บทคัดย่อ

รหัสโครงการ: RSA5680030

ชื่อโครงการ: ความสัมพันธ์ของเชื้อแบคทีเรียในระบบทางเดินอาหารและศักยภาพของยุงในการเป็น

พาหะของเชื้อไวรัสชิคุนกุนยา

ชื่อนักวิจัย: รองศาสตราจารย์ นายสัตวแพทย์ ดร.สนธยา เตียวศิริทรัพย์

หน่วยปรสิตวิทยา ภาควิชาพยาธิวิทยา คณะสัตวแพทยศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

E-mail Address: sonthaya.t@chula.ac.th, sonthayatiaw@hotmail.com ระยะเวลาโครงการ: วันที่ 17 มิถุนายน 2556 ถึงวันที่ 16 มิถุนายน 2559

ศึกษาความสัมพันธ์ของแบคทีเรียในระบบทางเดินอาหารส่วนกลางของยุงและศักยภาพของยุง ในการเป็นพาหะของเชื้อไวรัสชิคุนกุนยา ทำการศึกษาแบคทีเรียในทางเดินอาหารส่วนกลางของยุงลาย สวนที่ทำการเพาะเลี้ยงในห้องปฏิบัติการและยุงที่จับมาจากพื้นที่จังหวัดต่างๆ โดยวิธีทางแบคทีเรียและ อณูชีววิทยา แบคทีเรียที่พบในยุงลายสวนที่ทำการเพาะเลี้ยงในห้องปฏิบัติการ ได้แก่ Agrobacterium, Klebsiella, Micrococcus, Pandoraea, Pseudomonas และ Staphylococcus สำหรับแบคทีเรียที่พบใน ยุงที่จับมาจากพื้นที่จังหวัดต่างๆ ได้แก่ สิงห์บุรี ชุมพร และยะลา นั้นก็พบว่ามีจำนวนและความ หลากหลายเช่นเดียวกับยุงที่ทำการเพาะเลี้ยงในห้องปฏิบัติการ และทำการศึกษาการติดเชื้อไวรัสชิคุน กุนยาในยุงลายสวน โดยพบว่าร้อยละของการติดเชื้อในตัวยุง (infection) ในช่องว่างของร่างกายยุ่ง (dissemination) และในน้ำลายของยุง (transmission) เป็น 83%, 71% และ 42% หลังจากได้รับเชื้อใน ปริมาณ 10² CID₅₀/ml ร้อยละของการติดเชื้อในตัวยุง ช่องว่างของร่างกายยุง และน้ำลายของยุง เป็น 90%, 87% และ 70% หลังจากได้รับเชื้อในปริมาณ 10³ CID₅₀/ml ร้อยละของการติดเชื้อในตัวยุง ช่องว่างของร่างกายยุง และน้ำลายของยุง เป็น 100%, 100% และ 100% หลังจากได้รับเชื้อในปริมาณ 10⁴ CID₅₀/ml ร้อยละของการติดเชื้อในตัวยุง ช่องว่างของร่างกายยุง และน้ำลายของยุง เป็น 100%, 90% และ 90% หลังจากได้รับเชื้อในปริมาณ 10⁵ CID₅₀/ml และร้อยละของการติดเชื้อในตัวยุง ช่องว่าง ของร่างกายยุง และน้ำลายของยุง เป็น 100%, 100% และ 100% หลังจากได้รับเชื้อในปริมาณ 10⁶ CID₅₀/ml และได้ทำการศึกษาความแตกต่างของแบคทีเรียในทางเดินอาหารส่วนกลางของยุงที่ติดเชื้อ และไม่ติดเชื้อภายหลังจากที่ได้รับเชื้อไวรัสชิคุนกุนยาในปริมาณที่แตกต่างกัน จากการศึกษาพบว่า หลังจากที่ยุงได้รับเชื้อในปริมาณ $10^2~{
m CID}_{50}/{
m ml}$ นั้นพบว่ายุงที่มีการติดเชื้อไวรัสจะพบว่ามีแบคทีเรียสกุล Arthrobacter, Corynebacterium และ Staphylococcus ส่วนยุงที่ไม่มีการติดเชื้อไวรัสนั้นจะพบว่ามี แบคทีเรียสกุล Staphylococcus ในยุงได้รับเชื้อในปริมาณ 10³ CID₅₀/ml นั้นพบว่ายุงที่มีการติดเชื้อ ไวรัสจะพบว่ามีแบคทีเรียสกุล Acinetobacter ส่วนยุงที่ไม่มีการติดเชื้อไวรัสนั้นไม่พบว่ามีแบคทีเรีย ใน ยุงได้รับเชื้อในปริมาณ 10⁴ CID50/ml นั้นพบว่ายุงที่มีการติดเชื้อไวรัสจะพบว่ามีแบคทีเรียสกุล Staphylococcus ส่วนยุงที่ไม่มีการติดเชื้อไวรัสนั้นไม่พบว่ามีแบคทีเรีย ในยุงได้รับเชื้อในปริมาณ 10⁵ CID₅₀/ml นั้นพบว่ายุงที่มีการติดเชื้อไวรัสนั้นไม่พบว่ามีแบคทีเรีย ส่วนยุงที่ไม่มีการติดเชื้อไวรัสนั้น

พบว่ามีแบคทีเรียสกุล Corynebacterium และ Staphylococcus ในยุงได้รับเชื้อในปริมาณ 10⁶ CID₅₀/ml นั้นพบว่ายุงมีการติดเชื้อไวรัสจะพบว่ามีแบคทีเรียสกุล Moraxella, Sinomonas และ Staphylococcus ส่วนยุงที่ไม่มีการติดเชื้อไวรัสนั้นจะพบว่ามีแบคทีเรียสกุล Actinomyces, Brachybacterium และ Staphylococcus.

คำหลัก: ยุงพาหะนำโรค แบคทีเรียในระบบทางเดินอาหาร เชื้อไวรัสซิคุนกุนยา

Abstract

Project Code: RSA5680030

Project Title: Correlation between mosquito midgut microbiota and mosquito vector

competence for Chikungunya virus

Investigator: Associate Professor Dr. Sonthaya Tiawsirisup

Parasitology Unit, Department of Pathology, Faculty of Veterinary Science, Chulalongkorn

University

E-mail Address: sonthaya.t@chula.ac.th, sonthayatiaw@hotmail.com

Project Period: 17 June 2013 - 16 June 2016

The correlation between mosquito midgut microbiota and mosquito vector competence for Chikungunya virus (CHIKV) were investigated. Midgut microbiota of laboratory rearing and field collected Aedes albopictus were identified by using bacteriological and molecular Agrobacterium, Klebsiella, Micrococcus, Pandoraea, techniques. Pseudomonas, Staphylococcus were identified from laboratory rearing Ae. albopictus. Different bacterial genera were also identified from filed collected mosquitoes from Singha, Chumphon, and Yala province. CHIKV infection in Ae. albopictus were conducted in this study. Percent infection, dissemination, and transmission in Ae. albopictus were 83, 71, and 42%, respectively after taking the blood meal with 10² CID₅₀/ml of CHIKV. Percent infection, dissemination, and transmission in Ae. albopictus were 90, 87, and 70%, respectively after taking the blood meal with 10³ CID₅₀/ml of CHIKV. Percent infection, dissemination, and transmission in Ae. albopictus were 100, 100, and 100%, respectively after taking the blood meal with 10⁴ CID₅₀/ml of CHIKV. Percent infection, dissemination, and transmission in Ae. albopictus were 100, 90, and 90%, respectively after taking the blood meal with 10⁵ CID₅₀/ml of CHIKV. Percent infection, dissemination, and transmission in Ae. albopictus were 100, 100, and 100%, respectively after taking the blood meal with 10⁶ CID₅₀/ml of CHIKV. The differences of bacteria diversity between infected and non-infected Ae. albopictus were studied. After taking the blood meal with 102 CID50/ml of CHIKV, the midgut bacteria found in infected mosquitoes were Arthrobacter, Corynebacterium, and Staphylococcus and the midgut bacteria found in non-infected mosquitoes was Staphylococcus. After taking the blood meal with 10³ CID₅₀/ml of CHIKV, the midgut bacteria found in infected mosquitoes was Acinetobacter and no midgut bacteria was found in noninfected mosquitoes. After taking the blood meal with 10⁴ CID₅₀/ml of CHIKV, the midgut bacteria found in infected mosquitoes was Staphylococcus and no midgut bacteria was found in non-infected mosquitoes. After taking the blood meal with 10⁵ CID₅₀/ml of CHIKV, no midgut bacteria was found in infected mosquitoes and the midgut bacteria found in non-infected mosquitoes were Corynebacterium and Staphylococcus. After taking the blood meal with 106 CID₅₀/ml of CHIKV, the midgut bacteria found in infected mosquitoes were Moraxella, Sinomonas, and Staphylococcus and the midgut bacteria found in non-infected mosquitoes were Actinomyces, Brachybacterium, and Staphylococcus.

Keywords: Mosquito vector, Migut microbiota, Chikungunya virus