

บทคัดย่อ

รหัสโครงการ: PDF/57/2544

ชื่อโครงการ: การคัดเลือกจุลินทรีย์สายพันธุ์ธรรมชาติที่มีประโยชน์จากระบบทางเดินอาหารกุ้งกุลาดำ

ชื่อนักวิจัย: นางสาวอำไพทิพย์ สุขหอม

ภาควิชาจุลชีววิทยา คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยสงขลานครินทร์ อำเภอหาดใหญ่ จังหวัดสงขลา

E-mail Address : ampaithip.s@psu.ac.th

ระยะเวลาโครงการ: 2 ปี +

ศึกษาจุลินทรีย์ในระบบทางเดินอาหารของกุ้งกุลาดำ 3 กลุ่มคือ กุ้งแข็งแรง กุ้งติดเชื้อแบคทีเรีย และไวรัส อย่างละ 13 ตัว พบว่าปริมาณแบคทีเรียทั้งหมดที่เจริญบนอาหาร Tryptic soy agar (TSA) และปริมาณเชื้อไวรัสที่เจริญบนอาหาร TCBS แตกต่างอย่างมีนัยสำคัญ ($P < 0.05$) ระหว่างกุ้งทั้งสามกลุ่ม ทั้งนี้พบว่ากุ้งที่ติดเชื้อไวรัสมีปริมาณแบคทีเรียและไวรัสทั้งหมดสูงกว่ากุ้งอีกสองกลุ่ม กล่าวคือมีปริมาณ 9.01 ± 0.45 และ $6.56 \pm 0.06 \log_{10} \text{ cfu/g}$ ตามลำดับ ส่วนกุ้งติดเชื้อแบคทีเรียมีปริมาณ 8.80 ± 0.30 และ $6.15 \pm 0.37 \log_{10} \text{ cfu/g}$ และกุ้งปกติมีปริมาณ 8.44 ± 0.32 และ $6.36 \pm 0.37 \log_{10} \text{ cfu/g}$ ตามลำดับ บนอาหาร TSA พบแบคทีเรีย 8 ชนิด ที่พบสูงสุด 3 อันดับแรกคือ *Micrococcus* spp., *Corynebacterium* spp. และ *Staphylococcus* spp. ชนิดอื่น ๆ ที่พบได้แก่ คือ *Bacillus* spp., *Enterobacter* spp., *E. coli*, *Flavobacterium* spp. และ *Vibrio* spp. จากการเทียบเคียงเฉพาะกลุ่ม *Vibrio* spp. จากอาหาร TCBS พบทั้งหมด 15 สปีชีส์ ที่พบสูงสุด 3 อันดับแรกคือ *V. cincinnatiensis*, *V. vulnificus* B₂ และ *V. carchariae* ส่วนชนิดอื่น ๆ ที่พบได้แก่ คือ *V. alginolyticus*, *V. cambellii*, *V. damsela*, *V. harveyi*, *V. logei*, *V. marinus*, *V. mediterranei*, *V. mimicus*, *V. natriegens*, *V. orientalis*, *V. pelagius* I และ *V. pelagius* II ส่วนการศึกษาชนิดของแบคทีเรียแลคติกจากระบบทางเดินอาหารของกุ้งกุลาดำที่เจริญบนอาหาร MRS โดยอาศัยความสัมพันธ์ทางวิวัฒนาการพบว่าส่วนใหญ่เป็นเชื้อในกลุ่ม *Enterococcus* spp.

เมื่อนำเชื้อที่แยกได้จากกุ้งกุลาดำไปทดสอบความสามารถในการยับยั้งเชื้อก่อโรคเรืองแสง *V. harveyi* พบว่ามีการยับยั้งจาก filamentous actinomycetes, lactic acid bacteria, *Bacillus* spp., และ *V. alginolyticus* แต่ไม่พบการยับยั้งจากยีสต์

จากการคัดเลือกจุลินทรีย์โปรไบโอติกด้วยการเลี้ยงกุ้งกุลาดำที่มีการเหนี่ยวนำให้เกิดโรคเรืองแสงด้วยอาหารที่ผสมเชื้อแบคทีเรียแลคติกและยีสต์พบว่า มีแบคทีเรียแลคติกจำนวน 4 สายพันธุ์ และยีสต์จำนวน 1 สายพันธุ์ ที่ทำให้กุ้งกุลาดำมีอัตราการรอดตายถึง 100%

การศึกษาในครั้งนี้ยืนยันได้ว่าระบบทางเดินอาหารของกุ้งกุลาดำมีเชื้อจุลินทรีย์ที่หลากหลายอาศัยอยู่ร่วมกัน และการเสริมจุลินทรีย์โปรไบโอติกที่เป็นประโยชน์ลงในอาหารเลี้ยงกุ้งสามารถช่วยให้กุ้งมีชีวิตรอดจากการรุกรานของเชื้อก่อโรคได้ดี

คำหลัก : กุ้งกุลาดำ จุลินทรีย์ประจำถิ่น โปรไบโอติกของกุ้ง

Abstract

Project Code : : PDF/57/2544

Project Title : Selection of beneficial microflora from digestive tracts of black tiger shrimps

Investigator : MS. Ampaitip Sukhoom

Department of Microbiology, Faculty of Science Prince of Songkla University, Hat Yai, Songkhla.

E-mail Address : ampaithip.s@psu.ac.th

Project Period : 2 years +

Microorganisms from digestive tracts of 3 groups of black tiger shrimps have been investigated from 13 each of healthy, bacterial and viral infected shrimps. The results showed that the total bacterial count TSA medium and the total vibrio count from TCBS medium were not significantly different ($P < 0.05$) between the three groups of shrimps. However, the highest number of both groups was found from viral infected shrimps; 9.01 ± 0.45 and $6.56 \pm 0.06 \log_{10}$ cfu/g, respectively. While in bacterial infected and healthy shrimps were 8.80 ± 0.30 , $6.15 \pm 0.37 \log_{10}$ cfu/g and 8.44 ± 0.32 , $6.36 \pm 0.37 \log_{10}$ cfu/g, respectively. Eight genus of bacteria were found from the TSA medium; *Bacillus* spp., *Corynebacterium* spp., *Enterobacter* spp., *E. coli*, *Flavobacterium* spp., *Micrococcus* spp., *Staphylococcus* spp. and *Vibrio* spp. There were 15 species of vibrios isolated from the TCBS medium; *V. cincinnatiensis*, *V. vulnificus* B₂, *V. carchariae*, *V. alginolyticus*, *V. cambellii*, *V. damsela*, *V. harveyi*, *V. logei*, *V. marinus*, *V. mediteranei*, *V. mimicus*, *V. natriegens*, *V. orientalis*, *V. pelagius* I and *V. pelagius* II. The phylogenetic tree based on 16S rDNA sequences showed that *Enterococcus* spp. was the dominant group of lactic acid bacteria in the digestive tracts of black tiger shrimps.

Microorganisms isolated from black tiger shrimps were tested for inhibition activity against *V. harveyi*, the causative agent of luminous disease. The inhibition activity was found from actinomycetes, lactic acid bacteria, *Bacillus* spp. and *V. alginolyticus* but not from yeast.

Selection of probiotic bacteria and yeast were conducted by mixing them with shrimp commercial feed for black tiger shrimps cultivation system. There were 4 and 1 isolates of lactic acid bacteria and yeast, respectively that shrimps could survive for 100% when *V. harveyi* was added for challenging.

This study confirmed that there were diverse species of microflora occupied in digestive tracts of black tiger shrimps and supplemented shrimp feed with beneficial probiotics could help shrimps to survive well from invasion of harmful bacteria.

Keywords : black tiger shrimp, normal flora, shrimp probiotics