

Abstract

Project Code: MRG5580175

Project Title: Isolation and identification of microbiota in the midgut of a malaria vector, *Anopheles dirus* complex

Investigator: Wunrada Surat

E-mail Address: wunral@yahoo.com, fsciwrds@ku.ac.th

Project Period: 2 years

มาลาเรียมีสาเหตุมาจากการติดเชื้อพลาสมาเดียมซึ่งมียุงก้นปล่องในสกุล *Anopheles* เป็นพาหะนำโรค การแพร่ระบาดของโรคขึ้นกับหลายปัจจัย ซึ่งรวมถึงแบคทีเรียที่อาศัยในทางเดินอาหารส่วนกลางของยุงก้นปล่อง ในงานวิจัยนี้มีวัตถุประสงค์เพื่อตรวจสอบชนิดของแบคทีเรียที่อาศัยอยู่ในทางเดินอาหารของยุงก้นปล่อง 2 กลุ่ม คือ *Anopheles dirus* complex กับ *An. minimus* ซึ่งเป็นพาหะหลักที่พบในประเทศไทย จากการจำแนกเชื้อแบคทีเรียด้วยวิธีการแยกเชื้อบนอาหารสังเคราะห์ พบแบคทีเรีย 2 สกุล คือ *Bacillus* species และ *Staphylococcus* species ในทางเดินอาหารของ *An. scanloni* (*An. dirus* C) และพบแบคทีเรีย 5 สกุล คือ *Chryseobacterium*, *Enterobacter*, *Acinetobacter*, *Paenibacillus* และ *Cellulosimicrobium* ในทางเดินอาหารของยุง *An. minimus* แต่เมื่อตรวจสอบความหลากหลายของแบคทีเรียด้วยวิธี metagenomics สามารถตรวจสอบได้เฉพาะแบคทีเรียในทางเดินอาหารของยุง *An. minimus* เท่านั้น และพบแบคทีเรียทั้งหมด 61 สกุล ในจำนวนนี้มี 3 สกุลที่อาศัยอยู่ในทางเดินอาหารของยุงมากกว่า 10 % ของแบคทีเรียที่พบทั้งหมด ได้แก่ *Acinetobacter*, *Burkholderia* และ *Alcaligenes* แสดงให้เห็นว่าแบคทีเรียกลุ่มนี้สามารถเจริญได้ดีในทางเดินอาหารของยุง *An. minimus* ดังนั้น เราสามารถนำแบคทีเรียเหล่านี้ไปใช้ในการควบคุมการแพร่ระบาดของมาลาเรียได้ด้วยวิธี symbiotic control

คำสำคัญ: พาหะนำโรคมมาลาเรีย ทางเดินอาหารส่วนกลาง การศึกษาด้วยวิธี metagenomics พลาสมาเดียม

Malaria is caused by *Plasmodium* infection which mosquitoes in the genus *Anopheles* are malaria vectors. Many factors affect the transmission of malaria including bacteria in the midgut of the mosquitoes. In this research, we aimed to explore the bacterial diversity in the midgut of *Anopheles dirus* complex and *An. minimus* which are the main-malaria vectors in Thailand. The results of the culture-dependent method showed that the midgut of *An. scanloni* contained *Bacillus* species and *Staphylococcus* species. In the midgut of *An. minimus*, we found 5 bacterial genera; *Chryseobacterium*, *Enterobacter*, *Acinetobacter*, *Paenibacillus* and *Cellulosimicrobium*. For metagenomic study, only the amplification of *An. minimus* samples has been successful. A total of 61 genera were discovered. Of the 61, only 3 genera, *Acinetobacter*, *Burkholderia* and