

Abstract

Project Code: RSA 5280010

Project Title: Metagenomics of Microbes in Thai Bees

Investigator: Assistant Prof. Dr. Panuwan Chantawannakul *et al.*

E-mail Address: panuwan@gmail.com

Project Period: 3 years (March 2nd, 2009-March 2nd, 2012)

Keywords: Midgut bacteria, Nosema disease, new species of microbes

Insects are one of the unique habitats of microbes. Most studies have been focused on the microbial pathogens. However, in fact the microbes causing diseases in insects are in small proportion when compared to the non pathogens, the latter of which greatly benefits to insect host in various ways (e.g. food digestion and inhibit some pathogens). One of economic insects in Thailand is honey bee. In our region we have cultivated at least two species of honey bees (European honey bee (*Apis mellifera*) and cavity nesting Asian honey bee (*Apis cerana*)). Our study was to study the bacteria colonizing in the mid-gut of these two species of honey bees so as to apply this basic knowledge to beekeeping industry in the near future. The bacterial species present in different life stages, the *Gammaproteobacteria* were found to be common in all stages of both species of honey bees, but in addition, the *Firmicutes* group was found in the adult stage. Different location did not affect the bacterial communities found in the mid guts of honey bees. However, species of honey bees had different bacterial groups and the European honey bee had greater diversity of bacterial species than that of in cavity nesting Asian honey bee. We also investigated the *Nosema* that could infect the mid gut of honey bees (*A. mellifera*, *A. cerana*, *A. dorsta* and *A. florea*). *Nosema ceranae* were found to be a common parasite of all four species in Northern Thailand. During microbial diversity of honey bees, food sources and hive materials, we have proposed one new species of actinomyces (*Actinomadura apis*), and three species of yeast which were found in raw honeys (*Zygosaccharomyces siamensis* sp. nov, *Candida ludiana* sp. nov, and *Candida suthepensis* sp. nov.). From our assessment, Thai honeys were found to meet the international standards.

บทคัดย่อ

รหัสโครงการ อาร์เอสเอ 5280010
ชื่อโครงการ เมทาจีโนมิกส์ของจุลินทรีย์ในผึ้งของไทย
ชื่อนักวิจัย ภาณุวรรณ จันทวรรณกุลและคณะ
ระยะเวลาโครงการ 3 ปี ตั้งแต่วันที่ 2 มีนาคม 2553 ถึงวันที่ 2 มีนาคม 2554
คำหลัก แบคทีเรียในทางเดินอาหาร, โรคโนซิมา, จุลินทรีย์สปิชีส์ใหม่

แมลงเป็นหนึ่งในแหล่งอาศัยของจุลินทรีย์ โดยทั่วไปนิยมศึกษาจุลินทรีย์ก่อโรคในแมลงเศรษฐกิจต่างๆ กลุ่มจุลินทรีย์ก่อโรคในแมลงนั้นมีเพียงส่วนน้อยเท่านั้น และกลุ่มที่เหลือนั้นเป็นกลุ่มไม่ก่อโรค อีกทั้งมีความสัมพันธ์กับแมลงในเชิงบวก อาทิ ช่วย ย่อยอาหาร และสามารถควบคุมจุลินทรีย์ก่อโรคได้อีกด้วย หนึ่งในแมลงเศรษฐกิจที่สำคัญของไทยนั้นคือ ผึ้งเลี้ยง อันประกอบด้วยผึ้งสองชนิดคือ ผึ้งพันธุ์ และผึ้งโพรงที่มูลค่าทางเศรษฐกิจอย่างต่อเนื่องและมีแนวโน้มการส่งออกเพิ่มขึ้นทุกปี ซึ่งการศึกษาแบคทีเรียประจำถิ่นในทางเดินอาหารส่วนกลางผึ้งเลี้ยงจะเป็นข้อมูลสำคัญในการประยุกต์ใช้ในอุตสาหกรรมการเลี้ยงผึ้งต่อไป จากการศึกษาชุมชนชีพของแบคทีเรียที่ใช้เทคนิคระดับโมเลกุลจากผึ้งพันธุ์และผึ้งโพรงในแต่ละระยะของการเจริญ พบว่าชุมชนชีพแบคทีเรียกลุ่มประจำถิ่นในผึ้งเลี้ยงไทยทั้งสองชนิดคือ Gamma-proteobacteria ที่มีการเปลี่ยนแปลงของชุมชนชีพแบคทีเรียในระยะการเจริญเติบโตในผึ้งเลี้ยงทั้งสองชนิดโดยมีกลุ่ม Gamma-proteobacteria เป็นผึ้งประจำถิ่นและเมื่อเต็มวัยจะมีกลุ่ม Firmicutes เข้ามาอาศัยร่วมอยู่ด้วย นอกจากนี้ชุมชนชีพแบคทีเรียไม่มีความแตกต่างในระดับรังในสถานที่เดียวกัน แต่มีความแตกต่างในระดับสถานที่ ระยะการเจริญเติบโต และชนิดของผึ้ง โดยที่ผึ้งพันธุ์มีความหลากหลายของชุมชนชีพแบคทีเรียมากกว่าผึ้งโพรง ส่วนการศึกษาตรวจหาโรคโนซิมาในทางเดินอาหารส่วนกลางในตัวอย่างผึ้งพันธุ์ (*A. mellifera*) และผึ้งเอเชีย (ผึ้งโพรง (*A. cerana*) ผึ้งมัม (*A. florum*) และผึ้งหลวง (*A. dorsata*)) พบ *N. ceranae* เป็น microsporidian แต่ไม่พบ *N. apis* ในตัวอย่างผึ้งที่นำมาตรวจ นอกจากนั้น *N. ceranae* จัดเป็นปรสิตที่พบได้ทั่วไปในผึ้งพันธุ์ และผึ้งประจำถิ่นของภาคเหนือของไทย โดยพบว่าผึ้งป่ามีอัตราการติดเชื้อโรคโนซิมาต่ำกว่าผึ้งพันธุ์ในฟาร์ม นอกจากนั้นจากการศึกษาเชื้อจุลินทรีย์ที่อาศัยร่วมอยู่กับผึ้ง อาหาร ผึ้งและรังผึ้งได้พบความหลากหลายของเชื้อจุลินทรีย์สูง และพบเชื้อจุลินทรีย์ชนิดใหม่ คือ แอคติโนมัยซิฟไอโซเลท IM17-1^T ที่แยกได้จากรังผึ้งพันธุ์ สามารถที่จะจัดได้เป็นแบคทีเรียชนิดใหม่ (novel species) อยู่ในจีนัส *Actinomadura* โดยมีชื่อว่า *Actinomadura apis* sp. nov. และ เชื้อยีสต์ในน้ำผึ้งคือ *Zygosaccharomyces siamensis* sp. nov, *Candida ludiana* sp. nov, และ *Candida suthepensis* sp. nov. ทั้งนี้จากการศึกษาคุณสมบัติของน้ำผึ้งไทยพบว่าน้ำผึ้งไทยอยู่ในเกณฑ์ดีตามมาตรฐานสากล