

บทที่ 5

อภิปรายผลการทดลอง

การเก็บตัวอย่างผึ้งพันธุ์และไร

จากการสำรวจตัวอย่างผึ้งพันธุ์ทางภาคเหนือของประเทศไทยช่วงระหว่างเดือนมิถุนายนปี พ.ศ. 2549 ถึงเดือนสิงหาคมปี พ.ศ. 2550 โดยเก็บตัวอย่างจากจังหวัดลำพูน ลำปาง เชียงราย พะเยา น่าน แพร่ และเชียงใหม่ จำนวน 9, 9, 5, 8, 6, 5 และ 4 แหล่งตามลำดับ รวมทั้งหมดจำนวน 46 แหล่ง แต่ไม่มีตัวอย่างจากจังหวัดแม่ฮ่องสอนเนื่องจากการไม่มีการเลี้ยงผึ้งพันธุ์ในจังหวัดนี้ ทำการเก็บตัวอย่างโดยการสกัดผึ้งจากเฟรม (frame) และใช้ปากคีบคีบเฉพาะตัวอ่อนใส่ในหลอดเพื่อเก็บไว้ทดลองต่อไป สำหรับการเก็บตัวอย่างของไรแต่ละชนิดทำโดยการแช่ตัวผึ้งพันธุ์ตัวเต็มวัยที่เก็บมาในแอลกอฮอล์ตามวิธีของ OIE (2004) พร้อมทั้งบันทึกการเกิดโรคในแต่ละแหล่งที่เก็บตัวอย่าง พบว่ามีการติดเชื้อโรคตัวอ่อนเน่ายุโรป (European foulbrood) และ โรคชอล์คบริด (Chalk brood disease) เพียงบางบริเวณที่ทำการสำรวจแต่ไม่พบการกระจายของโรคมานัก ซึ่งสอดคล้องกับข้อมูลว่าโรคตัวอ่อนเน่ายุโรป (European foulbrood) ถูกตรวจพบเสมอในประเทศไทย โดยเฉพาะรังผึ้งพันธุ์ที่อ่อนแอแต่ไม่พบการระบาดของรุนแรงของโรค (สิริวัฒน์, 2532) และหลังจากการเก็บตัวอย่างไรแล้วพบว่าการระบาดของไรทรอปิไลแลปส์ (*Tropilaelaps* sp.) ปริมาณค่อนข้างมากในจังหวัดน่านเมื่อเทียบกับไรวาร์ว (*Varroa destructor*) จากรายงานก่อนหน้านี้ทำให้ทราบว่าปัญหาไรผึ้งของแหล่งเลี้ยงผึ้งในภาคเหนือของประเทศไทยเกิดจากไรทรอปิไลแลปส์ (*Tropilaelaps* sp.) มากกว่าไรวาร์ว (*Varroa destructor*) (พงษ์เทพ, 2526)

การตรวจสอบหาการติดเชื้อไวรัส

จากการทดลองโดยใช้เทคนิค Reverse Transcription Polymerase Chain Reaction (RT-PCR) เพื่อตรวจหาการติดเชื้อไวรัสชนิดต่าง ๆ โดยใช้ไพรเมอร์ที่จำเพาะต่อเชื้อไวรัส 6 ชนิด ได้แก่ Acute bee paralysis virus (ABPV), Black queen-cell virus (BQCV), Chronic bee paralysis virus (CBPV), Deformed wing virus (DWV), Kashmir bee virus (KBV) และ Sacbrood virus (SBV) ทำการตรวจสอบในผึ้งที่ไม่แสดงอาการของโรคและทำการตรวจสอบแบบสุ่มเก็บตัวอย่างเพื่อสำรวจการกระจายของโรคที่เกิดจากเชื้อไวรัส จากการศึกษพบว่ามีการติดเชื้อ ABPV, DWV, KBV และ SBV แต่ไม่พบการติดเชื้อของ BQCV และ CBPV ในทุกตัวอย่างที่นำมาตรวจสอบ

Deformed wing virus (DWV) เป็นเชื้อไวรัสที่ทำให้แสดงอาการอย่างชัดเจน คือ ปีกของผึ้งตัวเต็มวัยจะมีลักษณะที่ผิดปกติไป นอกจากผึ้งพันธุ์แล้วยังมีรายงานการศึกษา DWV ในผึ้งชนิดอื่น

ด้วย (Genersch *et al.*, 2006) และผลที่ได้จากการทดลองนี้พบว่าตรวจพบ DWV มากที่สุดจากในจำนวนเชื้อไวรัส 6 ชนิดที่ทำการตรวจสอบทั้งในผึ้งพันธุ์ตัวเต็มวัยและตัวอ่อน และเป็นเชื้อไวรัสชนิดเดียวที่พบในทุกจังหวัด แต่พบปริมาณที่ไม่สูงมากต่างจากผลการศึกษาจากประเทศอื่น (Tentcheva *et al.*, 2004b; Berényi *et al.*, 2006) ซึ่งพบ DWV มากถึง 90% ส่วนผลจากการทดลองพบการติดเชื้อไวรัสในผึ้งพันธุ์ตัวเต็มวัยจำนวน 15 ฟาร์ม คิดเป็น 33% ของจำนวนฟาร์มทั้งหมด และพบการติดเชื้อในผึ้งพันธุ์ตัวอ่อนจำนวน 29 ฟาร์มคิดเป็น 63% ของจำนวนฟาร์มทั้งหมด และเมื่อนำผลลำดับเบสที่ได้จากการทดลองมาเปรียบเทียบกับลำดับในฐานข้อมูลพบว่ามีความเหมือนกับ DWV โดยเปอร์เซ็นต์ความเหมือนมีค่า 94% การตรวจพบการติดเชื้อ DWV ในระยะตัวอ่อนมากกว่าตัวเต็มวัยนี้แตกต่างจากผลการศึกษาของ Tentcheva *et al.* (2004a) ที่พบในระยะตัวเต็มวัยมากกว่าในตัวอ่อน แต่ผลการศึกษาที่ได้สอดคล้องกับการศึกษาก่อนหน้าที่แสดงให้เห็นว่าเชื้อไวรัสเพิ่มจำนวนได้ดีในระยะตัวอ่อน (Bailey and Woods, 1974) คล้ายกับเชื้อไวรัสชนิดอื่น เชื้อไวรัส DWV สามารถก่อโรคได้ในทุกระยะของการเจริญของผึ้งแต่ก็เพิ่มจำนวนในระยะดักแด้มากที่สุด (Chen *et al.*, 2005) อย่างไรก็ตามเซลล์เจ้าบ้าน (host) มักสูญเสียความแข็งแรงก่อนเชื้อไวรัสจะเพิ่มจำนวนให้เพียงพอต่อการติดเชื้อไปยังเซลล์อื่น และเนื่องจากการที่อัตราการเพิ่มจำนวนของเชื้อก่อโรคสูงส่งผลให้เกิดความรุนแรงของโรคมามากขึ้นจึงนำไปสู่การตายของเซลล์เจ้าบ้านได้ (Chen *et al.*, 2006a) ดังนั้นตัวอ่อนจึงอาจตายก่อนการเจริญเป็นตัวเต็มวัยดังผลที่ได้จากการทดลองซึ่งพบการติดเชื้อในระยะตัวอ่อนมากกว่าในระยะตัวเต็มวัย นอกจากนั้นผลที่ได้ยังมีความแตกต่างกันโดยบางจังหวัดพบถึง 90% (จังหวัดเชียงราย) ในขณะที่บางจังหวัดพบเพียง 12% (จังหวัดพะเยา) และสำหรับในจังหวัดลำพูนและแพร่ นั้น DWV เป็นเชื้อไวรัสชนิดเดียวที่มีการตรวจพบอีกด้วย อาจเป็นไปได้ว่าลักษณะทางสภาวะแวดล้อมส่งผลต่อการติดเชื้อไวรัส โดยบริเวณจังหวัดเชียงรายขณะเก็บตัวอย่างเป็นช่วงที่มีฝนตก ทำให้มีลักษณะอากาศและพื้นดินเปียกชื้น ซึ่งอาจเป็นตัวกระตุ้นให้เกิดการระบาดของโรคต่าง ๆ ได้ดีขึ้น

Acute bee paralysis virus (ABPV) ตรวจพบมากเป็นลำดับสองรองลงมาจาก DWV พบการติดเชื้อไวรัสในผึ้งพันธุ์ตัวเต็มวัยจำนวน 9 ฟาร์ม คิดเป็น 20% ของจำนวนฟาร์มทั้งหมด และพบการติดเชื้อในผึ้งพันธุ์ตัวอ่อนจำนวน 21 ฟาร์มคิดเป็น 46% ของจำนวนฟาร์มทั้งหมด และเมื่อนำผลลำดับเบสที่ได้จากการทดลองมาเปรียบเทียบกับลำดับในฐานข้อมูลพบว่ามีความเหมือนกับ Israel acute paralysis virus และเปอร์เซ็นต์ความเหมือนมีค่า 97% โดยทั่วไปเชื้อไวรัสชนิดนี้มักตรวจพบในผึ้งที่ไม่แสดงอาการ (Berényi *et al.*, 2006) จากผลการทดลองพบว่าในจังหวัดเชียงรายมีการตรวจพบ ABPV ในผึ้งพันธุ์ระยะตัวอ่อนของทุกฟาร์ม และบางจังหวัดไม่พบการติดเชื้อไวรัส (จังหวัดลำพูนและแพร่) คล้ายกับผลจากการตรวจสอบเชื้อไวรัส DWV ดังนั้นข้อมูลนี้จึงอาจ

สนับสนุนผลของลักษณะสภาพแวดล้อมที่แตกต่างกันในแต่ละพื้นที่ต่อการติดเชื้อหรือแพร่ระบาดของไวรัสได้

Sacbrood virus (SBV) ถูกตรวจพบเป็นลำดับที่สามรองลงมา จากการศึกษาก่อนหน้านี้มีการตรวจสอบการติดเชื้อของผึ้งพันธุ์ระยะตัวอ่อนในแถบแอฟริกาใต้ (Topley *et al.*, 2005) พบการติดเชื้อในตัวอย่างที่ไม่แสดงอาการได้ โดยใช้เทคนิค single multiplex RT-PCR สำหรับในประเทศไทยนั้นมียางานการพบเชื้อไวรัสชนิดนี้ในผึ้งโพรงที่เลี้ยงบนคอกขุยมะพร้าวและอ่างขาง (Areekul *et al.*, 1980) โดยเชื้อไวรัสที่ทำให้เกิดโรคแซคบรูคในผึ้งโพรงเป็นสายพันธุ์ที่ค่อนข้างแตกต่างจากเชื้อที่ก่อโรคในผึ้งพันธุ์ จึงได้มีการตั้งชื่อเชื้อไวรัสสายพันธุ์ใหม่ซึ่งก่อโรคในผึ้งโพรงว่า “ไทยแซคบรูคไวรัส” (Thai Sacbrood Virus, TSBV) (ทิพย์วดี, 2526) สำหรับในผึ้งพันธุ์นั้นมียางานเกี่ยวกับการสำรวจโรคจากเชื้อไวรัสชนิดนี้ค่อนข้างน้อย และผลจากการศึกษานี้พบการติดเชื้อไวรัสในผึ้งพันธุ์ตัวเต็มวัยจำนวน 2 ฟาร์ม คิดเป็น 4% ของจำนวนฟาร์มทั้งหมด และพบการติดเชื้อในผึ้งพันธุ์ตัวอ่อนจำนวน 5 ฟาร์มคิดเป็น 11% ของจำนวนฟาร์มทั้งหมด และเมื่อนำผลลำดับเบสที่ได้จากการทดลองมาเปรียบเทียบกับลำดับในฐานข้อมูลพบว่ามีความเหมือนกับ SBV และมีเปอร์เซ็นต์ความเหมือน 91% โดยการติดเชื้อตรวจพบเฉพาะใน 2 จังหวัด คือ จังหวัดลำปางและเชียงรายจากผลที่ได้แสดงให้เห็นว่าการระบาดของเชื้อไวรัสชนิดนี้ในช่วงของการสำรวจมีค่อนข้างน้อย อาจเนื่องจากลักษณะอาการเฉพาะตัวของโรคไวรัสชนิดนี้ ที่ค่อนข้างแสดงอาการให้เห็นอย่างชัดเจน ทำให้ผึ้งงานและเกษตรกรผู้เลี้ยงผึ้งสามารถพบและรักษาโรคแซคบรูคได้อย่างทันทั่วทั้งที่ โดยการแยกผึ้งที่เป็นโรคออกจากรังเพื่อทำลายทิ้ง จึงไม่เกิดการกระจายของโรคมักนัก

สำหรับ Kashmir bee virus (KBV) นั้น พบการติดเชื้อไวรัสในผึ้งพันธุ์ตัวเต็มวัยจำนวน 1 ฟาร์ม คิดเป็น 2% ของจำนวนฟาร์มทั้งหมด และพบการติดเชื้อในผึ้งพันธุ์ตัวอ่อนจำนวน 2 ฟาร์ม คิดเป็น 4% ของจำนวนฟาร์มทั้งหมด และเมื่อนำผลลำดับเบสที่ได้จากการทดลองมาเปรียบเทียบกับลำดับในฐานข้อมูลพบว่ามีความเหมือนกับ KBV และเปอร์เซ็นต์ความเหมือนมีค่า 96% จากการศึกษาทางลำดับเบสพบว่า KBV และ ABPV มีความคล้ายคลึงกันค่อนข้างสูง (de Miranda *et al.*, 2004) นอกจากนั้นมีการศึกษาเกี่ยวกับการแพร่กระจายของไวรัสชนิดนี้ และคาดว่าเกี่ยวข้องกับไรวาร์ว (Varroa destructor) (Chen *et al.*, 2004) เนื่องจากพบการติดเชื้อไวรัส KBV มากขึ้นเมื่อมีการตรวจพบจำนวนไรวาร์วมากขึ้นด้วย และผลการทดลองที่ได้จากการศึกษานี้พบว่า ตรวจพบการติดเชื้อของไวรัส KBV ในจังหวัดลำปางในฟาร์มที่มีจำนวนไรวาร์วค่อนข้างสูงเช่นกันเมื่อเปรียบเทียบกับจำนวนไรของจังหวัดหรือฟาร์มอื่นที่ไม่พบการติดเชื้อ แต่เมื่อทำการตรวจหาเชื้อไวรัส KBV ในไรวาร์วแต่ไม่พบการติดเชื้อไวรัสชนิดนี้ ซึ่งผลที่ได้แสดงให้เห็นถึงการถ่ายทอด

ไวรัสจากผึ้งผู้ผึ้งด้วยกันเอง และเป็นหลักฐานที่ช่วยสนับสนุนการวิจัยก่อนหน้านี้ (Chen *et al.*, 2006a; 2006b)

ด้านการศึกษาเกี่ยวกับ Chronic bee paralysis virus (CBPV) นั้น จากการวิจัยก่อนหน้านี้แสดงผลให้เห็นว่า CBPV เป็นเชื้อไวรัสที่พบได้น้อยในบางประเทศ เช่น ในประเทศฝรั่งเศสและออสเตรียมีการตรวจพบน้อยกว่า 10% ของตัวอย่างที่ตรวจสอบ (Berényi *et al.*, 2006; Tentcheva *et al.*, 2004b) ในขณะที่บางประเทศ ได้แก่ ประเทศอิตาลีมีการพบอย่างกว้างขวางถึง 60% ของตัวอย่างที่ตรวจสอบ (Antúnez *et al.*, 2005) สำหรับในประเทศไทยทางภาคเหนือจากการศึกษานี้ทำให้ทราบว่าไม่พบการติดเชื้อ CBPV ในทุกตัวอย่างที่ทำการตรวจสอบ รวมถึงจากการศึกษาก่อนหน้านี้ด้วยเทคนิค real time PCR ในไรวาร์วที่เก็บจากจังหวัดลำพูนในปีพ.ศ. 2548 พบการติดเชื้อไวรัสมากกว่า 1 ชนิด แต่ไม่พบ CBPV ในไรวาร์วเช่นกัน (Chantawannakul *et al.*, 2006) ดังนั้นอาจเป็นไปได้ว่าจังหวัดในบริเวณนี้ไม่มีการแพร่กระจายของไวรัสชนิดนี้

Black queen cell virus (BQCV) เป็นเชื้อไวรัสที่ทราบกันว่ามีความสัมพันธ์กับ *Nosema apis* (Bailey and Ball, 1991) และมีลักษณะเฉพาะตัวคือแสดงอาการทำให้ผนังเซลล์เกิดสีดำ จึงมีการตั้งชื่อตามลักษณะการก่อโรค สำหรับการทดลองนี้เมื่อทำการศึกษาแล้ว พบว่าไม่พบการติดเชื้อ BQCV เช่นเดียวกับ CBPV ซึ่งผลที่ได้แตกต่างจากการศึกษาในประเทศอื่น ๆ ที่พบการติดเชื้อบ้างประปราย (Antúnez *et al.*, 2006; Berényi *et al.*, 2006; Tentcheva *et al.*, 2004b)

และจากการศึกษาการติดเชื้อร่วมกันของเชื้อไวรัสหลายชนิดพบว่าการติดเชื้อร่วมกันของไวรัสสองชนิด คือ DWV และ ABPV ปริมาณ 17% ของตัวอย่าง การติดเชื้อร่วมกันของไวรัสสามชนิด 13% ของตัวอย่างและเชื้อไวรัสสี่ชนิด 4% ของตัวอย่าง โดยเชื้อไวรัสทั้งสี่ชนิดนี้ได้แก่ DWV, ABPV, SBV และ KBV พบทั้งสิ้นในตัวอย่างผึ้งพันธุ์ที่เก็บจากจังหวัดลำปางซึ่งเป็นแหล่งที่มีการถูกรบกวนโดยไรวาร์วในปริมาณสูงประมาณ 4.7 - 11.6% ซึ่งผลที่ได้แตกต่างจากการศึกษาในประเทศออสเตรียที่พบการติดเชื้อร่วมกันของไวรัสห้าชนิดคือ DWV, ABPV, BQCV, SBV และ CBPV แต่ไม่พบการติดเชื้อของไวรัส KBV ในตัวอย่างที่ทำการตรวจสอบ (Berényi *et al.*, 2006)

สำหรับการสำรวจไรทั้งสองชนิดนั้น พบว่าการกระจายตัวของไรชนิดใดชนิดหนึ่งในทุกจังหวัดและพบมากในจังหวัดลำปางและน่าน ส่วนในจังหวัดเชียงรายไม่พบไรวาร์วเลยขณะที่ทำการสำรวจ จากผลการทดลองแสดงให้เห็นว่ามีตัวอย่างผึ้งพันธุ์จำนวน 20 ฟาร์มจาก 46 ฟาร์ม หรือคิดเป็น 43% ที่ถูกรบกวนโดยไรวาร์วหรือไรทรอปิไลแลปส์และมี 15 ฟาร์มหรือคิดเป็น 33% ที่ถูกรบกวนจากไรทั้งสองชนิด และมีตัวอย่างผึ้งพันธุ์จำนวน 9 ฟาร์มที่ไม่พบไรแต่เมื่อทำการตรวจสอบในผึ้งพันธุ์พบการติดเชื้อไวรัส DWV หรือ ABPV หรือทั้งสองชนิด สำหรับการสำรวจในประเทศฝรั่งเศสนั้นตัวอย่างผึ้งพันธุ์ที่ไม่มีไรจะไม่พบการติดเชื้อไวรัสด้วย (Tentcheva *et al.*, 2004b) ดังนั้น

ผลการทดลองที่ได้จึงแสดงให้เห็นถึงการถ่ายทอดของเชื้อไวรัสนอกเหนือจากการมีโรเป็นพาหะได้ (Chen *et al.*, 2006a; 2006b) นอกจากนั้นมีตัวอย่างสิ่งพันธุ์จำนวน 8 ฟาร์มที่ไม่พบการติดเชื้อไวรัส เมื่อทำการทดสอบด้วยเทคนิค RT-PCR และมีตัวอย่างสิ่งพันธุ์จำนวน 2 ฟาร์มจากจังหวัดลำพูนและแพร่ที่ไม่พบโรคและการติดเชื้อไวรัส สำหรับฟาร์มที่พบการติดเชื้อโรคตัวอ่อนเน่ายุโรเปียนและโรคชอล์คบรูดซึ่งมีรายงานการตรวจพบเล็กน้อยก่อนหน้านี้ (Theantana and Chantawannakul, 2008) แต่ไม่พบความสัมพันธ์ที่เกี่ยวกับการเกิดโรคไวรัสในการทดลองนี้ และเมื่อนำตัวอย่างโรวาร์ร่วมมาตรวจหาการติดเชื้อไวรัสทั้ง 6 ชนิดเช่นเดียวกับสิ่งพันธุ์ โดยมีตัวอย่างที่สามารถนำมาทดสอบได้ 12 ตัวอย่าง เนื่องจากฟาร์มที่เหลือมีจำนวนโรวาร์ร่วมไม่เพียงพอต่อการทดสอบ พบการติดเชื้อเฉพาะ DWV โดยพบการติดเชื้อจำนวน 7 ตัวอย่าง คิดเป็น 58% ของตัวอย่างทั้งหมด และเมื่อนำผลของการตรวจพบการติดเชื้อไวรัส DWV ในตัวอย่างสิ่งพันธุ์และในโรวาร์ร่วมมาเปรียบเทียบกันโดยการนำมาวิเคราะห์ทางสถิติด้วยวิธี Chi square เพื่อศึกษาความถี่ของการพบการติดเชื้อไวรัสในสิ่งพันธุ์ตัวเต็มวัย สิ่งพันธุ์ตัวอ่อน และในโรวาร์ร่วม พบว่าในสิ่งพันธุ์ตัวเต็มวัยมีค่า $P = 1.000$ ในสิ่งพันธุ์ตัวอ่อนมีค่า $P = 0.248$ และโรวาร์ร่วมมีค่า $P = 0.564$ ซึ่งผลที่ได้มีค่า $P > 0.05$ ดังนั้นผลจากการทดลองนี้แสดงให้เห็นว่าความถี่ของการพบไวรัส DWV ในสิ่งพันธุ์ตัวเต็มวัย สิ่งพันธุ์ตัวอ่อน และโรวาร์ร่วมไม่แตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติที่ความเชื่อมั่น 0.05 โดยจากการศึกษาก่อนหน้านี้ทำให้ทราบว่าโรวาร์ร่วมมีความสัมพันธ์ในเชิงเป็นตัวพาหะนำพาอนุภาคไวรัสเข้าสู่สิ่ง (Ball, 1989) แต่สำหรับผลที่ได้จากการทดลองนั้นยังไม่สามารถอธิบายถึงความสัมพันธ์ระหว่างไวรัสและโรวาร์ร่วมได้อย่างชัดเจน อาจเนื่องมาจากจำนวนตัวอย่างที่นำมาทดลองน้อยเกินไป ทำให้ผลที่ออกมามีความคลาดเคลื่อนได้ อย่างไรก็ตามการทดลองนี้อาจแสดงให้เห็นถึงปัจจัยอื่นที่มีส่วนเกี่ยวข้องกับการถ่ายทอดของเชื้อไวรัส นอกเหนือจากโรวาร์ร่วม เช่น การถ่ายทอดเชื้อไวรัสแบบ horizontal transmission และ vertical transmission หรือทั้งสองแบบร่วมกัน การถ่ายทอดแบบ horizontal transmission นั้น เชื้อไวรัสสามารถถ่ายทอดเชื้อโดยตรงจากสิ่งตัวหนึ่งสู่สิ่งอีกตัวหนึ่งได้ผ่านทางสัมผัสและติดต่อกันระหว่างสิ่ง สำหรับการถ่ายทอดแบบ vertical transmission นั้น เชื้อไวรัสจะถูกส่งต่อจากแม่ไปสู่รุ่นลูก โดยอนุภาคไวรัสอาจอยู่บนผิวของไข่ (transovum transmission) หรืออยู่ในไข่ (transovarian transmission) (Chen *et al.*, 2006a; 2006b) ซึ่งทั้งสองวิธีเป็นการถ่ายทอดผ่านทางสิ่งสู่สิ่งโดยไม่ผ่านโรวาร์ร่วม ดังนั้นกลไกการถ่ายทอดดังกล่าวอาจเป็นปัจจัยหนึ่งที่ทำให้เกิดการติดเชื้อในสิ่งพันธุ์ในแหล่งที่ไม่พบการเข้าทำลายของโรวาร์ร่วมได้

การนำเทคนิคทางอณูชีววิทยาเข้ามาช่วยในการตรวจหาเชื้อไวรัสตัวอย่างเช่นการใช้เทคนิค RT-PCR นั้น มีความรวดเร็วและให้ผลที่แม่นยำ สำหรับผลจากการศึกษานี้ เป็นการทำการทดลองในตัวอย่างที่ไม่แสดงอาการของโรค ดังนั้นผลที่ได้คือช่วงสภาวะแฝงของโรคซึ่งอาจก่อให้เกิด

ความเสียหายแก่ผลผลิตได้ หากขาดการดูแลที่ดีรวมถึงสภาพแวดล้อมที่เอื้ออำนวยจะส่งผลให้เกิดการระบาดของโรคขึ้นมาได้ ข้อมูลที่ได้จากการศึกษานั้นสามารถป้องกันการกระจายของเชื้อไวรัสได้ โดยไม่ต้องรอให้เกิดการติดเชื้ออย่างรุนแรงจนแสดงอาการออกมา อีกทั้งผลที่ได้อาจทำให้เกิดความเข้าใจรูปแบบการกระจายตัวของเชื้อไวรัสของผึ้งพันธุ์ได้ในอนาคต



ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่
Copyright© by Chiang Mai University
All rights reserved