทีเรียในลำไส้ส่วนปลายของกุ้งขาวปกติ

ชุมชนแบคทีเรียในลำไส้ส่วนปลายมีปริมาณของ *Eubacteria* ในระหว่าง 79.05 – 81.74 % ของปริมาณเซลล์ทั้งหมดที่ได้จากการตรวจสอบด้วยสีย้อมเรืองแสง DAPI (ภาพที่ 22) จากผลการศึกษานี้แสดงให้เห็นว่า โครงสร้างประชากรแบคทีเรียที่พบในลำไส้ส่วนปลายของกุ้งขาวปกติ จากทั้ง 3 แหล่งเลี้ยงมีโครงสร้างที่ไม่แตกต่างกันมากนัก โดยประกอบด้วย แบคทีเรียกลุ่มหลัก 3 กลุ่ม ได้แก่ LGC,  $\gamma$ -Proteobacteria, และ Other bacteria ซึ่งมีปริมาณรวมกันมากกว่า 80% ของปริมาณแบคทีเรียทั้งหมด โดยชุมชนแบคทีเรียในลำไส้ส่วนปลายของกุ้งขาวจากฟาร์มตะวันออกและแหล่งเลี้ยงที่ใช้น้ำจากทะเลสาบสงขลาจะมีแบคทีเรียทั้ง 3 กลุ่มเป็นกลุ่มเด่น โดยลำไส้ส่วนปลายของกุ้งขาวจากแหล่งเลี้ยงฟาร์มตะวันออก พบในสัดส่วน  $26.56\pm 2.83\%$ ,  $27.92\pm 1.33\%$ , และ  $29.18\pm 0.94\%$  ตามลำดับ ในขณะที่ลำไส้ส่วนปลายของกุ้งขาวจากแหล่งเลี้ยงที่ใช้น้ำจากทะเลสาบสงขลา พบในสัดส่วน  $28.84\pm 2.79\%$ ,  $26.65\pm 3.30\%$ , และ  $27.58\pm 1.36\%$  ตามลำดับ กุ้งจาก แหล่งเลี้ยง ฟาร์มตะวันตกพบแบคทีเรียกลุ่ม LGC เป็นกลุ่มเด่นในสัดส่วน  $35.53\pm 2.05\%$  ในขณะที่  $\gamma$ -Proteobacteria group, และ Other bacteria groups เป็นแบคทีเรียกลุ่มรองโดยพบใน สัดส่วน  $21.96\pm 1.58\%$  และ  $26.23\pm 3.74\%$  ตามลำดับ นอกจากนี้ยังพบแบคทีเรียกลุ่มอื่นๆในโครงสร้าง ประชากรแบคทีเรียของลำไส้ส่วนปลาย โดยพบแบคทีเรียกลุ่ม CFB ในสัดส่วนระหว่าง 7.11-

7.84%  $\beta$ -Proteobacteria ในสัดส่วนระหว่าง 4.46-4.76%  $\alpha$ -Proteobacteria ในสัดส่วนระหว่าง 3.15-3.43% และ HGC ในสัดส่วนระหว่าง 0.56-1.64% (ตารางภาคผนวก ข ที่ 7) เมื่อทำการวิเคราะห์สัดส่วนย่อยของแบคทีเรียในกลุ่มแบคทีเรียกลุ่ม  $\gamma$ -proteobacteria พบว่ากึ่งตัวอย่างจากทุกแหล่งเลี้ยงมีแบคทีเรียกลุ่ม *Vibrio* spp. เป็นแบคทีเรียกลุ่มหลักและมีปริมาณมากกว่า 60% ของปริมาณแบคทีเรียทั้งหมดในกลุ่ม  $\gamma$ -proteobacteria และพบ Other bacteria groups ที่เป็นสมาชิกในกลุ่ม  $\gamma$ -proteobacteria ระหว่าง 25.45-40.28% ของปริมาณแบคทีเรียทั้งหมดในกลุ่ม  $\gamma$ -proteobacteria (ตารางภาคผนวก ข ที่ 8) ขณะที่สัดส่วนย่อยของแบคทีเรียกลุ่ม LGC พบว่ามีสัดส่วนของแบคทีเรียกลุ่ม *Bacillus* spp. เป็นแบคทีเรียกลุ่มหลักเหมือนกันในทุกแหล่งเลี้ยง และมีสัดส่วนมากกว่า 50% ของปริมาณแบคทีเรียทั้งหมด (ตารางภาคผนวก ข ที่ 9)



ภาพที่ 22 แสดงเปอร์เซ็นต์สัดส่วนแบคทีเรียทั้งหมดในลำไส้ส่วนปลายของกุ้งขาวปกติเมื่อตรวจสอบด้วยโพรบ EUB338 mixed ในการทำ FISH เทียบกับการใช้สีย้อม DAPI โดยแท่งกราฟที่มีตัวอักษรเหมือนกันกำกับ ไม่มีความแตกต่างทางสถิติที่ระดับความเชื่อมั่น 95% ( $P > 0.05$ )

### 3.1.3.1.4 โครงสร้างชุมชนแบคทีเรียที่พบในทางเดินอาหารที่ทำการศึกษาของกุ้งขาวที่มีสุขภาพปกติในบ่อดิน

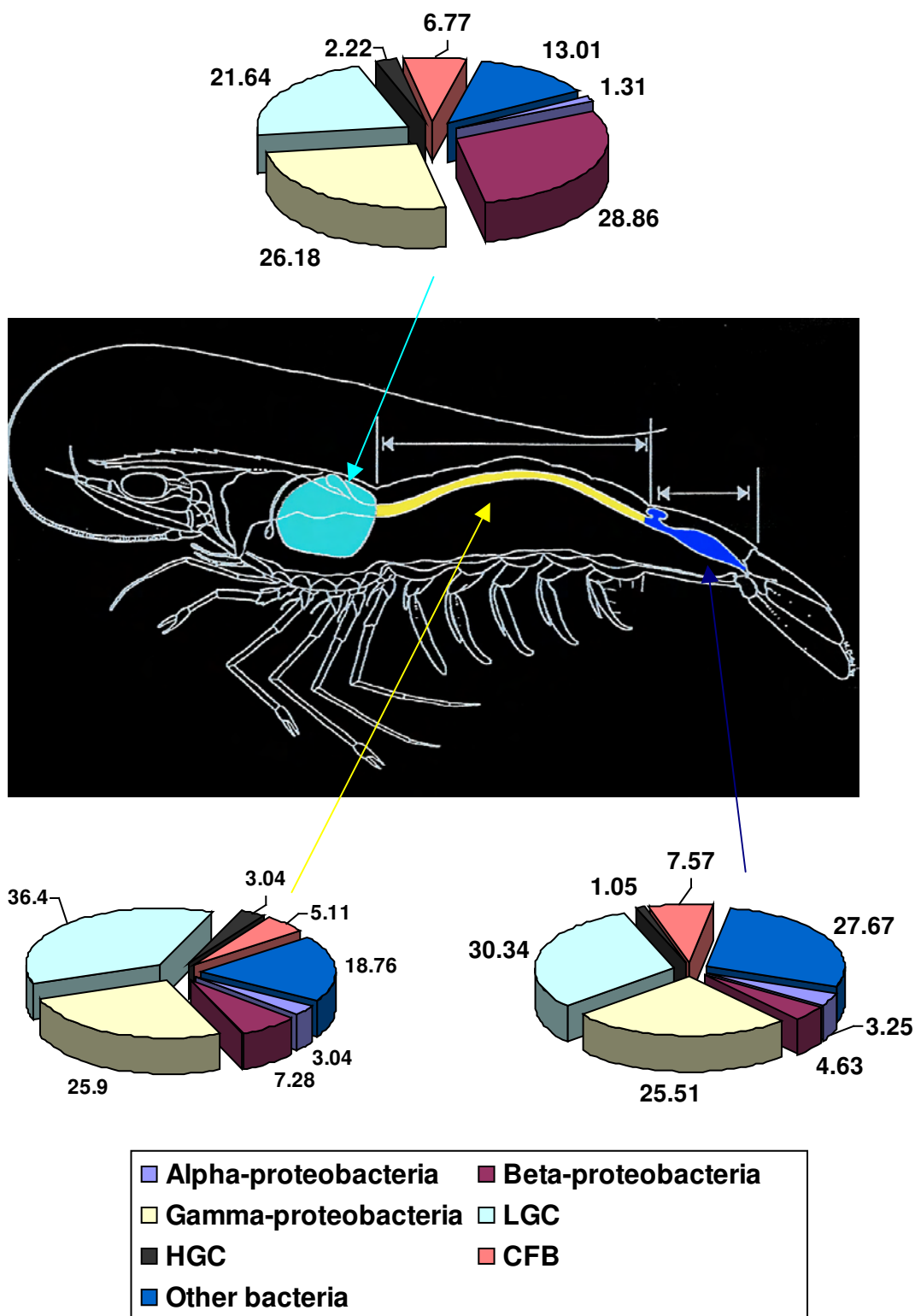
จากข้อมูลที่ได้จากการศึกษาพบว่า สัดส่วนของ *Eubacteria* ในทุกส่วนของทางเดินอาหารของกุ้งที่มีสุขภาพปกติเมื่อตรวจสอบด้วยโพรบ EUB338 mixed มีสัดส่วนระหว่าง 77.58–80.06% ของปริมาณเซลล์ทั้งหมดที่ได้จากการตรวจสอบด้วยสารย้อมเรืองแสง DAPI นอกจากนี้ยังพบว่าในทางเดินอาหารทุกส่วนที่ทำการศึกษาจากแต่ละพื้นที่การเลี้ยงมีสัดส่วนของ *Eubacteria* ไม่แตกต่างกันมากนัก

โครงสร้างประชากรแบคทีเรียในระดับและดับอ่อนของกุ้งขาวสุขภาพปกติจากทั้ง 3 แหล่งเลี้ยงที่การศึกษาพบว่า มีปริมาณแบคทีเรียในกลุ่ม *Eubacteria* คิดเป็น 77.58±3.68% ของปริมาณเซลล์ทั้งหมดที่ได้จากการตรวจสอบด้วยสีย้อมเรืองแสง DAPI โดยมี  $\beta$ -proteobacteria group และ  $\gamma$ -proteobacteria group เป็นแบคทีเรียกลุ่มหลัก ซึ่งมีสัดส่วนคิดเป็น 28.86±4.81% และ 26.18±6.88% ของ *Eubacteria* ตามลำดับ ซึ่งทั้งสองกลุ่มมีสัดส่วนที่ไม่แตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ ( $p>0.05$ ) นอกจากนี้ยังพบแบคทีเรียในกลุ่ม LGC เป็นแบคทีเรียในกลุ่มรอง โดยมีสัดส่วน 21.64±5.17% เมื่อเทียบกับปริมาณ *Eubacteria* ทั้งหมด นอกจากนี้ยังพบแบคทีเรียกลุ่มอื่น ๆ เช่น  $\alpha$ -Proteobacteria group, HGC group, และ CFB group ในสัดส่วน 1.31±0.90%, 2.22±0.66%, 6.77±1.35% ตามลำดับ โดยสัดส่วนของ HGC group และ  $\alpha$ -proteobacteria group ไม่มีความแตกต่างอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ ( $P<0.05$ ) ซึ่งจากการศึกษาในระดับและดับอ่อนโดยใช้โพรบที่จำเพาะต่อแบคทีเรียทั้ง 6 กลุ่มในการตรวจสอบด้วยเทคนิค FISH โดยการเปรียบเทียบกับโพรบ EUB338 mixed สามารถจำแนกแบคทีเรียได้ประมาณ 87% ของปริมาณเซลล์แบคทีเรียทั้งหมดที่ได้จากการตรวจสอบด้วยโพรบ EUB338 mixed โดยมี Other bacteria groups ในสัดส่วน 13.01±7.14 % (ตารางภาคผนวก ข ที่ 1) เมื่อทำการวิเคราะห์สัดส่วนย่อยของแบคทีเรียกลุ่ม  $\gamma$ -proteobacteria พบว่า Other bacteria groups ที่เป็นสมาชิกใน  $\gamma$ -proteobacteria group เป็นมีสัดส่วนสูงสุด 83.75±0.42% ในขณะที่ *Pseudomonas* spp. และกลุ่ม *Vibrio* spp. มีสัดส่วน 15.39±5.81% และ 0.86±1.42% ของ  $\gamma$ -proteobacteria ทั้งหมดที่ตรวจสอบได้จากโพรบ GAM42a ในการทำ FISH ตามลำดับ (ตารางภาคผนวก ข ที่ 2) และจากการวิเคราะห์สัดส่วนย่อยของแบคทีเรียกลุ่ม LGC พบว่าแบคทีเรียกลุ่ม *Bacillus* spp. เป็นแบคทีเรียกลุ่มเด่น โดยมีสัดส่วน 44.44±4.29% ของ LGC ทั้งหมดซึ่งสูงสุดอย่างมีนัยสำคัญ ( $P>0.05$ ) และแบคทีเรียในกลุ่ม *Lactobacillus* spp., *Enterococcus* spp., *Streptococcus* spp. ในปริมาณสัดส่วน 19.26±5.87%, 10.26±3.45%, และ 5.73±3.75% ตามลำดับและสัดส่วนของ *Enterococcus* spp. และ *Streptococcus* spp. ไม่มีความแตกต่างอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ ( $P<0.05$ ) (ตารางภาคผนวก ข ที่ 3)

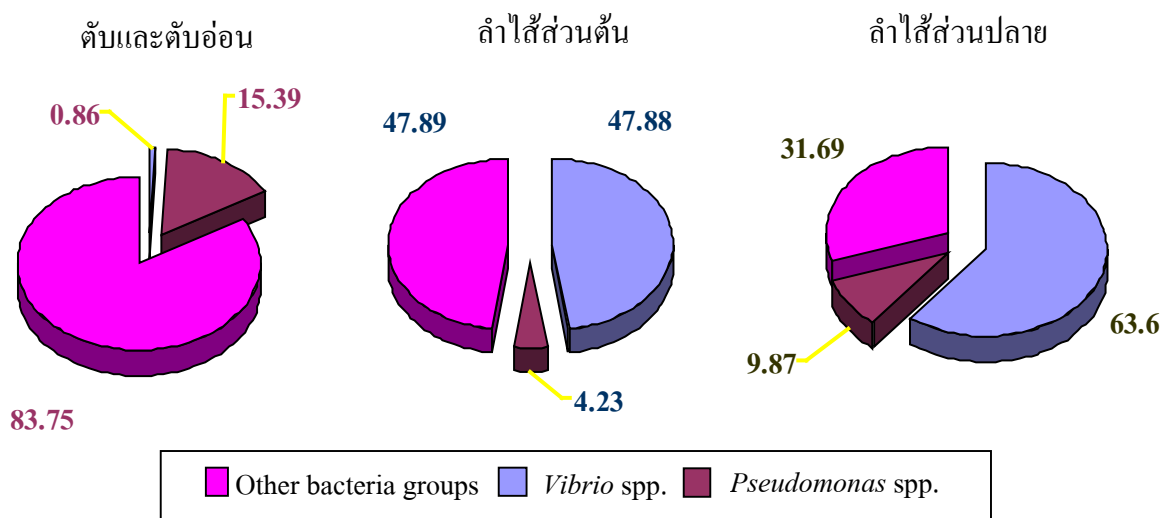


การศึกษาโครงสร้างชุมชนแบคทีเรียในลำไส้ส่วนต้นและส่วนปลาย แสดงให้เห็นว่าโครงสร้างประชากรของลำไส้ทั้ง 2 ส่วนมีลักษณะที่ใกล้เคียงกัน โดยมีแบคทีเรีย LGC group เป็นแบคทีเรียกลุ่มหลักและ  $\gamma$ -proteobacteria group เป็นแบคทีเรียกลุ่มรองเช่นเดียวกัน ถึงแม้ว่าในลำไส้ส่วนปลายจะพบ Other bacteria groups ในสัดส่วนที่ไม่แตกต่างอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ ( $P < 0.05$ ) กับแบคทีเรียกลุ่ม LGC และ  $\gamma$ -proteobacteria โดยในลำไส้ส่วนต้นพบ LGC group และ  $\gamma$ -proteobacteria group ในสัดส่วน  $36.40 \pm 3.53\%$  และ  $25.90 \pm 4.89\%$  โดยมี Other bacteria groups ในสัดส่วน  $18.76 \pm 6.90\%$  ในขณะที่ลำไส้ส่วนปลายพบ LGC group  $\gamma$ -proteobacteria group, และ Other bacteria groups ในสัดส่วน  $30.34 \pm 4.66\%$ ,  $25.51 \pm 3.34\%$ , และ  $27.66 \pm 2.41\%$  ตามลำดับ นอกจากนี้ยังพบแบคทีเรียกลุ่ม  $\alpha$ -Proteobacteria, HGC, และ CFB ในลำไส้ทั้ง 2 ส่วน โดยลำไส้ส่วนต้นพบ  $3.04 \pm 0.53\%$ ,  $3.04 \pm 1.87\%$ , และ  $5.11 \pm 0.63\%$  ตามลำดับและในลำไส้ส่วนปลายพบ  $3.25 \pm 0.70\%$ ,  $1.06 \pm 0.70\%$ , และ  $7.57 \pm 1.10\%$  ตามลำดับ เมื่อทำการตรวจสอบแบคทีเรียที่เป็นสมาชิกในกลุ่ม  $\gamma$ -proteobacteria ของลำไส้ทั้ง 2 ส่วนพบว่า มีแบคทีเรียในกลุ่ม *Vibrio* spp. ในสัดส่วนที่สูงถึง  $44.88 \pm 10.52\%$  และ  $63.60 \pm 7.01\%$  ของแบคทีเรียกลุ่ม  $\gamma$ -proteobacteria ทั้งหมดที่ตรวจสอบได้จากโพรบ GAM42a และมีแบคทีเรียในกลุ่ม *Pseudomonas* spp. ในสัดส่วน  $4.23 \pm 3.71\%$  และ  $9.87 \pm 5.61\%$  ของแบคทีเรียกลุ่ม  $\gamma$ -proteobacteria ทั้งหมด ในขณะที่มี Other bacteria groups ที่เป็นสมาชิกใน  $\gamma$ -proteobacteria group ในสัดส่วน  $47.89 \pm 12.03\%$  และ  $31.69 \pm 12.84\%$  ของแบคทีเรียกลุ่ม  $\gamma$ -proteobacteria ทั้งหมดขณะที่การตรวจสอบแบคทีเรียที่เป็นสมาชิกในกลุ่ม LGC พบว่า *Bacillus* spp. เป็นแบคทีเรียกลุ่มเด่นในลำไส้ทั้ง 2 ส่วนเช่นเดียวกัน โดยมีสัดส่วน  $42.00 \pm 4.89\%$  และ  $62.91 \pm 8.58\%$  เมื่อเปรียบเทียบกับแบคทีเรียกลุ่ม LGC ทั้งหมดที่ตรวจสอบได้จากโพรบ LGC mixed นอกจากนี้ยังพบ แบคทีเรียกลุ่ม *Lactobacillus* spp., *Streptococcus* spp., *Enterococcus* spp. ในชุมชนแบคทีเรียของลำไส้ทั้ง 2 ส่วนโดยลำไส้ส่วนต้นพบ  $22.61 \pm 3.57\%$ ,  $6.80 \pm 1.22\%$ , และ  $14.48 \pm 1.69\%$  ตามลำดับและในลำไส้ส่วนปลายพบ  $7.21 \pm 0.83\%$ ,  $10.83 \pm 3.10\%$ , และ  $2.98 \pm 2.02\%$  ตามลำดับ ในขณะที่ Other bacteria groups ที่เป็นสมาชิกในกลุ่ม LGC ในลำไส้ส่วนต้นและส่วนปลายมีสัดส่วน  $14.10 \pm 8.42\%$  และ  $16.08 \pm 10.27\%$  ตามลำดับ

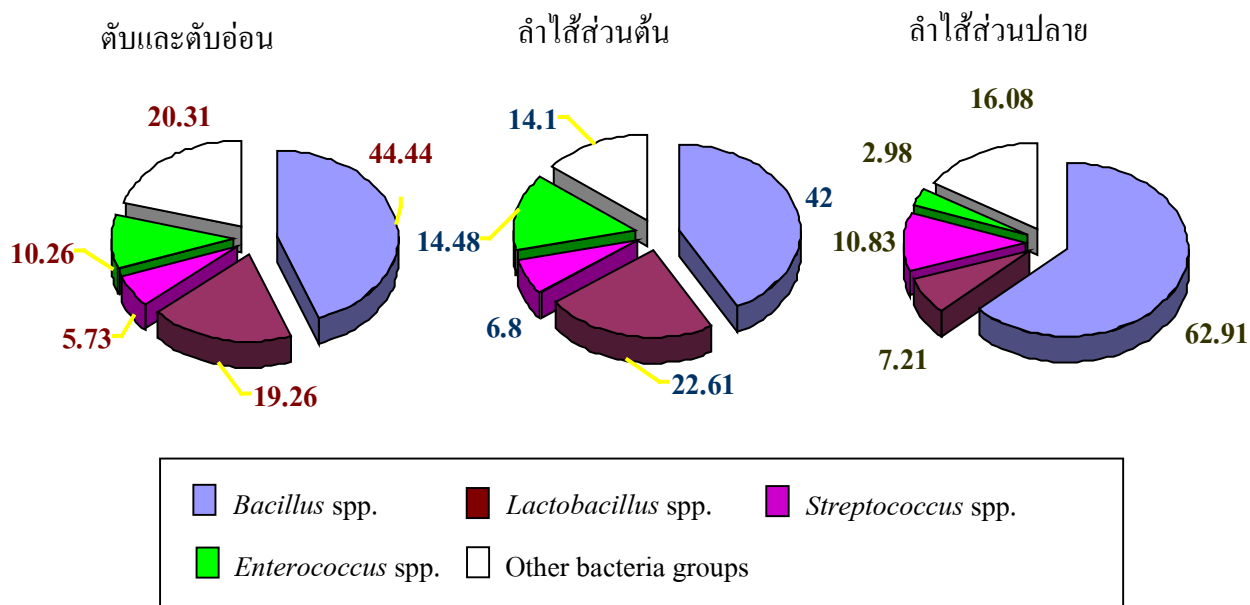
ซึ่งโครงสร้างชุมชนแบคทีเรียในแบคทีเรียกลุ่มหลักของทางเดินอาหารทั้ง 3 ส่วน รวมถึงสัดส่วนแบคทีเรียในกลุ่ม  $\gamma$ -proteobacteria และ LGC ที่ได้จากการศึกษาทางเดินอาหารของ กุ้งขาวที่มีสุขภาพปกติในบ่อดินแสดงในภาพที่ 23, 24, และ 25 ตามลำดับ



ภาพที่ 23 แสดงโครงสร้างชุมชนแบคทีเรียกลุ่มหลักของทางเดินอาหารทั้ง 3 ส่วน ได้แก่ ตับและตับอ่อน ลำไส้ส่วนต้นและลำไส้ส่วนปลายที่ได้จากการศึกษาในกุ้งขาวที่มีสุขภาพปกติในบ่อดิน



ภาพที่ 24 สัดส่วนแบคทีเรียในกลุ่ม  $\gamma$ -proteobacteria ของทางเดินอาหารทั้ง 3 ส่วนของกิ้งขาสุภาพปกติในบ่อคินที่ทำการวิเคราะห์ด้วยเทคนิค FISH โดยการเปรียบเทียบกับโพรบ GAM42a



ภาพที่ 25 สัดส่วนแบคทีเรียในกลุ่ม LGC ของทางเดินอาหารทั้ง 3 ส่วนของกิ้งขาสุภาพปกติในบ่อคินที่ทำการวิเคราะห์ด้วยเทคนิค FISH โดยการเปรียบเทียบกับโพรบ LGC mixed

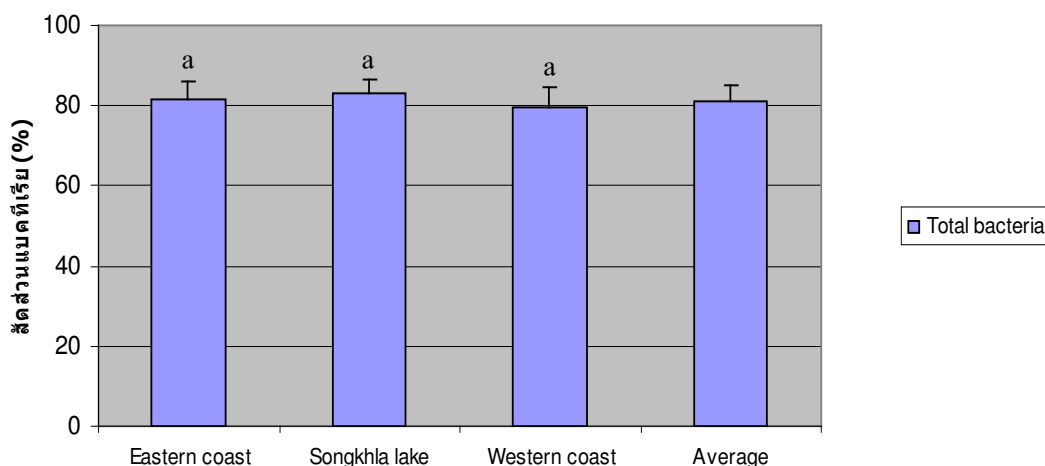
### 3.1.3.2 การตรวจสอบโครงสร้างชุมชนแบคทีเรียในทางเดินอาหารของกุ้งขาวที่ติดเชื้อไวรัสทอราในบ่อดินโดยเทคนิค FISH

ทำการตรวจสอบ โครงสร้างชุมชนแบคทีเรียในทางเดินอาหารของกุ้งขาวที่ติดเชื้อไวรัสทอราด้วยเทคนิค FISH โดยแบ่งทางเดินอาหารที่ทำการศึกษาออกเป็น 3 ส่วน เช่นเดียวกับการตรวจสอบโครงสร้างชุมชนแบคทีเรียในทางเดินอาหารของกุ้งปกติและทำการเก็บตัวอย่างจากพื้นที่ใกล้เคียงกับการศึกษาในกุ้งปกติ โดยทำการศึกษาการเปลี่ยนแปลงขององค์ประกอบเลือดและโครงสร้างประชากรแบคทีเรียในทางเดินอาหารของกุ้งขาวจากผลของไวรัสทอรา เพื่อศึกษาถึงโครงสร้างชุมชนแบคทีเรียของทางเดินอาหารที่ทำการศึกษาจากสภาวะติดเชื้อไวรัสของกุ้งขาวในสภาพการเลี้ยงจริงในบ่อดินรวมถึงผลของสภาพพื้นที่การเลี้ยงต่อ โครงสร้างชุมชนแบคทีเรีย

#### 3.1.3.2.1 โครงสร้างชุมชนแบคทีเรียในตับและตับอ่อนของกุ้งขาวที่ติดเชื้อไวรัสทอรา

จากการใช้เทคนิค FISH ตรวจสอบชุมชนแบคทีเรียในตับและตับอ่อนของกุ้งขาวที่ติดเชื้อไวรัสทอราในบ่อดิน โดยข้อมูลจากตัวอย่างกุ้งทั้ง 3 แหล่งพบว่าในตับและตับอ่อนของกุ้งขาวที่ติดเชื้อไวรัสมีปริมาณของ *Eubacteria* เฉลี่ยคิดเป็น  $80.88 \pm 3.80\%$  ของปริมาณเซลล์ทั้งหมดที่ได้จากการตรวจสอบด้วยสารย้อมเรืองแสง DAPI (ภาพที่ 26) ซึ่งการตรวจสอบโครงสร้างประชากรแบคทีเรียจากทั้ง 3 แหล่งเลี้ยงแสดงให้เห็นถึงลักษณะของโครงสร้างประชากรที่สอดคล้องกันในทุกแหล่งเลี้ยง โดยมีแบคทีเรียกลุ่ม  $\gamma$ -Proteobacteria เป็นแบคทีเรียที่มีสัดส่วนสูงสุดอย่างมีนัยสำคัญ ( $P < 0.05$ ) โดยกุ้งติดเชื้อไวรัสจากแหล่งเลี้ยงฝั่งตะวันออก แหล่งเลี้ยงที่ใช้น้ำจากทะเลสาบสงขลา และแหล่งเลี้ยงฝั่งตะวันตกมีสัดส่วนของแบคทีเรียกลุ่ม  $\gamma$ -Proteobacteria  $80.03 \pm 12.36\%$ ,  $79.24 \pm 6.06\%$ , และ  $61.02 \pm 9.30\%$  ของแบคทีเรียทั้งหมดตามลำดับ ในขณะที่แบคทีเรียกลุ่มอื่น ๆ มีสัดส่วนไม่เกิน 12% ของแบคทีเรียทั้งหมด โดยมีแบคทีเรียในกลุ่ม LGC และ Other bacteria เป็นแบคทีเรียที่มีสัดส่วนสูงซึ่งมีสัดส่วนเฉลี่ยระหว่าง 9.94-7.43% และ 4.49-11.2% ตามลำดับ (ตารางภาคผนวก ข ที่ 10) เมื่อทำการตรวจสอบแบคทีเรียในกลุ่ม  $\gamma$ -Proteobacteria พบว่าแบคทีเรียส่วนใหญ่เป็นแบคทีเรียกลุ่ม *Vibrio* spp. โดยมีสัดส่วนสูงถึง 85.58-86.79% สูงสุดอย่างมีนัยสำคัญ ( $P < 0.05$ ) เหมือนกันในทุกแหล่งเลี้ยง (ตารางภาคผนวก ข ที่ 11) นอกจากนี้ยังพบว่าสัดส่วนของแบคทีเรียกลุ่ม Other bacteria ที่เป็นสมาชิกในกลุ่ม  $\gamma$ -Proteobacteria มีเพียง 8.77-7.75% ของทั้งหมดเท่านั้น (ตารางภาคผนวก ข ที่ 11) ขณะที่การตรวจสอบแบคทีเรียที่เป็นสมาชิกในกลุ่ม LGC

พบว่า *Bacillus* spp. เป็นแบคทีเรียที่เรียกกลุ่มหลักเหมือนกันในทุกแหล่งเลี้ยง โดยมีสัดส่วนระหว่าง 39.92-52.34% (ตารางภาคผนวก ข ที่ 12)

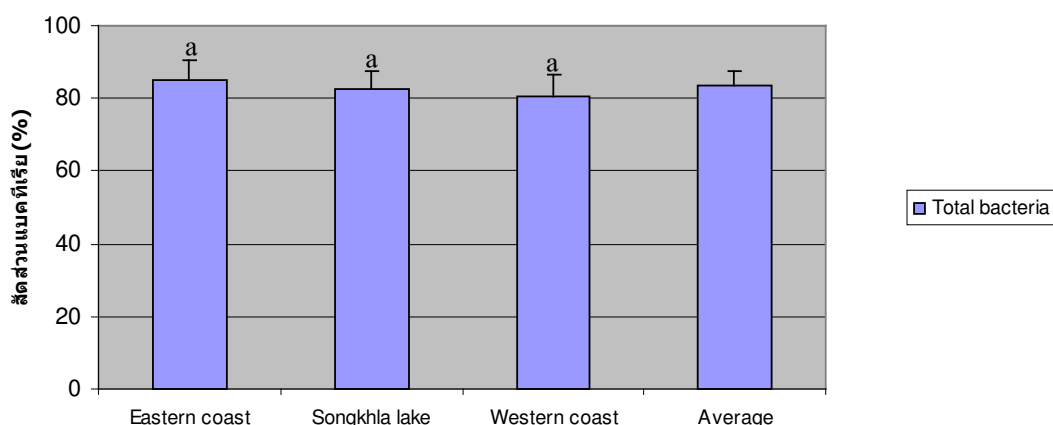


ภาพที่ 26 แสดงสัดส่วนแบคทีเรียทั้งหมดในดับและดับอ่อนของกุ้งขาวที่ติดเชื้อไวรัสทอรา เมื่อตรวจสอบด้วยโพรบ EUB338 mixed ในการทำ FISH เทียบกับการใช้สีย้อม DAPI โดยแท่งกราฟที่มีตัวอักษรเหมือนกันกำกับ ไม่มีความแตกต่างทางสถิติที่ระดับความเชื่อมั่น 95% ( $P > 0.05$ )

### 3.1.3.2.2 โครงสร้างชุมชนแบคทีเรียในลำไส้ส่วนต้นของกุ้งขาวติดเชื้อไวรัสทอรา

จากการใช้เทคนิค FISH ตรวจสอบชุมชนแบคทีเรียในลำไส้ส่วนต้นของกุ้งขาวที่ติดเชื้อไวรัสทอราในบ่อดิน พบว่ามีปริมาณ *Eubacteria* เฉลี่ยคิดเป็น  $83.56 \pm 4.18\%$  ของปริมาณเซลล์ทั้งหมดที่ได้จากการตรวจสอบด้วยสารย้อมเรืองแสง DAPI (ภาพที่ 27) และโครงสร้างประชากรแบคทีเรียที่พบมีลักษณะคล้ายคลึงกันในทุกแหล่งเลี้ยง โดยมีแบคทีเรียกลุ่ม  $\gamma$ -Proteobacteria เป็นแบคทีเรียที่เรียกกลุ่มหลัก ซึ่งมีสัดส่วนสูงสุดอย่างมีนัยสำคัญ ( $P < 0.05$ ) จากการตรวจสอบในกุ้งติดเชื้อจากแหล่งเลี้ยงฝั่งตะวันออก แหล่งเลี้ยงที่ใช้น้ำจากทะเลสาบสงขลา และแหล่งเลี้ยงฝั่งตะวันตกพบว่า มีสัดส่วนของ  $\gamma$ -Proteobacteria group  $49.06 \pm 4.27\%$ ,  $48.28 \pm 2.24\%$  และ  $56.68 \pm 3.17\%$  ของปริมาณแบคทีเรียทั้งหมดตามลำดับ ในขณะที่แบคทีเรียกลุ่มอื่นๆที่พบประกอบด้วย LGC group และ Other bacteria groups เป็นกลุ่มรอง โดยมีสัดส่วนระหว่าง 12.38- 24.31% นอกจากนี้ยังพบแบคทีเรียกลุ่มอื่นๆในสัดส่วนระหว่าง 0.26-3.18% ซึ่งประกอบด้วยแบคทีเรียกลุ่ม HGC, CFB,  $\beta$ -Proteobacteria และ  $\alpha$ -Proteobacteria (ตารางภาคผนวก ข ที่ 13) เมื่อทำการตรวจ

สอบกลุ่มแบคทีเรียย่อยในกลุ่ม  $\gamma$ -Proteobacteria พบว่าแบคทีเรียส่วนใหญ่เป็นแบคทีเรียกลุ่ม *Vibrio* spp. โดยมีสัดส่วนสูงสุดอย่างมีนัยสำคัญ ( $P < 0.05$ ) เหมือนกันในทุกแหล่งเลี้ยง โดยกุ้งติดเชื้อไวรัสจากแหล่งเลี้ยงฝั่งตะวันออก แหล่งเลี้ยงที่ใช้น้ำจากทะเลสาบสงขลาและแหล่งเลี้ยงฝั่งตะวันตกพบแบคทีเรียกลุ่ม *Vibrio* spp. ในสัดส่วน  $82.79 \pm 11.11\%$ ,  $89.09 \pm 4.35\%$ , และ  $73.39 \pm 8.48\%$  ของแบคทีเรียกลุ่ม  $\gamma$ -Proteobacteria ทั้งหมดตามลำดับ นอกจากนี้ยังพบว่าสัดส่วนของแบคทีเรียกลุ่ม Other bacteria มีเพียง 3.87-20.84% ของแบคทีเรียกลุ่ม  $\gamma$ -Proteobacteria ทั้งหมด (ตารางภาคผนวก ข ที่ 14) ในการตรวจสอบแบคทีเรียกลุ่ม LGC พบว่าประกอบด้วยแบคทีเรียกลุ่ม *Bacillus* spp. เป็นแบคทีเรียที่มีสัดส่วนสูงสุดอย่างมีนัยสำคัญ ( $P < 0.05$ ) โดยกุ้งติดเชื้อไวรัสจากแหล่งเลี้ยงฝั่งตะวันออก แหล่งเลี้ยงที่ใช้น้ำจากทะเลสาบสงขลาและแหล่งเลี้ยงฝั่งตะวันตกพบแบคทีเรียกลุ่ม *Bacillus* spp. ในสัดส่วน  $63.37 \pm 19.81\%$ ,  $54.38 \pm 11.06\%$ , และ  $51.17 \pm 7.03\%$  ของแบคทีเรียกลุ่ม LGC ทั้งหมดตามลำดับ (ตารางภาคผนวก ข ที่ 15)



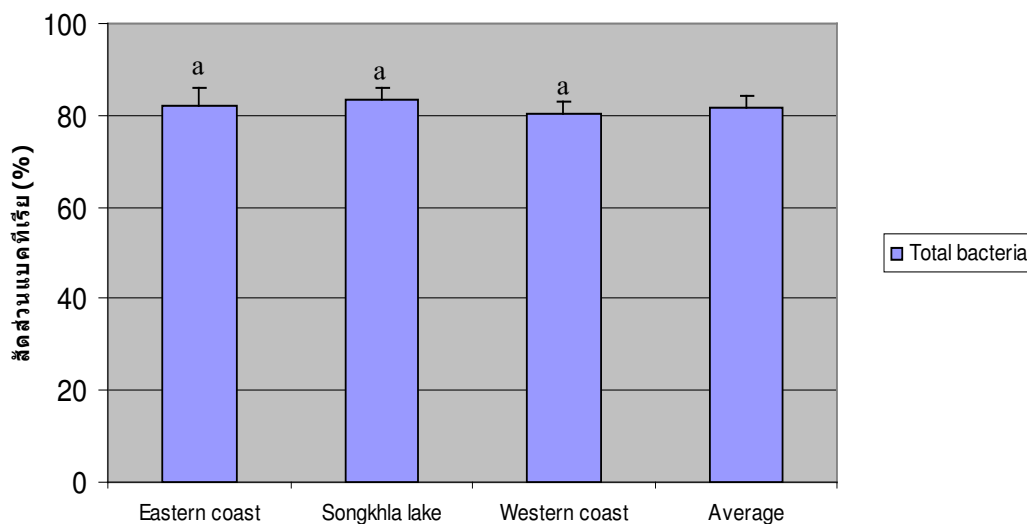
ภาพที่ 27 สัดส่วนแบคทีเรียทั้งหมดในลำไส้ส่วนต้นของกุ้งขาวติดเชื้อไวรัสทอราเมื่อตรวจสอบด้วยโพรบ EUB338 mixed ในการทำ FISH เทียบกับการใช้สีย้อม DAPI กราฟที่มีตัวอักษรเหมือนกันกำกับ ไม่มีความแตกต่างทางสถิติที่ระดับความเชื่อมั่น 95% ( $P > 0.05$ )

### 3.1.3.2.2 โครงสร้างชุมชนแบคทีเรียในลำไส้ส่วนปลายของกุ้งขาวติดเชื้อไวรัส

ทอรา

ชุมชนแบคทีเรียในลำไส้ส่วนปลายของกุ้งขาวที่ติดเชื้อไวรัสมีปริมาณของ *Eubacteria* เฉลี่ยคิดเป็น  $81.73 \pm 2.69\%$  ของปริมาณเซลล์ทั้งหมดที่ได้จากการตรวจสอบด้วยสารย้อมเรืองแสง DAPI (ภาพที่ 28) จากผลการศึกษาแสดงให้เห็นว่า โครงสร้างประชากรแบคทีเรียที่พบในลำไส้ส่วนปลายของกุ้งขาวที่ติดเชื้อไวรัสจากทั้ง 3 แหล่งเลี้ยงมีโครงสร้างที่ไม่แตกต่างกัน

มากนัก ซึ่งประกอบไปด้วย แบคทีเรียกลุ่ม  $\gamma$ -Proteobacteria เป็นแบคทีเรียกลุ่มหลัก ซึ่งมีสัดส่วนสูงสุดอย่างมีนัยสำคัญ ( $P < 0.05$ ) ในทุกแหล่งเลี้ยงที่ทำการศึกษา จากการตรวจสอบในกล้องจุลทรรศน์จากแหล่งเลี้ยงฟุ้งตะวันออก รอบทะเลสาบสงขลา และแหล่งเลี้ยงฟุ้งตะวันตกพบว่า มีสัดส่วนของ  $\gamma$ -Proteobacteria group  $46.20 \pm 5.32\%$ ,  $45.07 \pm 5.44\%$  และ  $47.86 \pm 6.93\%$  ของปริมาณแบคทีเรียทั้งหมดตามลำดับ ในขณะที่แบคทีเรียกลุ่มอื่น ๆ ที่พบประกอบด้วย Other bacteria groups เป็นกลุ่มรองเช่นเดียวกันในทุกแหล่ง โดยมีสัดส่วนระหว่าง  $21.01-25.97\%$  นอกจากนี้ยังพบแบคทีเรียกลุ่มอื่น ๆ ในสัดส่วนระหว่าง  $0.72-7.81\%$  ซึ่งประกอบด้วยแบคทีเรียกลุ่ม HGC, CFB,  $\beta$ -Proteobacteria และ  $\alpha$ -Proteobacteria group (ตารางภาคผนวก ข ที่ 16) เมื่อทำการตรวจสอบกลุ่มแบคทีเรียย่อยในกลุ่ม  $\gamma$ -Proteobacteria พบว่าแบคทีเรียส่วนใหญ่เป็นแบคทีเรียกลุ่ม *Vibrio* spp. โดยมีสัดส่วนสูงถึง  $74.77-82.04\%$  สูงสุดอย่างมีนัยสำคัญ ( $P < 0.05$ ) เหมือนกันในทุกแหล่งเลี้ยง นอกจากนี้ยังพบว่าสัดส่วนของแบคทีเรียกลุ่ม Other bacteria และ *Pseudomonas* spp. มีเพียง  $3.87-20.84\%$  และ  $7.17-7.94\%$  ของแบคทีเรียกลุ่ม  $\gamma$ -Proteobacteria ทั้งหมดตามลำดับ (ตารางภาคผนวก ข ที่ 17) ในการตรวจสอบแบคทีเรียกลุ่ม LGC พบว่าประกอบด้วยแบคทีเรียกลุ่ม *Bacillus* spp. เป็นแบคทีเรียกลุ่มหลัก โดยมีสัดส่วนระหว่าง  $54.50-55.24\%$  ของแบคทีเรียกลุ่ม LGC ทั้งหมด สูงสุดอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ ( $P < 0.05$ ) เช่นเดียวกันในทุกแหล่งเลี้ยงและมีแบคทีเรียกลุ่ม Other bacteria เป็นกลุ่มรอง โดยมีสัดส่วนระหว่าง  $25.28-34.73\%$



ภาพที่ 28 สัดส่วนแบคทีเรียทั้งหมดในลำไส้ส่วนปลายของกุ้งขาวติดเชื้อไวรัสทอราเมื่อตรวจสอบด้วยโพรบ EUB338 mixed ในการทำ FISH เทียบกับการใช้สีย้อม DAPI กราฟที่มีตัวอักษรเหมือนกันกำกับ ไม่มีความแตกต่างทางสถิติที่ระดับความเชื่อมั่น 95% ( $P > 0.05$ )

### 3.1.3.2.3 สรุปโครงสร้างชุมชนแบคทีเรียที่พบในทางเดินอาหารที่ทำการศึกษาของกิ้งขาวที่ติดเชื้อทอราในปอดดิน

จากข้อมูลที่ได้จากการศึกษาพบว่า เปอร์เซ็นต์สัดส่วนของ *Eubacteria* ในทุกส่วนของทางเดินอาหารของกิ้งขาวที่ติดเชื้อไวรัสทอราเมื่อตรวจสอบด้วยโพรบ EUB338 mixed มีสัดส่วนระหว่าง 80.88–83.56% ของปริมาณเซลล์ทั้งหมดที่ได้จากการตรวจสอบตรวจสอบด้วยสารย้อมเรืองแสง DAPI นอกจากนี้ยังพบว่าในทางเดินอาหารทุกส่วนที่ทำการศึกษาจากแต่ละพื้นที่การเลี้ยงมีสัดส่วนของ *Eubacteria* ไม่แตกต่างกันมากนัก เช่นเดียวกับข้อมูลสัดส่วนของ *Eubacteria* ที่พบในทางเดินอาหารของตัวอย่างกิ้งขาวที่มีสุขภาพปกติ

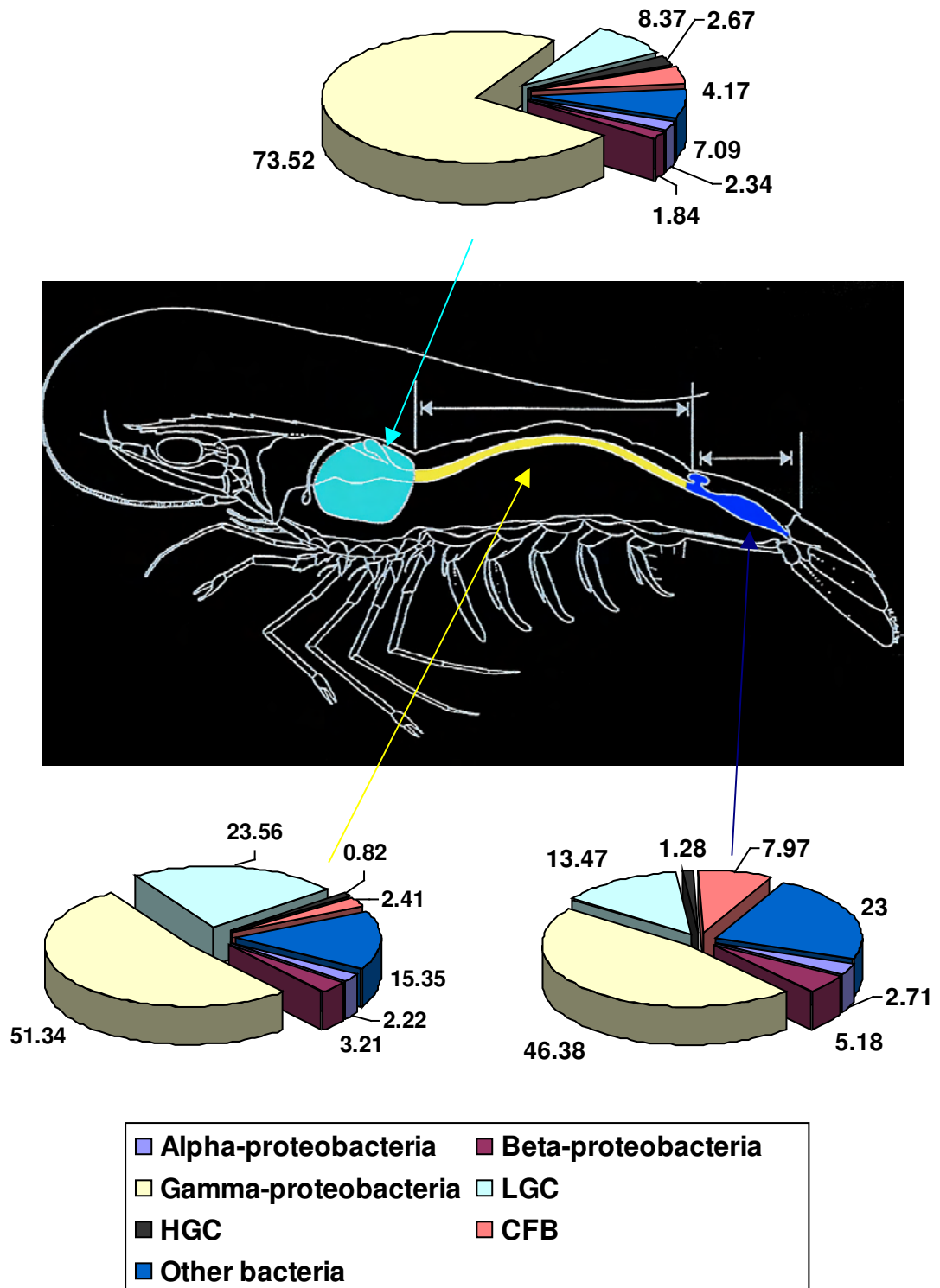
ซึ่งจากการศึกษาโครงสร้างชุมชนแบคทีเรียในระดับและดับอ่อนของกิ้งขาวที่ติดเชื้อไวรัสด้วยเทคนิค FISH โดยการเปรียบเทียบกับโพรบ EUB338 mixed พบว่าโครงสร้างชุมชนแบคทีเรียจากทั้ง 3 พื้นที่การเลี้ยงมีโครงสร้างชุมชนแบคทีเรียที่ใกล้เคียงกัน โดยประกอบด้วย  $\gamma$ -proteobacteria group เป็นแบคทีเรียกลุ่มหลักเพียงชนิดเดียวในชุมชนแบคทีเรียในสัดส่วนที่สูงถึง  $73.52 \pm 12.53$  % โดยมี LGC group, Other bacteria group, และCFB group เป็นแบคทีเรียกลุ่มรอง ซึ่งมีสัดส่วนคือเป็น  $8.37 \pm 2.21$  %,  $7.09 \pm 4.46$  %, และ  $4.17 \pm 3.81$  % ตามลำดับ นอกจากนี้ยังพบแบคทีเรียกลุ่มอื่น ๆ ในชุมชนแบคทีเรียในระดับและดับอ่อนของกิ้งขาวที่ติดเชื้อไวรัส โดยพบ  $\alpha$ -Proteobacteria group ในสัดส่วน  $2.34 \pm 2.61$ %  $\beta$ -Proteobacteria ในสัดส่วน  $2.34 \pm 2.61$ % และ HGC ในสัดส่วน  $2.64 \pm 2.06$ % ซึ่งจากการศึกษาในระดับและดับอ่อนโดยใช้โพรบที่จำเพาะต่อแบคทีเรียทั้ง 6 กลุ่มในการตรวจสอบด้วยเทคนิค FISH โดยการเปรียบเทียบกับโพรบ EUB338 mixed สามารถจำแนกแบคทีเรียได้ประมาณ 92.91% ของปริมาณเซลล์แบคทีเรียทั้งหมดที่ได้จากการตรวจสอบตรวจสอบด้วยโพรบ EUB338 mixed โดยมี Other bacteria groups ในสัดส่วน  $7.09 \pm 4.46$ % (ตารางภาคผนวก ข ที่ 10) เมื่อทำการตรวจสอบแบคทีเรียที่เป็นสมาชิกในกลุ่ม  $\gamma$ -proteobacteria group พบว่า มีแบคทีเรียในกลุ่ม *Vibrio* spp. ในสัดส่วนที่สูงถึง  $86.26 \pm 4.07$  % ของ  $\gamma$ -proteobacteria ทั้งหมดที่ตรวจสอบได้จากโพรบ GAM42a และมีแบคทีเรียในกลุ่ม *Pseudomonas* spp. ในสัดส่วน  $4.04 \pm 2.37$ % ในขณะที่มี Other bacteria groups ที่เป็นสมาชิกใน  $\gamma$ -proteobacteria group ในสัดส่วนเพียง  $9.70 \pm 4.48$  % (ตารางภาคผนวก ข ที่ 11) ซึ่งต่ำกว่าที่พบในระดับและดับอ่อนของกิ้งขาวปกติมาก ขณะที่การตรวจสอบแบคทีเรียที่เป็นสมาชิกในกลุ่ม LGC พบว่า *Bacillus* spp. เป็นแบคทีเรียกลุ่มเด่น โดยมีสัดส่วน  $49.83 \pm 9.89$ % ของ LGC ทั้งหมดที่ตรวจสอบได้จากโพรบ LGC mixed นอกจากนี้ยังพบ แบคทีเรียกลุ่ม *Lactobacillus* spp., *Streptococcus* spp., *Enterococcus* spp. ในชุมชนแบคทีเรียของดับและดับอ่อนในสัดส่วน  $17.56 \pm 4.42$ %,  $15.16 \pm 4.42$ %



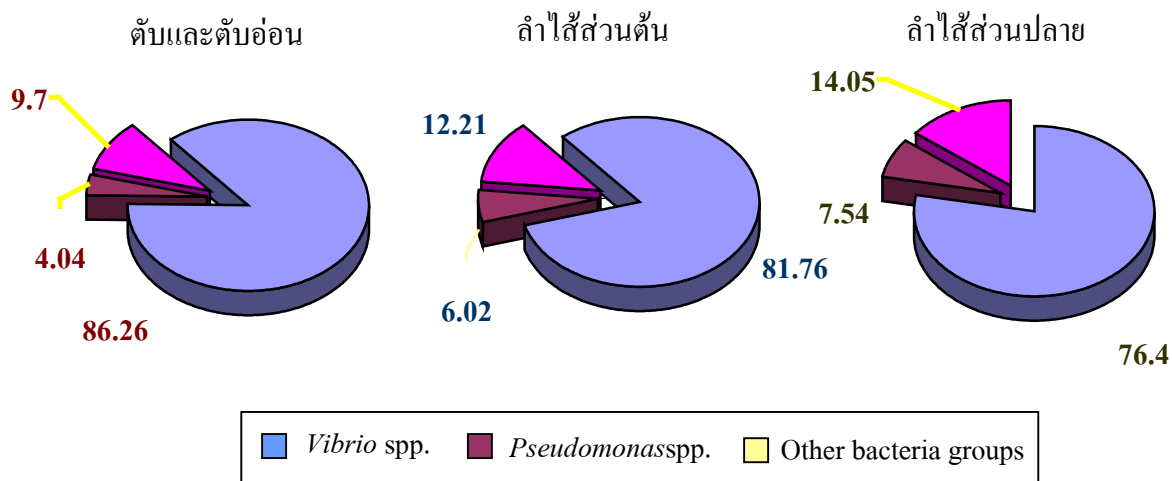
และ  $4.72 \pm 4.92\%$  ตามลำดับ และมี Other bacteria groups ที่เป็นสมาชิกใน LGC group ในสัดส่วน  $14.74 \pm 9.70\%$  (ตารางภาคผนวก ข ที่ 12)

การศึกษาโครงสร้างชุมชนแบคทีเรียในลำไส้ส่วนต้นและส่วนปลาย แสดงให้เห็นว่าโครงสร้างประชากรของลำไส้ทั้ง 2 ส่วนมีลักษณะที่ไม่แตกต่างกันมากนัก โดยมีแบคทีเรียเป็นแบคทีเรียกลุ่มหลักเป็นแบคทีเรียกลุ่มเดียวกัน คือ  $\gamma$ -proteobacteria group ซึ่งมีสัดส่วน  $51.34 \pm 4.95\%$  และ  $46.38 \pm 5.29\%$  ในขณะที่ลำไส้ส่วนต้นพบแบคทีเรียกลุ่ม LGC เป็นแบคทีเรียกลุ่มรองในสัดส่วน  $23.56 \pm 3.88\%$  แต่ในลำไส้ส่วนปลายจะพบ Other bacteria groups เป็นแบคทีเรียกลุ่มรองในสัดส่วน  $23.00 \pm 5.63\%$  แต่อย่างไรก็ตามในลำไส้ส่วนต้นก็พบ Other bacteria groups เป็นกลุ่มแบคทีเรียที่มีสัดส่วนสูงสุดเป็นอันดับที่ 3 ในสัดส่วน  $15.35 \pm 8.12\%$  และลำไส้ส่วนปลายก็พบ LGC group เป็นกลุ่มแบคทีเรียที่มีสัดส่วนสูงสุดเป็นอันดับที่ 3 ในสัดส่วน  $13.47 \pm 2.60\%$  นอกจากนี้ยังพบแบคทีเรียกลุ่ม  $\alpha$ -Proteobacteria, HGC, และ CFB ในลำไส้ทั้ง 2 ส่วน โดยในลำไส้ส่วนต้นพบ  $2.22 \pm 0.60\%$ ,  $0.82 \pm 0.077\%$ , และ  $2.41 \pm 0.52\%$  ตามลำดับ (ตารางภาคผนวก ข ที่ 13) และในลำไส้ส่วนปลายพบ  $2.71 \pm 1.15\%$ ,  $1.28 \pm 1.02\%$ , และ  $7.97 \pm 1.70\%$  ตามลำดับ (ตารางภาคผนวก ข ที่ 16) เมื่อทำการตรวจสอบแบคทีเรียที่เป็นสมาชิกในกลุ่ม  $\gamma$ -proteobacteria ของลำไส้ทั้ง 2 ส่วนพบว่า มีแบคทีเรียในกลุ่ม *Vibrio* spp. ในสัดส่วนที่สูงถึง  $81.76 \pm 10.01\%$  และ  $78.40 \pm 10.28\%$  ของแบคทีเรียกลุ่ม  $\gamma$ -proteobacteria ที่ได้จากการตรวจสอบด้วยโพรบ ALF42a และพบแบคทีเรียในกลุ่ม *Pseudomonas* spp. ในสัดส่วน  $6.02 \pm 1.64\%$  และ  $7.54 \pm 2.12\%$  ตามลำดับ ในขณะที่ลำไส้ส่วนต้นพบ Other bacteria groups ที่เป็นสมาชิกใน  $\gamma$ -proteobacteria group ในสัดส่วน  $12.21 \pm 10.41\%$  (ตารางภาคผนวก ข ที่ 14) และลำไส้ส่วนปลายพบ Other bacteria groups ในสัดส่วน  $14.05 \pm 10.84\%$  (ตารางภาคผนวก ข ที่ 17) ขณะที่การตรวจสอบแบคทีเรียที่เป็นสมาชิกในกลุ่ม LGC พบว่า *Bacillus* spp. เป็นแบคทีเรียกลุ่มเด่นในลำไส้ทั้ง 2 ส่วนเช่นเดียวกัน โดยมีสัดส่วน  $56.31 \pm 13.08\%$  และ  $54.91 \pm 9.71\%$  ของแบคทีเรียกลุ่ม LGC ทั้งหมดที่ได้จากการตรวจสอบด้วยโพรบ LGC mixed นอกจากนี้ยังพบ แบคทีเรียกลุ่ม *Lactobacillus* spp., *Streptococcus* spp., *Enterococcus* spp. ในชุมชนแบคทีเรียของลำไส้ทั้ง 2 ส่วนโดยในลำไส้ส่วนต้นพบ  $14.50 \pm 6.18\%$ ,  $1.11 \pm 1.37\%$ , และ  $3.46 \pm 1.59\%$  ตามลำดับ (ตารางภาคผนวก ข ที่ 15) และมี Other bacteria groups ที่เป็นสมาชิกใน LGC group ในสัดส่วน  $24.62 \pm 15.17\%$  และ  $31.26 \pm 11.95\%$  ตามลำดับ (ตารางภาคผนวก ข ที่ 18)

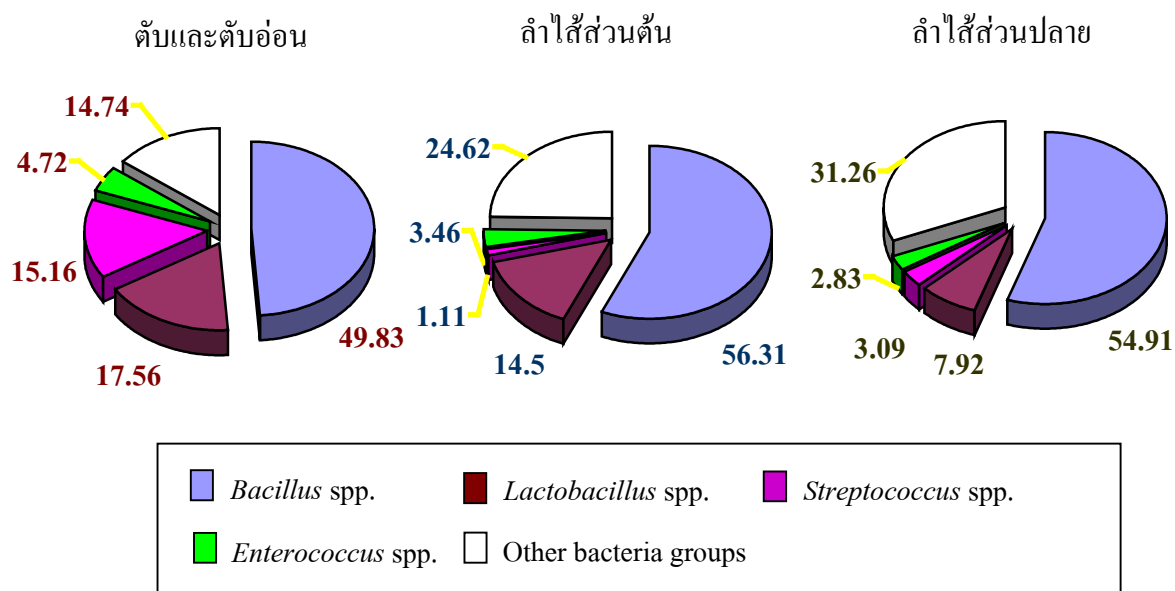
ซึ่งโครงสร้างชุมชนแบคทีเรียในแบคทีเรียกลุ่มหลักของทางเดินอาหารทั้ง 3 ส่วน รวมถึงสัดส่วนแบคทีเรียในกลุ่ม  $\gamma$ -proteobacteria และ LGC ที่ได้จากการศึกษาทางเดินอาหารของ กุ้งขาวที่ติดเชื้อไวรัสทอราในบ่อดินแสดงในภาพที่ 29, 30, และ 31 ตามลำดับ



ภาพที่ 29 แสดงโครงสร้างชุมชนแบคทีเรียในแบคทีเรียกลุ่มหลักของทางเดินอาหารทั้ง 3 ส่วน ได้แก่ ตับและตับอ่อน ลำไส้ส่วนต้น และลำไส้ส่วนปลายที่ได้จากการศึกษาของกุ้งขาวที่ติดเชื้อไวรัสทอราในบ่อดิน



ภาพที่ 30 สัดส่วนแบคทีเรียในกลุ่ม  $\gamma$ -proteobacteria ของทางเดินอาหารทั้ง 3 ส่วนของกุ้งขาวที่ติดเชื้อไวรัสทอราโนบอดินที่ทำการวิเคราะห์ด้วยเทคนิค FISH โดยการเปรียบเทียบกับโพรบ GAM42a

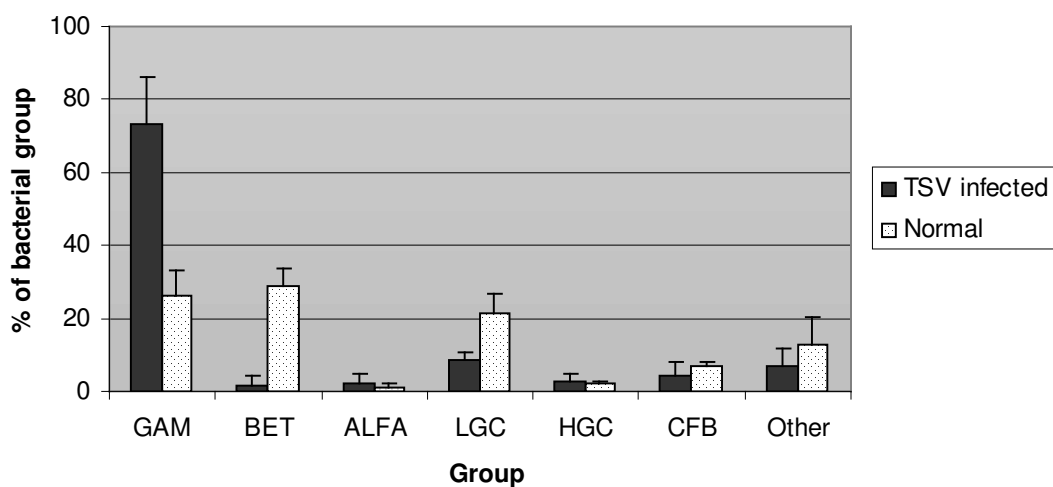


ภาพที่ 31 สัดส่วนแบคทีเรียในกลุ่ม LGC ของทางเดินอาหารทั้ง 3 ส่วนของกุ้งขาวที่ติดเชื้อไวรัสทอราโนบอดินที่ทำการวิเคราะห์ด้วยเทคนิค FISH โดยการเปรียบเทียบกับโพรบ LGC mixed

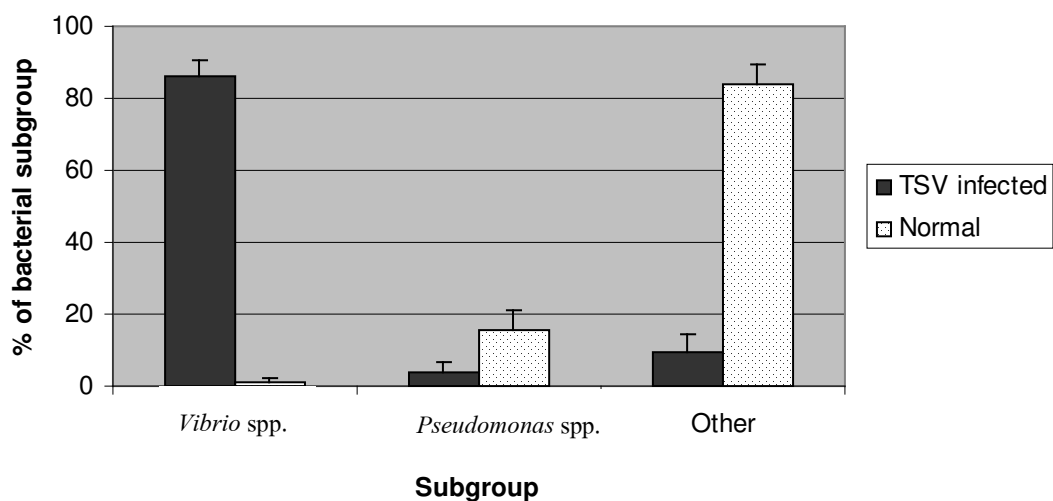
### 3.1.3.3 การเปลี่ยนแปลงโครงสร้างชุมชนแบคทีเรียในทางเดินอาหารกุ้งขาวเมื่อติดเชื้อไวรัสทอรา ในปอด

#### 3.1.3.3.1 การเปลี่ยนแปลงโครงสร้างประชากรแบคทีเรียในตับและตับอ่อนของกุ้ง ขาวเมื่อติดเชื้อไวรัสทอรา

จากเปรียบเทียบข้อมูลของโครงสร้างประชากรแบคทีเรียในตับและตับอ่อนของกุ้งขาวปกติและติดเชื้อไวรัสทอรา แสดงให้เห็นว่าสัดส่วนแบคทีเรียรวมในตับและตับอ่อนของกุ้งไม่มีการเปลี่ยนแปลง แต่องค์ประกอบในโครงสร้างประชากรแบคทีเรียมีการเปลี่ยนแปลงอย่างชัดเจน โดยพบว่าการเปลี่ยนแปลงแบคทีเรียกลุ่มเด่นของโครงสร้างประชากร ซึ่งแบคทีเรียกลุ่มเด่นในตับและตับอ่อนของกุ้งปกติประกอบด้วยแบคทีเรีย 2 กลุ่ม ได้แก่  $\beta$ -Proteobacteria และ  $\gamma$ -Proteobacteria แต่เมื่อเกิดการติดเชื้อไวรัส จะพบว่าแบคทีเรียกลุ่มเด่นจะเป็นแบคทีเรียกลุ่ม  $\gamma$ -Proteobacteria เพียงกลุ่มเดียวเท่านั้น โดยสัดส่วนเฉลี่ยของแบคทีเรียกลุ่ม  $\gamma$ -Proteobacteria มีการเพิ่มขึ้นเป็น 73.52% ของปริมาณแบคทีเรียทั้งหมด หรือเพิ่มขึ้นถึง 180% เมื่อเปรียบเทียบกับค่าเฉลี่ยของกุ้งปกติ และ  $\beta$ -Proteobacteria group มีสัดส่วนที่ลดลงเหลือเพียง 1.84% ของปริมาณแบคทีเรียทั้งหมด หรือมีการลดลงถึง 93.62% เมื่อเปรียบเทียบกับค่าเฉลี่ยของกุ้งปกติ นอกจากนี้แบคทีเรียกลุ่มอื่น ๆ ก็มีสัดส่วนที่เปลี่ยนแปลงไปเมื่อกุ้งขาวเกิดการติดเชื้อไวรัส ดังแสดงในภาพที่ 32 เมื่อทำการเปรียบเทียบสัดส่วนของแบคทีเรียที่เป็นสมาชิกกลุ่ม  $\gamma$ -Proteobacteria ที่ทำการศึกษาพบว่าสัดส่วนของกลุ่มแบคทีเรียที่เป็นสมาชิกในกลุ่ม  $\gamma$ -Proteobacteria มีการเปลี่ยนแปลงอย่างชัดเจน ดังแสดงในภาพที่ 33 ซึ่งจากการศึกษาแสดงให้เห็นถึงการเพิ่มขึ้นของแบคทีเรียกลุ่ม *Vibrio* spp. โดยกุ้งขาวที่ติดเชื้อไวรัสมีสัดส่วนของ *Vibrio* spp. เพิ่มสูงถึงเป็น 89.7% ของปริมาณแบคทีเรียกลุ่ม  $\gamma$ -Proteobacteria ทั้งหมดหรือเพิ่มขึ้นถึง 99.30 เท่า เมื่อเปรียบเทียบกับค่าเฉลี่ยของกุ้งปกติ ในขณะที่สัดส่วนของแบคทีเรียกลุ่ม Other bacteria ที่เป็นสมาชิกของ  $\gamma$ -Proteobacteria group มีสัดส่วนลดลงเหลือเพียง 9.70% ของสัดส่วนแบคทีเรียที่เป็นสมาชิกในกลุ่ม  $\gamma$ -Proteobacteria ทั้งหมดหรือลดลง 88.42% เมื่อเทียบกับกุ้งปกติ นอกจากนี้ยังทำการเปรียบเทียบสัดส่วนกลุ่มแบคทีเรียที่เป็นสมาชิกของ LGC โดยพบว่าการติดเชื้อไวรัสทอราไม่มีผลต่อการเปลี่ยนแปลงโครงสร้างภายในของกลุ่ม LGC ของตับและตับอ่อน โดยเมื่อเกิดการติดเชื้อไวรัสยังคงพบแบคทีเรียในกลุ่ม *Bacillus* spp. เป็นแบคทีเรียกลุ่มหลัก และแบคทีเรียกลุ่ม *Lactobacillus* spp. และ Other bacteria groups เป็นแบคทีเรียกลุ่มรอง เช่นเดียวกับตับและตับอ่อนจากกุ้งปกติ (ภาพที่ 34)

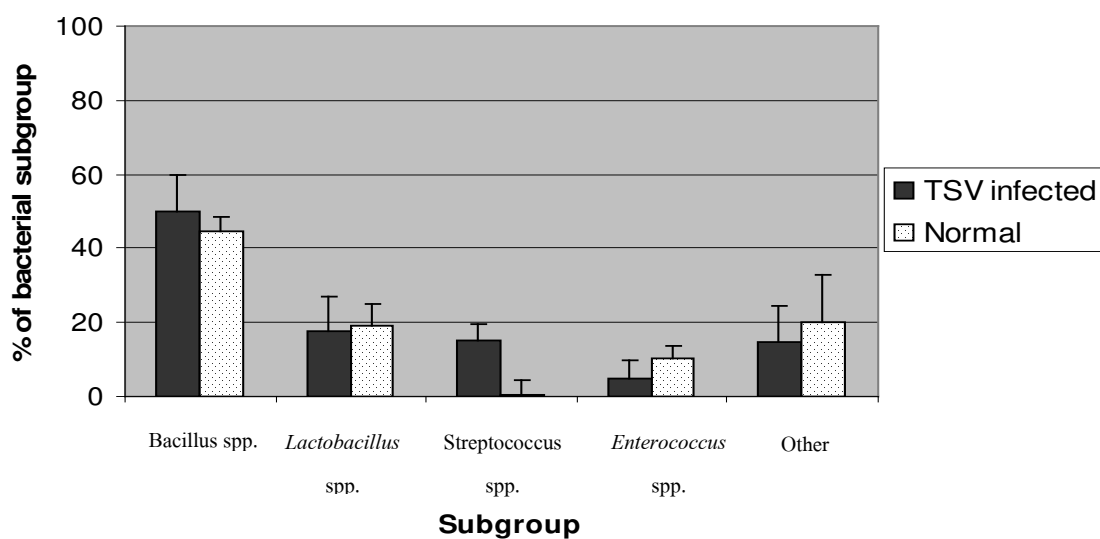


ภาพที่ 32 การเปรียบเทียบสัดส่วนกลุ่มแบคทีเรียในตับและตับอ่อนกึ่งชาวปกติและติดเชื้อไวรัสทอราในปอดคน



ภาพที่ 33 การเปรียบเทียบสัดส่วนกลุ่มแบคทีเรียในกลุ่ม  $\gamma$ -Proteobacteria จากตับและตับอ่อนกึ่งชาวปกติและติดเชื้อไวรัสทอราในปอดคน

หมายเหตุ GAM =  $\gamma$ -Proteobacteria, BET =  $\beta$ -Proteobacteria, ALFA =  $\alpha$ -Proteobacteria, LGC = LGC group, HGC = HGC group, CFB = CFB group, Other = Other bacteria groups



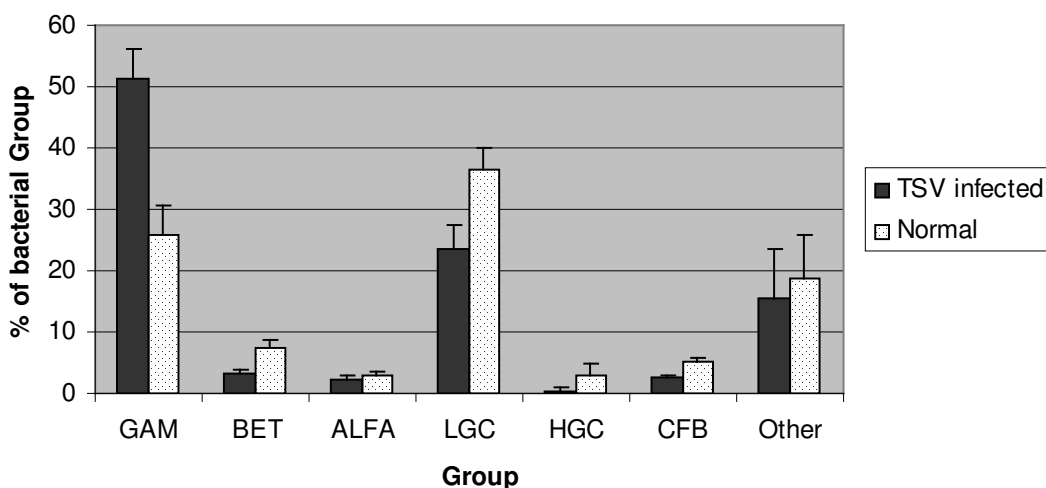
ภาพที่ 34 การเปรียบเทียบสัดส่วนกลุ่มแบคทีเรียในกลุ่ม LGC จากตับและตับอ่อนกึ่งชาวปกติ และติดเชื้อไวรัสทอราในบ่อดิน

### 3.1.3.3.2 การเปลี่ยนแปลงโครงสร้างประชากรแบคทีเรียในลำไส้ส่วนต้นของกึ่งชาวเมื่อติดเชื้อไวรัสทอรา

จากการเปรียบเทียบข้อมูลโครงสร้างประชากรแบคทีเรียในลำไส้ส่วนต้นของกึ่งชาวที่เลี้ยงในบ่อดิน ซึ่งมีสุขภาพปกติและติดเชื้อไวรัสทอรา แสดงให้เห็นว่าสัดส่วนของแบคทีเรียรวมทั้งหมดในลำไส้ส่วนต้นไม่มีการเปลี่ยนแปลงเมื่อเทียบกับปริมาณจุลินทรีย์ทั้งหมด แต่จากข้อมูลแสดงให้เห็นถึงการเปลี่ยนแปลงของโครงสร้างของชุมชนแบคทีเรีย โดยโครงสร้างประชากรแบคทีเรียในลำไส้ส่วนต้นของกึ่งชาวสุขภาพปกติพบแบคทีเรียในกลุ่ม LGC เป็นแบคทีเรียกลุ่มเด่น ในสัดส่วน  $36.40 \pm 3.53$  % และ  $\gamma$ -Proteobacteria เป็นแบคทีเรียกลุ่มรองในสัดส่วน  $25.90 \pm 4.89$ % นอกจากนี้ยังพบแบคทีเรียในกลุ่ม Other bacteria ในสัดส่วน  $18.76 \pm 6.90$ % ในขณะที่กึ่งชาวติดเชื้อไวรัสทอราพบว่าแบคทีเรียกลุ่ม  $\gamma$ -Proteobacteria เป็นแบคทีเรียกลุ่มเด่นซึ่งมีสัดส่วนคิดเป็น  $51.33 \pm 4.95$ % หรือมีสัดส่วนสูงขึ้นจากที่พบในกึ่งปกติ  $41.02$ % และแบคทีเรียกลุ่ม LGC เป็นแบคทีเรียกลุ่มรองในสัดส่วน  $23.56 \pm 3.86$ % หรือมีสัดส่วนลดลงจากที่พบในกึ่งปกติ  $35.27$ % ในขณะที่พบแบคทีเรียในกลุ่ม Other bacteria ในสัดส่วน  $15.35 \pm 8.12$  % ดังแสดงใน ภาพที่ 35

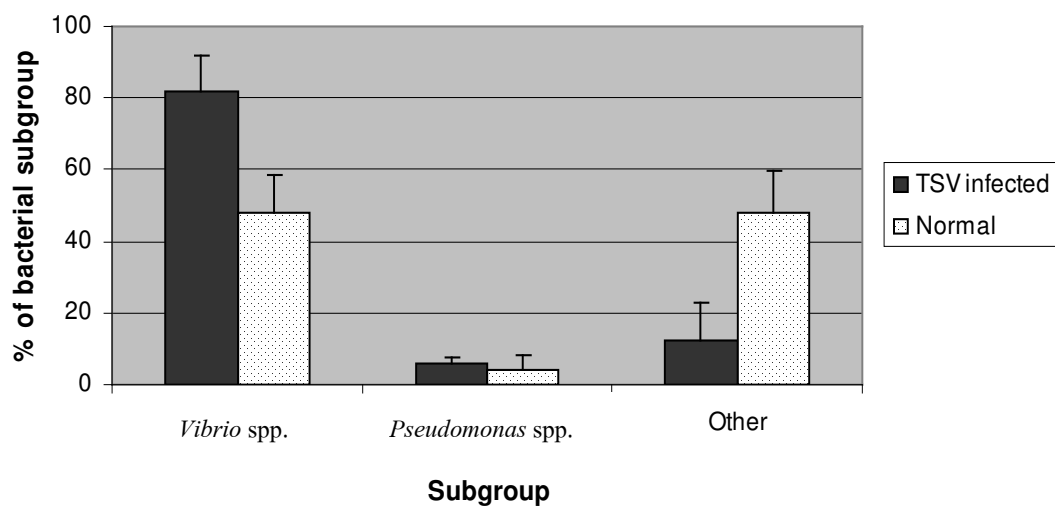
เมื่อทำการเปรียบเทียบสัดส่วนของแบคทีเรียที่เป็นสมาชิกในกลุ่ม  $\gamma$ -Proteobacteria ที่ทำการศึกษาพบว่าสัดส่วนของกลุ่มแบคทีเรียที่เป็นสมาชิกใน  $\gamma$ -Proteobacteria

group มีการเปลี่ยนแปลงอย่างชัดเจนถึงแม้ว่าแบคทีเรียกลุ่ม  $\gamma$ -Proteobacteria จะเป็นแบคทีเรียกลุ่มเด่นในลำไส้ส่วนต้นของกึ่งปกติเช่นเดียวกับที่พบในกึ่งที่ติดเชื้อไวรัสก็ตาม (ภาพที่ 36) ซึ่งจากผลการศึกษาแสดงให้เห็นถึงการเพิ่มขึ้นของแบคทีเรียกลุ่ม *Vibrio* spp. โดยกึ่งขาวที่ติดเชื้อไวรัสทอรา มีสัดส่วนของ *Vibrio* spp. สูงขึ้นเป็น  $81.76 \pm 10.02\%$  ของปริมาณแบคทีเรียกลุ่ม  $\gamma$ -Proteobacteria ทั้งหมดหรือเพิ่มขึ้นถึง  $96.16\%$  เมื่อเปรียบเทียบกับค่าเฉลี่ยของกึ่งปกติ ที่พบ  $47.88 \pm 10.57\%$  ในขณะที่สัดส่วนของแบคทีเรียกลุ่ม Other bacteria ที่เป็นสมาชิกของ  $\gamma$ -Proteobacteria group มีสัดส่วนลดลงเหลือเพียง  $12.22 \pm 10.4\%$  ของสัดส่วนแบคทีเรียที่เป็นสมาชิกในกลุ่ม  $\gamma$ -Proteobacteria ทั้งหมด หรือลดลง  $74.48\%$  เมื่อเทียบกับกึ่งปกติ นอกจากนี้ยังทำการเปรียบเทียบสัดส่วนกลุ่มแบคทีเรียที่เป็นสมาชิกของ LGC group (ภาพที่ 37) โดยพบว่าแบคทีเรียกลุ่มเด่นในลำไส้ส่วนต้นของกึ่งที่ติดเชื้อไวรัสทอราไม่แตกต่างจากกึ่งปกติ คือยังคงเป็นแบคทีเรียกลุ่ม *Bacillus* spp. แต่แบคทีเรียกลุ่มรองของกึ่งติดเชื้อพบว่าเป็นแบคทีเรียกลุ่ม *Lactobacillus* spp. และ Other bacteria ในขณะที่กึ่งปกติพบว่าแบคทีเรียกลุ่มรองคือ กลุ่ม *Lactobacillus* spp. เพียงกลุ่มเดียว ซึ่ง Other bacteria groups ที่เป็นสมาชิกในกลุ่ม LGC มีการเพิ่มสูงขึ้นเมื่อกึ่งเกิดการติดเชื้อไวรัส โดยมีสัดส่วนเพิ่มสูงขึ้น  $74.61\%$ เมื่อเทียบกับกึ่งปกติ

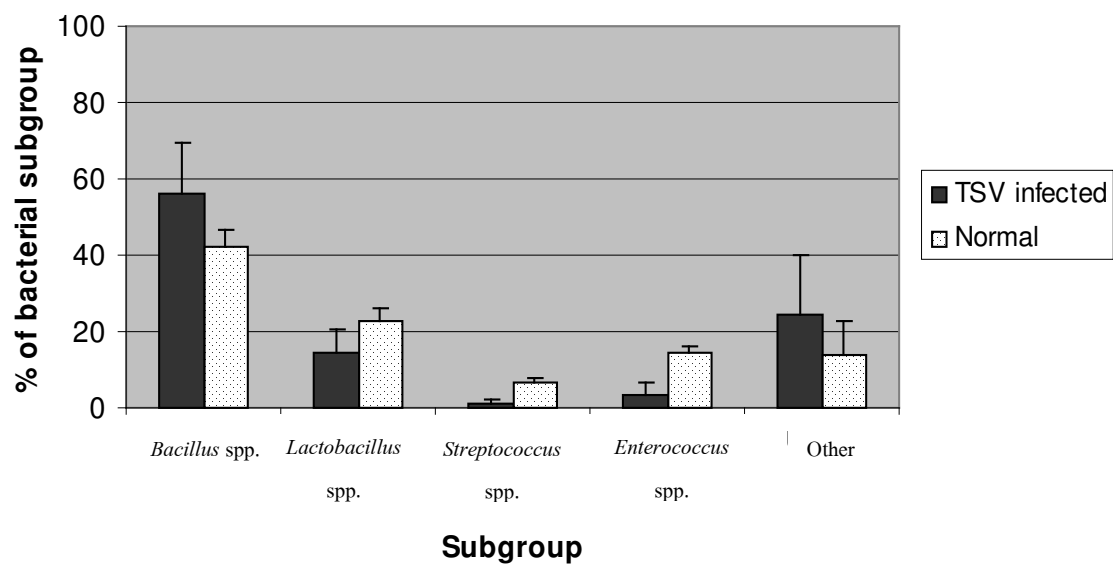


ภาพที่ 35 การเปรียบเทียบสัดส่วนกลุ่มแบคทีเรียในลำไส้ส่วนต้นของกึ่งขาวปกติและติดเชื้อไวรัสทอราในบ่อดิน

หมายเหตุ GAM =  $\gamma$ -Proteobacteria, BET =  $\beta$ -Proteobacteria, ALFA =  $\alpha$ -Proteobacteria, LGC = LGC group, HGC = HGC group, CFB = CFB group, Other = Other bacteria groups



ภาพที่ 36 การเปรียบเทียบสัดส่วนกลุ่มแบคทีเรียในกลุ่ม  $\gamma$ -Proteobacteria จากลำไส้ส่วนต้นของกุ้งขาวปกติและติดเชื้อไวรัสทอราโนบอดิน



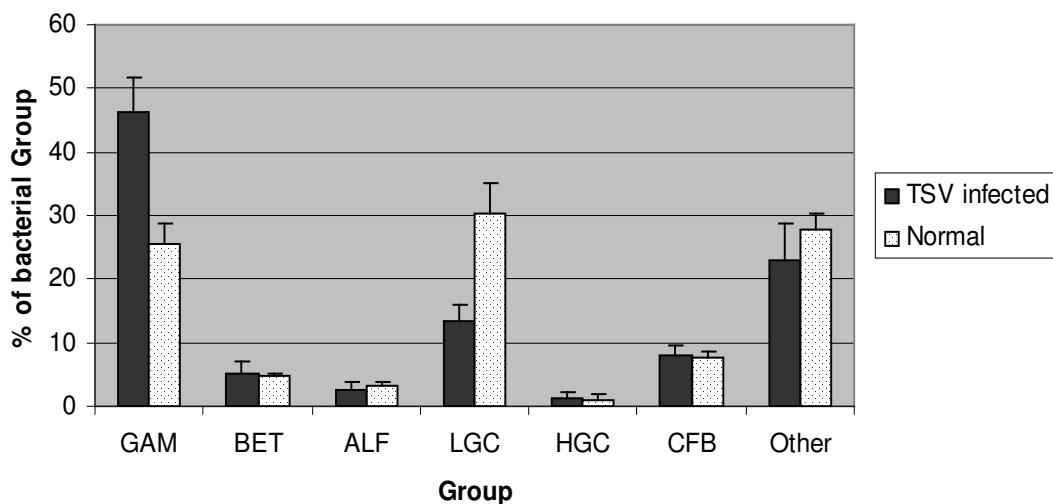
ภาพที่ 37 การเปรียบเทียบสัดส่วนกลุ่มแบคทีเรียในกลุ่ม LGC จากลำไส้ส่วนต้นของกุ้งขาวปกติและติดเชื้อไวรัสทอราโนบอดิน



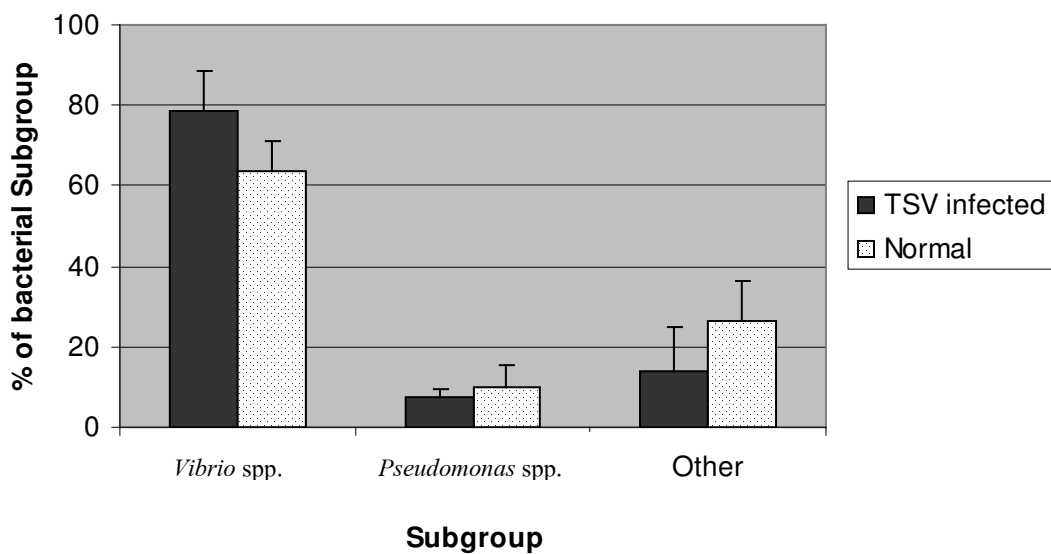
### 3.1.3.3.3 การเปลี่ยนแปลงโครงสร้างประชากรแบคทีเรียในลำไส้ส่วนปลายของกึ่งขาวเมื่อติดเชื้อไวรัสทอรา

จากการเปรียบเทียบข้อมูลประชากรแบคทีเรียในลำไส้ส่วนปลายของกึ่งขาวที่มีสุขภาพปกติและติดเชื้อไวรัสทอรา แสดงให้เห็นว่าการติดเชื้อไวรัสทอราไม่มีผลต่อการเปลี่ยนแปลงสัดส่วนของแบคทีเรียรวมเมื่อเทียบกับปริมาณจุลินทรีย์ทั้งหมดในลำไส้แต่อย่างใด โดยลำไส้ส่วนปลายของกึ่งปกติและกึ่งติดเชื้อไวรัสมีสัดส่วนแบคทีเรียเฉลี่ย  $79.50 \pm 5.11\%$  และ  $80.34 \pm 1.79\%$  ตามลำดับ แต่เมื่อทำการเปรียบเทียบโครงสร้างประชากรแบคทีเรียในลำไส้ส่วนปลายของกึ่งขาวที่ติดเชื้อไวรัสทอราต่อกึ่งขาวปกติ พบว่ามีการเปลี่ยนแปลงเช่นเดียวกับทางเดินอาหารส่วนอื่นๆ ที่ทำการศึกษา โดยโครงสร้างประชากรแบคทีเรียในลำไส้ส่วนปลายของกึ่งปกติพบแบคทีเรียในกลุ่ม LGC และ Other bacteria เป็นแบคทีเรียกลุ่มหลัก ซึ่งมีสัดส่วน  $30.34 \pm 4.66\%$  และ  $27.74 \pm 2.47\%$  ตามลำดับ ในขณะที่มีแบคทีเรียกลุ่ม  $\gamma$ -Proteobacteria เป็นแบคทีเรียกลุ่มรอง ในสัดส่วน  $25.51 \pm 3.34\%$  และมีสัดส่วนไม่แตกต่างกับ Other bacteria groups อย่างมีนัยสำคัญ ( $P > 0.05$ ) ซึ่งโครงสร้างประชากรแบคทีเรียที่พบในลำไส้ของกึ่งปกติ มีความแตกต่างกับโครงสร้างประชากรแบคทีเรียที่พบในลำไส้ส่วนเดียวกันของกึ่งที่ติดเชื้อไวรัสทอรา (ภาพที่ 38) ที่พบว่าแบคทีเรียกลุ่ม  $\gamma$ -Proteobacteria เป็นแบคทีเรียกลุ่มหลักเพียงกลุ่มเดียวและมีสัดส่วนสูงอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ ( $P < 0.05$ ) เมื่อเทียบกับแบคทีเรียกลุ่มอื่นๆ ซึ่งจากการตรวจสอบพบว่า มีสัดส่วน  $46.38 \pm 5.29\%$  หรือมีสัดส่วนสูงขึ้นจากที่พบในกึ่งขาวปกติ  $81.81\%$  ในขณะที่ Other bacteria groups เป็นแบคทีเรียกลุ่มรอง ในสัดส่วน  $23.00 \pm 5.63\%$  และแบคทีเรียในกลุ่ม LGC เป็นกลุ่มที่มีสัดส่วนสูงเป็นอันดับสาม โดยมีสัดส่วน  $13.47 \pm 2.60\%$  เมื่อนำข้อมูลไปเทียบกับกึ่งปกติพบว่า LGC group มีสัดส่วนลดลงถึง  $55.60\%$

เมื่อทำการเปรียบเทียบสัดส่วนของแบคทีเรียที่เป็นสมาชิกกลุ่ม  $\gamma$ -Proteobacteria ที่ทำการศึกษา พบว่าสัดส่วนของกลุ่มแบคทีเรียที่เป็นสมาชิกใน  $\gamma$ -Proteobacteria group ในกึ่งติดเชื้อไวรัสไม่แตกต่างจากที่พบในกึ่งปกติ โดยมีแบคทีเรียกลุ่ม *Vibrio* spp. เป็นกลุ่มเด่นเช่นเดียวกัน (ภาพที่ 39) แต่อย่างไรก็ตามสัดส่วนเฉลี่ยของแบคทีเรียกลุ่ม *Vibrio* spp. ที่พบในลำไส้ส่วนปลายของกึ่งขาวที่ติดเชื้อไวรัสก็มีสัดส่วนสูงกว่าที่พบในลำไส้ของกึ่งปกติถึง  $23.27\%$  ในการศึกษาเปรียบเทียบสัดส่วนแบคทีเรียในกลุ่ม LGC ที่พบในลำไส้ส่วนปลายของกึ่งขาวปกติและติดเชื้อไวรัส พบว่าโครงสร้างประชากรของกลุ่มไม่มีการเปลี่ยนแปลงมากนัก โดยมีแบคทีเรียกลุ่ม *Bacillus* spp. เป็นแบคทีเรียกลุ่มหลักเช่นเดียวกัน โดยกึ่งปกติพบในสัดส่วน  $62.91 \pm 8.58\%$  และในกึ่งติดเชื้อไวรัสพบในสัดส่วน  $54.91 \pm 9.71\%$  (ภาพที่ 40)

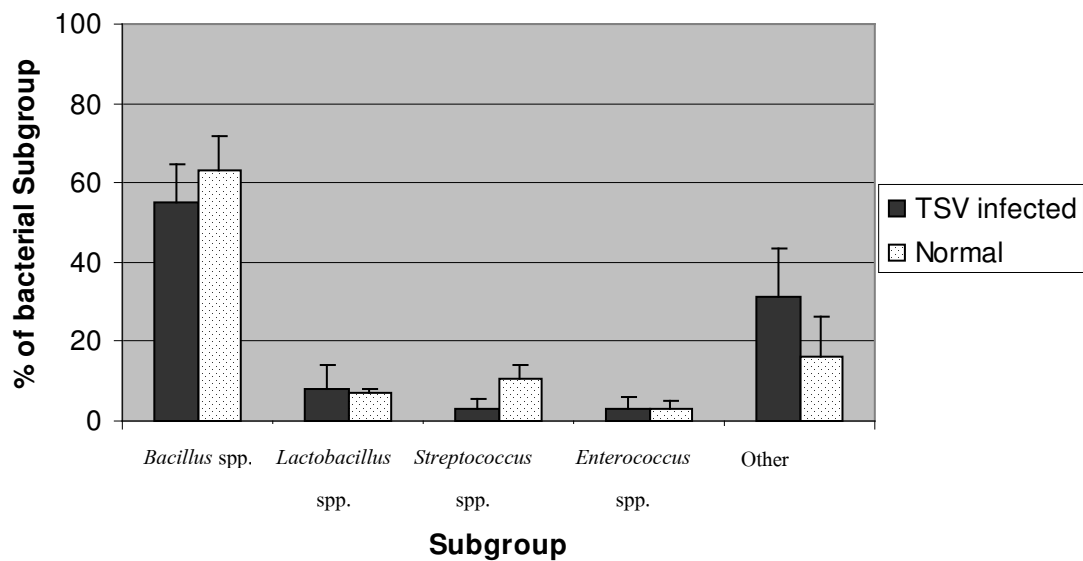


ภาพที่ 38 การเปรียบเทียบสัดส่วนกลุ่มแบคทีเรียในลำไส้ส่วนปลายของกุ้งขาวปกติและติดเชื้อไวรัสทอราโนบอดิน



ภาพที่ 39 การเปรียบเทียบสัดส่วนกลุ่มแบคทีเรียในกลุ่ม  $\gamma$ -Proteobacteria จากลำไส้ส่วนปลายของกุ้งขาวปกติและติดเชื้อไวรัสทอราโนบอดิน

หมายเหตุ GAM =  $\gamma$ -Proteobacteria, BET =  $\beta$ -Proteobacteria, ALFA =  $\alpha$ -Proteobacteria, LGC = LGC group, HGC = HGC group, CFB = CFB group, Other = Other bacteria groups



ภาพที่ 40 การเปรียบเทียบสัดส่วนกลุ่มแบคทีเรียในกลุ่ม LGC จากลำไส้ส่วนปลายของกุ้งขาวปกติและติดเชื้อไวรัสทอราในปอด