

บทบาทของแบคทีเรียร่วมอาศัยในแมลง
และแนวทางการประยุกต์ใช้เพื่อการควบคุมแมลงศัตรู
Role of Bacterial Symbionts in Insects
and its Application for Insect Pests Control

จรีมาศ วังศรี*

ภาควิชาเทคโนโลยีการเกษตร คณะวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี
มหาวิทยาลัยธรรมศาสตร์ ศูนย์รังสิต ตำบลคลองหนึ่ง อำเภอคลองหลวง จังหวัดปทุมธานี 12120

ยุพา หาญบุญทรง

สาขาชีววิทยา ภาควิชาพืชศาสตร์และทรัพยากรการเกษตร คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยขอนแก่น
ตำบลในเมือง อำเภอเมือง จังหวัดขอนแก่น 40002

Jureemart WangKeeree*

Department of Agricultural Technology, Faculty of Science and Technology,
Thammasat University, Rangsit Centre, Khlong Nueng, Khlong Luang, Pathum Thani 12120

Yupa Hanboonsong

Entomology Division, Faculty of Agriculture, Khon Kaen University,
Nai Muang, Muang, Khon Kaen 40002

บทคัดย่อ

แมลงหลายกลุ่มมีชีวิตร่วมกับแบคทีเรียที่อยู่ในลำตัว ซึ่งมีความสัมพันธ์ต่อกันหลายรูปแบบ ตั้งแต่อยู่ร่วมกันแบบพึ่งพาอาศัยอย่างถาวร จนถึงแบบภาวะปรสิต แบ่งเป็นสองกลุ่มหลัก คือ กลุ่มที่อยู่ในเซลล์และนอกเซลล์ของแมลง แบคทีเรียร่วมอาศัยภายในเซลล์แบ่งเป็น 2 ประเภท ได้แก่ ประเภทปฐมภูมิ คือแบคทีเรียที่อยู่เฉพาะในส่วน of bacteriome มีความจำเพาะกับกลุ่มหรือชนิดของแมลงอาศัย ความสัมพันธ์ร่วมกันแบบถาวรได้รับประโยชน์ร่วมกัน แบคทีเรียมีบทบาทในการสังเคราะห์สารอาหารที่สำคัญให้กับแมลง และประเภททุติยภูมิ คือแบคทีเรียที่อาศัยอยู่ส่วนอื่น ๆ เช่น ทางเดินอาหาร เนื้อเยื่อที่เกี่ยวข้องกับระบบสืบพันธุ์ ไม่มีความจำเป็นต่อการดำรงชีวิตของแมลง อาจให้ประโยชน์หรือบางชนิดเป็นปรสิต อีกกลุ่มหนึ่งคือแบคทีเรียที่อาศัยภายนอกเซลล์ โดยอาศัยอยู่บริเวณลำไส้ บทบาทที่สำคัญคือ การย่อยอาหาร สังเคราะห์สารอาหาร ขจัดสารพิษ ปัจจุบันมีการศึกษาแนวทางการใช้แบคทีเรียร่วมอาศัยเพื่อควบคุมแมลงศัตรู เช่น การทำลายแบคทีเรียที่ให้ประโยชน์กับแมลง ส่งผลให้แมลงมีอัตราการเจริญและสืบพันธุ์น้อยกว่าปกติ การใช้แบคทีเรีย *Wolbachia* ชักนำให้เกิดการความผิดปกติใน

ระบบสืบพันธุ์ มีผลทำให้อัตราการฟักของไข่ลดลง และการยับยั้งการถ่ายทอดเชื้อสาเหตุโรคในแมลงพาหะ โดยคัดแยกและดัดแปลงพันธุกรรมของแบคทีเรียร่วมอาศัย ให้เป็นตัวนำพาซึ่งสามารถทำลายหรือยับยั้งการเจริญของเชื้อสาเหตุโรคที่อยู่ในตัวแมลง

คำสำคัญ : แบคทีเรียร่วมอาศัย; แมลง; บทบาทของแบคทีเรียร่วมอาศัยในแมลง; การควบคุมโดยใช้แบคทีเรียร่วมอาศัย

Abstract

Many insect groups rely on bacteria that live inside their body and there are various types of relationships, these could be range from mutualism to parasitism. Generally, bacteria symbionts in insects divided into two groups including intracellular and extracellular. The intracellular bacteria live inside the host's cells and comprise with primary and secondary symbionts. Primary symbionts mean bacteria that live within specialized organ which called bacteriome. The kind of bacteria are specific with group or species of insect hosts and they are obligate mutualism association. The bacteria symbionts synthesis the essential nutrient for their hosts. Secondary symbionts are unlike primary, they live in another tissue such as in the gut or reproductive tissues. These bacteria symbionts are not required by insects, some groups benefit while some are parasites. Another one group is bacteria live outside insect cells; extracellular symbionts, they live in the gut or digestive tract of insect. Their roles are food digestion, provide nutrients, toxin detoxification. In recently, the application of bacterial symbionts for insect pests control has been investigated. For instance, disruption of the beneficial symbiont affect to reduction the host's growth and development, the using of *Wolbachia* to induce the reproductive abnormality results in unhatched egg. In addition, the prevention of insect-borne disease by isolation and culture the bacterial symbiont, then genetically modify to be a vehicle for introduce the toxic gene which destroy a pathogen inside the insect vector.

Keywords: bacteria symbionts; insects; role of symbionts in insects; symbiotic control

1. บทนำ

Symbiosis คือการอยู่ร่วมกันของสิ่งมีชีวิตต่างชนิดกันสองชนิด โดยมีความสัมพันธ์ซึ่งกันและกันต่อเนื่องโดยถาวร สิ่งมีชีวิตขนาดเล็กเรียกว่า “ผู้อาศัย (symbiont)” สิ่งมีชีวิตขนาดใหญ่เรียกว่า “ผู้ถูกอาศัย (host)” ลักษณะความสัมพันธ์ของการอยู่ร่วมกัน เช่น (1) การอยู่ร่วมกับแบบภาวะพึ่งพาอาศัย ได้ประโยชน์

ร่วมกันทั้งสองฝ่าย (mutualism) (2) การอยู่ร่วมกับแบบภาวะอิงอาศัย (commensalism) พึ่งพาอาศัยซึ่งกันและกัน โดยอีกฝ่ายหนึ่งได้รับประโยชน์และอีกฝ่ายหนึ่งไม่ได้หรือไม่เสียประโยชน์ และ (3) การอยู่ร่วมกันแบบอีกฝ่ายหนึ่งได้รับประโยชน์และอีกฝ่ายหนึ่งเป็นผู้เสียประโยชน์ (parasitism) แมลงมากกว่าครึ่งหนึ่งของจำนวนชนิดทั้งหมด มีการดำรงชีวิตอยู่ร่วมกับ

แบคทีเรียร่วมอาศัย (bacterial endosymbiont) ซึ่งหมายถึงแบคทีเรียที่อาศัยอยู่ภายในร่างกายหรือภายในเซลล์ของแมลงหลายชนิด มีความบทบาทสำคัญทั้งต่อการเจริญเติบโต การแพร่ขยายพันธุ์ การปรับตัวให้เข้ากับสภาพแวดล้อม โดยรูปแบบความสัมพันธ์ของแบคทีเรียร่วมอาศัยและแมลงนั้นมีหลากหลายรูปแบบเป็นไปทั้งอยู่กันแบบพึ่งพาอาศัยแบบถาวร จนถึงเป็นปรสิตคือทำให้เกิดโทษกับแมลง

แบคทีเรียร่วมอาศัยที่มีบทบาทสำคัญต่อการอยู่รอดและการดำรงชีวิตของแมลง ส่วนมากพบในแมลงที่กินอาหารจากแหล่งเดียวตลอดวงจรชีวิต เช่น คูดกินน้ำเลี้ยงจากพืช คูดกินเลือดเป็นอาหาร มักมีแบคทีเรียร่วมอาศัยที่ช่วยสังเคราะห์อาหารที่จำเป็นที่แมลงไม่ได้รับจากอาหารที่กินเข้าไป หรือแมลงที่กินเนื้อไม้เป็นอาหาร มีจุลินทรีย์ที่ช่วยในการย่อยอาหาร [1] นอกจากบทบาทด้านการสังเคราะห์และย่อยสารอาหารแล้ว ปัจจุบันได้มีการศึกษาวิจัยถึงบทบาทและความสัมพันธ์ของแบคทีเรียกับแมลงอาศัยในด้านอื่น ๆ มากขึ้น เช่น การช่วยให้แมลงอาศัยสามารถต้านทานต่อศัตรูธรรมชาติของเพลี้ยอ่อน [2] แบคทีเรียร่วมอาศัยที่มีบทบาทในการสร้างสารสีของลำตัว ซึ่งมีผลต่อการดึงดูดศัตรูธรรมชาติ [3] แบคทีเรียร่วมอาศัยทำให้แมลงสามารถปรับตัวในอุณหภูมิที่สูงขึ้นได้ดี [4] หรือแม้แต่ช่วยส่งเสริมประสิทธิภาพของการถ่ายทอดเชื้อสาเหตุโรคพืชของแมลงพาหะ [5] นอกจากนี้ยังหมายถึงกลุ่มเป็นปรสิต เช่น แบคทีเรีย *Wolbachia* ที่พบในแมลงมากกว่า 20 % ของจำนวนชนิดแมลงทั้งหมด สามารถชักนำให้เกิดความผิดปกติทางการสืบพันธุ์ [6] และมีการศึกษาถึงแนวทางการประยุกต์ใช้แบคทีเรียร่วมอาศัยในแมลงเพื่อนำมาควบคุมแมลงศัตรูที่สำคัญหลายชนิด โดยใช้ลักษณะความสัมพันธ์หรือบทบาทที่มีต่อแมลงอาศัย [7] ดังนั้นวัตถุประสงค์ในการเรียบเรียงบทความนี้เพื่อให้ทราบถึงชนิดและ

บทบาทความสัมพันธ์ของแบคทีเรียร่วมอาศัย รวมทั้งแนวทางการประยุกต์ใช้ซึ่งเป็นองค์ความรู้พื้นฐานที่สำคัญในการศึกษาเพื่อนำไปใช้ในการควบคุมแมลงต่อไป

2. ประเภทและบทบาทของแบคทีเรียร่วมอาศัยในแมลง

แบคทีเรียร่วมอาศัยในแมลง หมายถึงแบคทีเรียที่อยู่ภายในตัวแมลง แบ่งออกเป็นกลุ่มโดยใช้ตำแหน่งที่อยู่ ลักษณะความสัมพันธ์หรือบทบาทที่มีต่อแมลงอาศัย ซึ่งสามารถแบ่งได้ 2 กลุ่มหลัก คือแบคทีเรียร่วมอาศัยที่อยู่ภายในเซลล์หรือในเนื้อเยื่อ (intracellular symbiont) ซึ่งมีกลุ่มปฐมภูมิ (primary symbiont) และกลุ่มทุติยภูมิ (secondary symbiont) แบคทีเรียร่วมอาศัยอีกประเภทหนึ่งคืออาศัยอยู่นอกเซลล์ (extracellular symbiont) โดยอาศัยอยู่ตามช่องว่างลำตัว หรือภายในลำไส้ ทางเดินอาหาร ซึ่งมีทั้งอาศัยอยู่เป็นเซลล์อิสระ หรือยึดเกาะตามผนังของทางเดินอาหารอาจเรียกว่า gut symbiont หรือ gut microbe แต่ละกลุ่มมีความหลากหลายและมีบทบาทต่อแมลงดังต่อไปนี้

2.1 แบคทีเรียร่วมอาศัยภายในเซลล์ประเภทปฐมภูมิ

แบคทีเรียร่วมอาศัยประเภทปฐมภูมิ (primary symbiont, P-symbiont) อาศัยอยู่ในกลุ่มเซลล์ที่รวมตัวกันเป็นเนื้อเยื่อหรือเป็นโครงสร้างพิเศษที่เรียกว่า bacteriome (กรณีที่เป็นราเรียกส่วนนี้ว่า mycetome) ซึ่งแต่ละเซลล์ที่มารวมตัวกันนั้นเรียกว่า bacteriocyte ตำแหน่งและลักษณะโครงสร้างของ bacteriome แตกต่างกันไปขึ้นอยู่กับชนิดของแมลงอาศัย เช่น เพลี้ยไก่ฟ้า *Diaphorina citri* (Family Psyllidae) มีลักษณะของ bacteriome โครงสร้างลักษณะโค้งคล้ายอักษรตัว U สีเหลืองอยู่บริเวณช่อง

ท้อง (Fig. 1A) ในเพลี้ยจักจั่น *Cuerna sayi* (Family Cicadellidae) โครงสร้างมีลักษณะเป็นวงรี สีเหลือง ส้ม อยู่บริเวณช่องท้องทั้งสองข้างของแมลง (Fig. 1B)

เช่นเดียวกับเพลี้ยจักจั่น *Matsumurattetix hiroglyphicus* ที่มี bacteriome อยู่บริเวณส่วนท้อง ด้านข้างลำตัว (Fig. 1C)

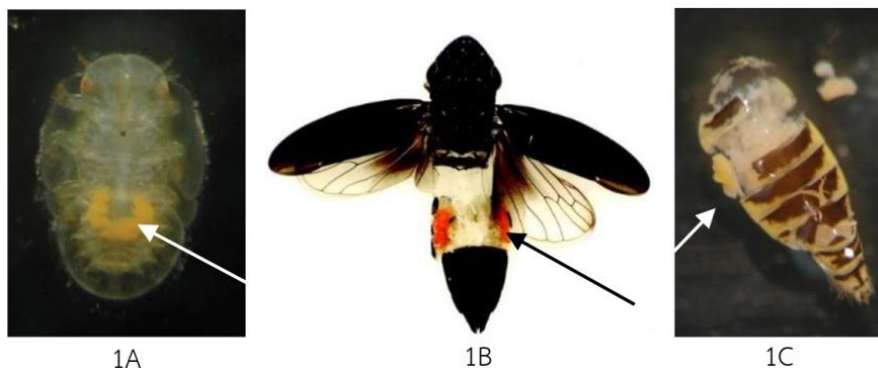


Figure 1 The localization and characteristic of bacteriome in insects (1A) Bacteriome of psyllid contains bacteria *Carsonella ruddii* [8] (1B) Bacteriome of sharpshooter *Cuerna sayi* contains two type of bacteria *Candidatus Sulcia muelleri* and *Baumannia cicadellinicola* [9] and (1C) Bacteriome of leafhopper *Matsumurattetix hiroglyphicus* contains two type of bacteria *Candidatus Sulcia muelleri* and BAMH (bacteria associated with *M. hiroglyphicus*)

ความสัมพันธ์ในการอยู่ร่วมกันระหว่างแมลงและ P-symbiont เป็นแบบภาวะพึ่งพาอาศัย (mutualism) หรืออาศัยอยู่ร่วมกันแบบถาวร (obligate symbiont) คือแบคทีเรียไม่สามารถแยกออกมาเพาะเลี้ยงได้ จำเป็นต้องอาศัยอยู่ในแมลงเท่านั้น แมลงจำเป็นต้องใช้สารอาหารบางอย่างที่แบคทีเรียสังเคราะห์ขึ้นมาในการเจริญเติบโตและการขยายพันธุ์ ซึ่งเป็นสารอาหารที่แมลงไม่สามารถสังเคราะห์เองได้และไม่ได้รับการกินอาหาร หากขาดแบคทีเรียประเภทนี้จะส่งผลต่อการเจริญเติบโตและการขยายพันธุ์ของแมลง ดังนั้นแมลงที่กินอาหารเพียงแหล่งเดียวตลอดวงจรชีวิตมักขาดความสมดุลหรือขาดสารอาหารบางอย่าง เช่น แมลงดูดกินน้ำเลี้ยงจากพืช (เช่น จักจั่น เพลี้ยจักจั่น เพลี้ยอ่อน เพลี้ยแป้ง) แมลงวันดูดกินเลือด ตัวงและมดที่กัดกินเศษไม้เป็น

อาหาร มักพบว่ามีแบคทีเรีย P-symbiont อาศัยร่วมอยู่ด้วย ซึ่งมีความจำเพาะเจาะจงกับกลุ่มหรือชนิดของแมลงอาศัย โดยมีต้นกำเนิดและวิวัฒนาการร่วมกันมาเป็นเวลายาวนาน สามารถถ่ายทอดจากแมลงรุ่นหนึ่งไปยังอีกรุ่นหนึ่งได้ (vertical transmission) โดยส่วนใหญ่เป็นการถ่ายทอดผ่านทางไข่ (transovarial transmission) ดังนั้นในแมลงที่พบว่า มี P-symbiont จะพบในระยะการเจริญเติบโตต่างๆ ตั้งแต่ไข่จนถึงตัวเต็มวัย [10-12]

เพลี้ยอ่อน (Family Aphididae) ซึ่งดูดกินน้ำเลี้ยงจากพืชและหลายชนิดเป็นแมลงพาหะนำเชื้อไวรัสสาเหตุโรคพืชที่สำคัญ มีส่วน bacteriome เป็นที่อยู่ของแบคทีเรียที่ชื่อว่า *Buchnera aphidicola* สามารถสังเคราะห์กรดอะมิโนที่จำเป็นให้กับเพลี้ยอ่อน ซึ่งไม่ได้รับการดูดกินน้ำเลี้ยงจากพืช ถ้าเพลี้ยอ่อน

ที่ขาดแบคทีเรียร่วมอาศัยชนิดนี้มีอัตราเจริญเติบโต และขยายพันธุ์ที่น้อยกว่าปกติหรือไม่มีการขยายพันธุ์เลย [13,14] ในแมลงวันเซทซี (Family Glossinidae) ซึ่งเป็นแมลงพาหะนำโรคเหงาหลับแอฟริกัน (African sleeping sickness) มีส่วนของ bacteriome เป็นที่อยู่อาศัยของแบคทีเรีย *Wigglesworthia glossinidia* ทำหน้าที่ในการสังเคราะห์สารอาหารจำพวกวิตามินให้กับแมลง ซึ่งเป็นวิตามินที่ไม่มีในเลือดที่แมลงดูดกินเข้าไป [15]

เพลี้ยจักจั่น (Family Cicadellidae) บางชนิดมีแบคทีเรียสองชนิดอาศัยอยู่และมีบทบาทต่างกัน เช่น เพลี้ยจักจั่น *Homalodisca coagulata* ส่วนของ

bacteriome มีแบคทีเรีย *Candidatus Sulcia muelleri* สามารถสังเคราะห์กรดอะมิโนบางตัวที่จำเป็นให้แก่เพลี้ยจักจั่น ซึ่งไม่ได้รับการดูดกินน้ำเลี้ยงจากพืช และมีแบคทีเรีย *Baumannia cicadellincola* สามารถสังเคราะห์วิตามินบางชนิดที่จำเป็น [16] หรือเพลี้ยจักจั่น *M. hiroglyphicus* พาหะนำโรคใบขาวอ้อยมีแบคทีเรีย *Ca. Sulcia muelleri* และ BAMH (bacteria associated with *M. hiroglyphicus*) อาศัยอยู่ในส่วนของ bacteriome [17] แบคทีเรียร่วมอาศัยประเภทนี้มีการรายงานในแมลงแต่ละกลุ่มและมีบทบาทหน้าที่แตกต่างกัน สรุปตัวอย่างใน Table 1

Table 1 Primary bacterial symbionts in insects and its function related with their hosts

Insects host common name (species name)	Name of symbiont	Class of microorganism	Symbiont's function ^{1/}	Ref.
aphid (<i>Acyrtosiphon pisum</i>)	<i>Buchnera aphidicola</i>	Gammaproteobacteria	synthesis amino acids	[13]
tsetse fly (<i>Glossina brevipalpis</i>)	<i>Wigglesworthia glossinidia</i>	Gammaproteobacteria	synthesis vitamin B	[15]
ant (<i>Camponotus floridanus</i>)	<i>Blochmannia floridanus</i>	Gammaproteobacteria	-	[18]
psyllids (<i>Pachypsylla venusta</i>)	<i>Carsonella ruddii</i>	Gammaproteobacteria	synthesis amino acids	[19]
whitefly (<i>Bemisia tabaci</i>)	<i>Portiera aleyrodidarum</i>	Gammaproteobacteria	synthesis amino acids	[20]
mealybug (<i>Planococcus citri</i>)	<i>Tremblaya princeps</i>	Betaproteobacteria	-	[21]
sharpshooter (<i>Homalodisca coagulata</i>)	<i>Ca. Sulcia muelleri</i>	Bacteroidetes	synthesis amino acids	[16]
	<i>Baumannia cicadellincola</i>	Gammaproteobacteria	synthesis vitamin	
spittlebugs (<i>Clastoptera arizonana</i>)	<i>Ca. Sulcia muelleri</i>	Bacteroidetes	synthesis amino acids	[22]
	<i>Ca. Zinderia insetticola</i>	Betaproteobacteria	synthesis amino acids	
cicadas (<i>Diceroprocta semicincta</i>)	<i>Ca. Sulcia muelleri</i>	Bacteroidetes	synthesis amino acids	[23]
	<i>Ca. Hodgkinia cicadicola</i>	Alphaproteobacteria	synthesis vitamin	
planthopper (<i>Hyalesthes obsoletus</i>)	<i>Ca. Sulcia muelleri</i>	Bacteroidetes	-	[24]
	<i>Ca. Vidania fulgoroideae</i>	Betaproteobacteria	-	
leafhopper (<i>Matsumuratettix hiroglyphicus</i>)	<i>Ca. Sulcia muelleri</i>	Bacteroidetes	-	[17]
	BAMH	Betaproteobacteria	-	
leafhopper (<i>Nephotettix cincticeps</i>)	<i>Ca. Sulcia muelleri</i>	Bacteroidetes	-	[25]
	<i>Ca. Nasuia deltocephalinicola</i>	Betaproteobacteria	-	

^{1/} the dash point (-) means the function of those endosymbionts in their insect hosts have not reported

2.2 แบคทีเรียร่วมอาศัยภายในเซลล์ประเภททุติยภูมิ

แบคทีเรียร่วมอาศัยภายในเซลล์ประเภททุติยภูมิ (secondary symbiont, S- symbiont) หมายถึงแบคทีเรียร่วมอาศัยที่อยู่ภายในเซลล์ของแมลง แต่ไม่ได้อยู่ในส่วนของ bacteriome โดยอาศัยอยู่ตามส่วนอื่น ๆ เช่น เนื้อเยื่อทางเดินอาหาร เนื้อเยื่อที่เกี่ยวข้องกับระบบสืบพันธุ์ บางครั้งอาจเรียกว่า facultative symbiont หรือ guest symbiont แบคทีเรียร่วมอาศัยประเภทนี้ไม่ได้จำเป็นต่อการเจริญหรือการสืบพันธุ์ของแมลงอาศัยเหมือนกับประเภทแรก แต่ลักษณะความสัมพันธ์มีหลายรูปแบบ สามารถเป็นไปทั้งได้รับประโยชน์ทั้งสองฝ่าย ฝ่ายใดฝ่ายหนึ่งได้รับประโยชน์ หรือได้รับประโยชน์เฉพาะแบคทีเรียแต่แมลงเป็นฝ่ายเสียประโยชน์ บางชนิดสามารถแยกออกมาเพาะเลี้ยงภายนอกตัวแมลงได้ หรือบางชนิดสามารถถ่ายทอดจากแมลงชนิดหนึ่งไปถึงแมลงชนิดหนึ่งได้ บางกรณีอาจถ่ายทอดจากรุ่นแม่ไปสู่รุ่นลูกได้ [1] แบคทีเรียร่วมอาศัยประเภทนี้อาจมีหรือไม่มี ความจำเพาะเจาะจงกับแมลง ขึ้นอยู่กับชนิดของแบคทีเรียและแมลง ซึ่ง S-symbiont บางชนิดสามารถพบได้ในแมลงหลายกลุ่ม ในขณะที่เดียวกัน S-symbiont บางชนิดไม่สามารถพบได้ในแมลงทุกตัวที่เป็นชนิดเดียวกัน แต่พบในบางกลุ่มของประชากรแมลงเท่านั้น

บทบาทของ S-symbiont เช่น ในเพลี้ยอ่อนมีแบคทีเรีย *Hamiltonella defensa* มีบทบาทสามารถเพิ่มความต้านทานต่อแตนเบียนที่เป็นแมลงศัตรูธรรมชาติของเพลี้ยอ่อน [2] แบคทีเรียร่วมอาศัย *Serratia symbiotica* ทำให้แมลงอาศัยสามารถปรับตัวหรือทนอยู่ในสภาพอากาศที่มีอุณหภูมิสูงขึ้น (heat stress) ได้ดี [4] แบคทีเรีย *Rickettsiella viridis* ที่พบในเพลี้ยอ่อนมีบทบาทในการสร้างสารสีใน

ตัวของแมลงอาศัย ซึ่งมีอิทธิพลต่อการดึงดูดหรือการเข้าหาของแมลงศัตรูธรรมชาติ [3] นอกจากบทบาทที่เกี่ยวข้องกับตัวแมลงอาศัยโดยตรงแล้ว แบคทีเรียร่วมอาศัยบางชนิดสามารถส่งเสริมความสามารถในการเป็นแมลงพาหะนำเชื้อสาเหตุโรคพืชได้อีกด้วย เช่น แบคทีเรีย *Hamiltonella* ในแมลงหริ่งขาว (*Bemisia tabaci*) biotype Q มีบทบาทส่งเสริมให้แมลงถ่ายทอดไวรัส (Tomato yellow leaf curl virus) สาเหตุโรคหงิกเหลืองมะเขือเทศได้มากขึ้น โดยแบคทีเรียส่งเสริมกระบวนการดูดรับเชื้อ การเพิ่มปริมาณเชื้อในตัวแมลง และเพิ่มประสิทธิภาพของแมลงในการถ่ายทอดไวรัสจากต้นพืชที่เป็นโรคไปสู่ต้นพืชปกติ [5]

บทบาทที่สำคัญของแบคทีเรียร่วมอาศัยประเภทนี้ต่อแมลงอาศัยที่ได้รับความสนใจและมีการศึกษาอย่างกว้างขวาง คือ การเป็นปรสิตทางการสืบพันธุ์ของแมลง (reproductive parasite) คือ ชักนำให้เกิดความผิดปกติทางการสืบพันธุ์ให้กับแมลงอาศัย ปัจจุบันมีรายงานคือแบคทีเรียในสกุล *Wolbachia*, *Spiroplasma*, *Rickettsia*, *Arsenophonus* และ *Cardinium* ซึ่งพบในแมลงหลายชนิด ส่วนใหญ่จะพบอยู่บริเวณเนื้อเยื่อที่เกี่ยวข้องกับระบบสืบพันธุ์ รูปแบบของความผิดปกติที่ชักนำโดยแบคทีเรียร่วมอาศัยจะแตกต่างกันไปตามชนิดของแบคทีเรียและชนิดของแมลงอาศัย คือ (1) แมลงเพศผู้ที่ตายก่อนที่จะพัฒนาเป็นตัวอ่อน (male killing) (2) แมลงส่วนใหญ่พัฒนาเป็นเพศเมีย (feminization) (3) เกิดการสืบพันธุ์หรือแมลงเพศเมียขยายพันธุ์ได้โดยไม่ต้องปฏิสนธิ (parthenogenesis) และ (4) การเข้ากันไม่ได้ของไซโทพลาสซึมของเซลล์สืบพันธุ์ทำให้เกิดการตายของเอ็มบริโอ (cytoplasmic Incompatibility, CI) [6,26,27] ตัวอย่างชนิดของแบคทีเรียร่วมอาศัยในกลุ่มของ S-symbionts และบทบาทต่อแมลงใน Table 2

Table 1 The secondary and extracellular symbionts in insects with their functions in insects hosts

Name of symbiont	Type of microorganism	Insect hosts	Interaction Types	Ref.
Intracellular (S-) symbiont				
<i>Wolbachia</i> spp.	Alphaproteobacteria	various insects	parasitic	[6]
<i>Rickettsia</i> sp.	Alphaproteobacteria	various insects	parasitic	[6]
<i>Cardinium hertigii</i>	Bacteroidetes	various insects	parasitic	[6]
<i>Arsenophonus nasoniae</i>	Alphaproteobacteria	Hymenoptera: Pteromalidae	parasitic	[6]
<i>Serratia symbiotica</i>	Alphaproteobacteria	aphids	increase heat tolerance of the host	[4]
<i>Regiella insecticola</i>	Alphaproteobacteria	aphids	increase heat tolerance of the host	[4]
<i>Hamiltonella defensa</i>	Gammaproteobacteria	aphids	protection host by against parasitoids	[2]
<i>Hamiltonella</i> sp.	Gammaproteobacteria	whiteflies	Increase vector competence	[5]
<i>Sodalis glossinidius</i>	Alphaproteobacteria	tsetse flies	Proposed to influence trypanosome infection	[7]
Extracellular symbiont				
<i>Rhodococcus rhodnii</i>	Actinomycetales	kissing bug (<i>Rhodnius prolixus</i>)	provide nutrients	[28]
<i>Burkholderia</i> sp.	Betaproteobacteria	Alydid bug (<i>Riptortus clavatus</i>)	Degradation of toxin	[29]
>300 species	Spirochetes, Fibrobacteres, Bacteroidetes, Firmicutes, Acidobacteria, Proteobacteria	termite: <i>Nasutitermes</i> species	Nutrient provisioning, N recycling, fixation, cellulose digestion, fermentation Produce detoxification	[30]
<i>Enterobacter agglomerans</i>	Gammaproteobacteria	fruit fly (<i>Rhagoletis pomonella</i>)		[31]

2.3 แบคทีเรียร่วมอาศัยภายนอกเซลล์

แบคทีเรียร่วมอาศัยภายนอกเซลล์ (extracellular symbiont, gut symbiont) อาศัยอยู่ในตัวแมลง แต่อยู่ข้างนอกเซลล์ มีการอยู่ร่วมกันอย่างถาวร แต่บางชนิดสามารถแยกออกเพาะเลี้ยงภายนอกได้ และสามารถแพร่กระจายในกลุ่มประชากรของแมลงชนิดเดียวกัน โดยการถ่ายทอดจากรุ่นหนึ่งไป

อีกรุ่นหนึ่ง ส่วนใหญ่เป็นแบคทีเรียที่อาศัยอยู่ในทางเดินอาหารของแมลง ดังนั้นอาจเรียกว่า gut symbiont หรือ gut microbe ซึ่งในแมลงส่วนใหญ่มีแบคทีเรียร่วมอาศัยในทางเดินอาหารเพียง 1-2 ชนิด ที่พบมากและมีบทบาทกับแมลง แต่ในบางชนิดมีแบคทีเรียร่วมอาศัยในลำไส้มากกว่า 300 ชนิด เช่น ในลำไส้ของปลวกหรือผึ้ง ตัวอย่างชนิดของแบคทีเรียร่วม

อาศัยกลุ่มนี้และบทบาทต่อแมลงใน Table 2

บทบาทของแบคทีเรียร่วมอาศัยประเภทนี้มีหลายรูปแบบ เช่น ในทางเดินอาหารของมวน *Rhodnius prolixus* (Family Reduviidae) มีแบคทีเรีย *Rhodococcus rhodnii* ทำหน้าที่สังเคราะห์สารอาหารที่จำเป็นให้กับแมลง มีความจำเป็นต่อการอยู่รอดและการเจริญเติบโตของแมลง การถ่ายทอดจากแมลงรุ่นหนึ่งไปอีกรุ่นหนึ่งได้ โดยแมลงเพศเมียที่วางไข่จะขับถ่ายมูลออกมาเพื่อเคลือบเปลือกไข่ ซึ่งมีแบคทีเรียชนิดนี้ปะปนอยู่ เมื่อตัวอ่อนฟักออกมาจะกินมูลของตัวแม่ ทำให้ได้รับแบคทีเรียร่วมอาศัยเข้าสู่ระบบทางเดินอาหาร ซึ่ง *R. prolixus* สามารถแยกออกมาเพาะเลี้ยงได้ ส่วนในทางเดินอาหารของมวน *Riptortus clavatus* (Family Alydidae) พบแบคทีเรียชนิด *Burkholderia* sp. มีบทบาทในการสังเคราะห์สารอาหารที่จำเป็นต่อการเจริญเติบโตของแมลง และขจัดสารพิษ (detoxification) จากสารเคมีฆ่าแมลงออกนอกร่างกาย ทำให้แมลงชนิดนี้สามารถสร้างความต้านทานต่อสารฆ่าแมลงได้ การแพร่กระจายตัวของแบคทีเรียร่วมอาศัยชนิดนี้ในประชากรของแมลงอาศัยไม่ใช่การถ่ายทอดจากรุ่นสู่รุ่น แต่มวน *R. clavatus* ในระยะตัวอ่อนจะได้รับแบคทีเรีย *Burkholderia* จากสิ่งแวดล้อม คือ ได้รับมาจากดินแล้วแบคทีเรียเข้าไปอยู่อาศัยในส่วนลำไส้ของแมลง [29] ตัวอย่างของแมลงที่มีแบคทีเรียร่วมอาศัยอยู่ในลำไส้หลายชนิด เช่น ในปลวกสกุล *Nasutitermes* มีแบคทีเรียร่วมอาศัยมากกว่า 300 ชนิด จัดอยู่ในกลุ่ม Spirochetes, Fibrobacteres, Bacteroidetes, Firmicutes, Acidobacteria, Proteobacteria และมีบทบาทที่หลากหลาย เช่น การสร้างเอนไซม์เพื่อช่วยย่อยอาหารที่ปลวกกินเข้าไป การสังเคราะห์สารอาหารที่จำเป็น หรือบางชนิดมีบทบาทในการจับไนโตรเจนจากอากาศ (nitrogen fixation)

และวิธีการนำกลับของไนโตรเจน (nitrogen cycling) ให้อยู่ในรูปแบบของกรดอะมิโนที่แมลงที่ใช้ประโยชน์ได้ [30] แมลงวันผลไม้เป็นแมลงอีกกลุ่มหนึ่งที่มีเชื้อแบคทีเรียอาศัยร่วมในทางเดินอาหารซึ่งมีหลากหลายชนิด และมีบทบาทต่างกันไปขึ้นอยู่กับชนิดของแมลงวันผลไม้และชนิดของแบคทีเรีย เช่น ในทางเดินอาหารของตัวหนอนแมลงวันชนิด *Rhagoletis pomonella* แบคทีเรียร่วมอาศัย *Enterobacter agglomerans* มีบทบาทในการย่อยสลายสารพิษ Phlorodzin ที่อยู่ในพืชอาหารซึ่งมีความเป็นพิษต่อตัวหนอน [31]

อย่างไรก็ตาม ที่กล่าวมาเป็นเพียงตัวอย่างบางส่วน การศึกษาถึงชนิดของแบคทีเรียร่วมอาศัยในทางเดินอาหารของแมลงในปัจจุบันนี้ยังมีอีกมากมายหลายชนิด ซึ่งยังมีอีกมากที่ไม่ทราบบทบาทหรือความสัมพันธ์กับแมลง

3. แนวทางการควบคุมแมลงศัตรูโดยใช้แบคทีเรียร่วมอาศัย

หลักการจัดการแมลงศัตรูที่มีประสิทธิภาพนั้นต้องใช้หลายวิธีร่วมกันหรือการจัดการแบบผสมผสาน (integrated pest management) เช่น การจัดการแบบชีววิธี การใช้พันธุ์พืชต้านทาน การเขตกรรม การใช้สารสกัดจากพืช และการใช้สารเคมีฆ่าแมลง ในขณะเดียวกันนักวิชาการก็ได้มีความพยายามในการพัฒนาวิธีการใหม่ๆ ขึ้นมา เพื่อให้การจัดการนั้นมีประสิทธิภาพมากยิ่งขึ้น สามารถลดความเสียหายที่เกิดจากแมลงศัตรูที่มีความสำคัญ และโดยเฉพาะเพื่อลดการใช้สารเคมีฆ่าแมลง ซึ่งการนำแบคทีเรียร่วมอาศัยเป็นอีกแนวทางหนึ่งที่กำลังพัฒนาเพื่อนำมาใช้ควบคุมแมลงศัตรู โดยเป็นการใช้แบคทีเรียและลักษณะความสัมพันธ์ที่มีต่อแมลงอาศัยชนิดนั้น แนวทางนี้เรียกว่า symbiotic control มีทั้งการใช้แบคทีเรียร่วมอาศัย

ภายในเซลล์ประเภทปฐมภูมิ ประเภททุติยภูมิ และแบคทีเรียที่อยู่ภายนอกเซลล์ แนวทางการประยุกต์ใช้สามารถแบ่งได้ 3 แนวทาง ดังนี้

3.1 การกำจัดหรือทำลายแบคทีเรียประเภท P-symbiont ในแมลง

เนื่องจากแบคทีเรียประเภทนี้มีความสัมพันธ์ในลักษณะที่ให้ประโยชน์ต่อแมลง คือ การสังเคราะห์สารอาหารที่จำเป็น ดังนั้นการทำลายหรือการยับยั้งการเจริญของแบคทีเรียจึงส่งผลต่ออัตราการเจริญเติบโต การแพร่ขยายพันธุ์ของแมลง เนื่องจากแบคทีเรียประเภทนี้ไม่สามารถแยกออกมาเพาะเลี้ยงได้ การทำลายแบคทีเรียจึงเป็นการใช้สารปฏิชีวนะบางชนิดเพื่อการจัดการแมลง ให้มีอัตราการขยายพันธุ์และการเจริญเติบโตที่ลดลง เป็นการลดประชากรของแมลงศัตรู อย่างไรก็ตาม การใช้สารปฏิชีวนะยังไม่ได้รับการยอมรับ เนื่องจากอาจเป็นอันตรายต่อมนุษย์และสิ่งแวดล้อมได้ [32] ดังนั้นการศึกษาวิจัยหาสารประกอบหรือแนวทางอื่น ๆ เพื่อใช้ในการทำลายแบคทีเรียร่วมอาศัย ก็อาจเป็นวิธีการหนึ่งที่น่าสนใจควบคุมแมลงในอนาคต

3.2 การชักนำให้เกิดการเข้ากันไม่ได้ของไซโทพลาสซึมโดยใช้แบคทีเรีย *Wolbachia*

เป็นแนวทางการใช้แบคทีเรียร่วมอาศัยประเภท S-symbiont แบคทีเรียชนิดนี้พบในแมลงหลาย ๆ อันดับ เช่น Coleoptera, Diptera, Hemiptera ส่วนใหญ่อาศัยอยู่บริเวณเนื้อเยื่อที่เกี่ยวข้องกับระบบสืบพันธุ์ทั้งแมลงเพศผู้และเพศเมีย มีการถ่ายทอดจากแมลงรุ่นหนึ่งไปอีกรุ่นหนึ่งโดยผ่านทางไข่ ด้วยความสามารถในการแพร่กระจายตัวตามธรรมชาติและเป็นปรสิตทางการสืบพันธุ์นี้เอง ทำให้ในปัจจุบันได้รับความสนใจและได้มีการนำมาประยุกต์เพื่อศึกษาหาแนวทางในการควบคุมประชากรของแมลงศัตรู โดยใช้สมบัติการทำให้เกิดลักษณะความ

ผิดปกติทางการสืบพันธุ์แบบการเข้ากันไม่ได้ของไซโทพลาสซึม ซึ่งเกิดจากคู่ผสมระหว่างแมลงเพศผู้ที่มีเชื้อ *Wolbachia* และแมลงเพศเมียที่ไม่มีเชื้อ *Wolbachia* ทำให้เกิดการตายของเอ็มบริโอหรือทำให้ไข่ไม่ฟัก เป็นผลมาความผิดปกติในระหว่างกระบวนการผสมของเซลล์สุจิและไข่ เช่น ในแมลงวันผลไม้ *Ceratitidis capitata* ซึ่งเป็นแมลงศัตรูพืชที่สำคัญทางเศรษฐกิจ เมื่อแมลงได้รับการถ่านโอนเชื้อ *Wolbachia* จากแมลงชนิดอื่นด้วยวิธีการ microinjection พบว่าเชื้อนี้สามารถอาศัยอยู่ในแมลงชนิดนี้ได้โดยมีการถ่ายทอดไปยังแมลงรุ่นลูก และสามารถชักนำให้เกิดการเข้ากันไม่ได้ของไซโทพลาสซึม ผลคือทำให้ไข่ที่ไม่ฟักถึง 100 % ซึ่งเกิดจากคู่ผสมของแมลงเพศผู้ที่ติดเชื้อและเพศเมียที่ไม่ติดเชื้อ *Wolbachia* ส่วนการผสมระหว่างแมลงเพศเมียที่ติดเชื้อกับเพศผู้ที่ไม่ติดเชื้อทำให้มีอัตราการฟักของไข่ปกติ แต่แมลงรุ่นลูกได้รับเชื้อ *Wolbachia* เช่นเดียวกับคู่ผสมระหว่างเพศผู้และเพศเมียที่ติดเชื้อ ซึ่งเป็นคุณลักษณะที่สำคัญทำให้ *Wolbachia* สามารถแพร่กระจายตัวเองเข้าไปในประชากรของแมลง [33]

ยุงลาย (*Aedes aegypti*) ซึ่งได้รับการถ่ายทอดเชื้อ *Wolbachia* จากยุงชนิด *A. albopictus* นอกจากสามารถชักนำให้เกิดการเข้ากันไม่ได้ของไซโทพลาสซึม ซึ่งนอกจากทำให้อัตราการฟักของไข่ลดลงกว่า 50 % แล้ว แบคทีเรีย *Wolbachia* ยังสามารถถ่ายทอดจากรุ่นหนึ่งไปยังอีกรุ่นหนึ่ง มากกว่า 20 รุ่น [34] และเมื่อไม่นานมานี้ยังพบว่า *Wolbachia* มีผลยับยั้งการเพิ่มปริมาณเซลล์ของไวรัส Dengue สาเหตุของโรคไข้เลือดออก รวมทั้งส่งผลต่อการลดประสิทธิภาพในการถ่ายทอด ไวรัสของยุงด้วย [35] ปัจจุบันการศึกษายังถึงขั้นตอนการทดลองปล่อยยุงที่ติดเชื้อ *Wolbachia* ออกสู่สภาพธรรมชาติในบางประเทศ เช่น บราซิล อินโดนีเซีย เวียดนาม จีน เพื่อ

ลดจำนวนประชากรยุงและลดการถ่ายทอดไวรัสสาเหตุของไข้เลือดออกด้วย

3.3 การดัดแปลงลักษณะทางพันธุกรรมของแบคทีเรียร่วมอาศัยเพื่อควบคุมการถ่ายทอดโรคของแมลงพาหะ

แนวทางนี้ได้มีการศึกษาเมื่อไม่นานมานี้เป็นการประยุกต์ใช้แบคทีเรียที่สามารถแยกออกมาเพาะเลี้ยงได้ เพื่อใช้ควบคุมการถ่ายทอดเชื้อสาเหตุโรคโดยแมลงพาหะ โดยการดัดแปลงลักษณะทางพันธุกรรม (genetically transform) ของแบคทีเรียร่วมอาศัยในแมลงพาหะ ขั้นตอน คือ การคัดแยกแบคทีเรียร่วมอาศัยออกมาเพาะเลี้ยง ดัดแปลงลักษณะทางพันธุกรรมส่งถ่ายยีนเป้าหมายที่สามารถทำลายหรือยับยั้งการเจริญเติบโตของเชื้อโรค (anti-pathogen) ใส่ในแบคทีเรียร่วมอาศัย แล้วนำ

แบคทีเรียที่มีการติดต่อพันธุกรรมใหม่นี้กลับเข้าไปในตัวแมลงพาหะ ยีนที่ติดต่อเข้าไปมีการแสดงออก โดยสามารถทำลายเชื้อสาเหตุของโรค ทำให้แมลงพาหะไม่สามารถถ่ายทอดเชื้อโรคนั้น ๆ ได้ (Fig. 2) ที่สำคัญแบคทีเรียดังกล่าวต้องสามารถถ่ายทอดไปในประชากรของแมลงพาหะตามธรรมชาติ เรียกวิธีการนี้ว่า paratransgenic insect ซึ่งเป็นการดัดแปลงพันธุกรรมของแบคทีเรียในตัวแมลง ไม่ใช้การดัดแปลงพันธุกรรมของแมลงโดยตรง [36] มีความเฉพาะเจาะจงกับชนิดของแมลงพาหะและแบคทีเรียร่วมอาศัย และที่อยู่อาศัยของแบคทีเรียในแมลงต้องเป็นที่อาศัยของเชื้อสาเหตุโรค ซึ่งต้องมีการศึกษามาอย่างละเอียดแล้วจึงสามารถคัดเลือกชนิดของแบคทีเรียนั้นมาดัดแปลงพันธุกรรมได้

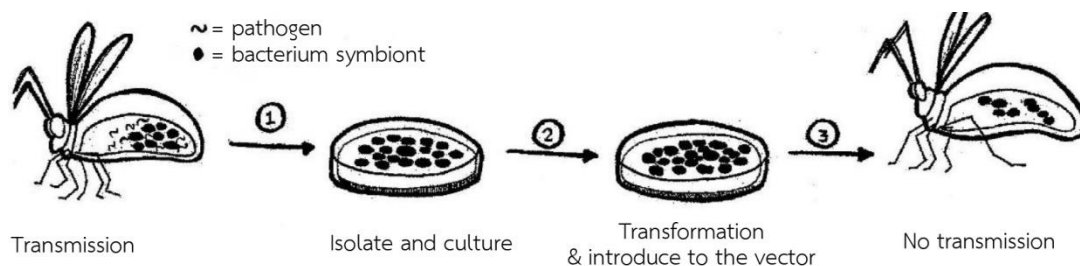


Figure 2 The step of symbiotic control via paratransgenesis approach (1) isolate and culture the selected bacterial symbiont from the insect vector, which must present in the same niche with the pathogen. (2) Transform the gene code that express to anti-pathogen into bacterial symbiont. (3) Introduce the transformed bacteria to the insect vector, which can be replicate, stable colonization, has gene expression and transmit into wild type of insect population [36].

วิธีการนี้มีการศึกษาและประสบความสำเร็จแล้วในระดับห้องปฏิบัติการ ในแมลงพาหะนำโรคที่สำคัญมาสู่มนุษย์ คือ มวน *R. prolixus* ซึ่งดูดเลือดกินเป็นอาหาร และเป็นพาหะนำเชื้อโปรโตซัวชนิด *Trypanosoma cruzi* ก่อให้เกิดโรคอเมริกัน-

ทริพานโนโซม หรือโรคชากาส (American trypanosomiasis/Chagas' disease) เป็นโรคที่พบและระบาดในทวีปอเมริกาเหนือและใต้ ในแมลงชนิดนี้แบคทีเรียร่วมอาศัยชนิด *R. rhodnii* อาศัยอยู่ในลำไส้ ซึ่งจัดเป็นแบคทีเรียที่อาศัยอยู่ภายนอกเซลล์ สามารถ

แยกออกมาเพาะเลี้ยงได้ และนำมาดัดแปลงพันธุกรรม โดยส่งถ่ายยีนของ cecropin A ซึ่งเป็นเปปไทด์ที่ออกฤทธิ์ต้านจุลชีพ (antimicrobial peptides) มีสมบัติในการทำลายเชื้อสาเหตุของโรค เข้าไปในแบคทีเรีย *R. rhodnii* แล้วนำเข้าไปในตัวแมลงพาหะ ยีนของ cecropin A ในแบคทีเรียร่วมอาศัยมีการแสดงออกสามารถทำลายเชื้อสาเหตุโรคและลดปริมาณของเชื้อ *T. cruzi* ที่อยู่บริเวณลำไส้ของแมลงได้ ซึ่งแบคทีเรียชนิดนี้สามารถแพร่กระจายไปในประชากรของมวนได้เอง โดยที่ตัวอ่อนของมวนชนิดนี้เมื่อฟักออกมาจากไข่จะกินมูลของตัวแม่ที่ถ่ายไว้เป็นอาหาร ซึ่งมีแบคทีเรีย *R. rhodnii* ผสมอยู่ [28,36-38]

แนวทางของ paratransgenic insect นี้ นับเป็นวิธีการควบคุมแมลงแบบใหม่ ยังไม่มีการนำมาทดลองใช้ในภาคสนาม อย่างไรก็ตาม การศึกษาและค้นคว้าวิจัยนี้อาจนำไปสู่การควบคุมแมลงศัตรูที่สำคัญในอนาคต หากมีการรับรองถึงความปลอดภัยและผลกระทบต่อสิ่งแวดล้อม ซึ่งในปัจจุบันแนวทางนี้มีการศึกษาในแมลงพาหะนำโรคที่สำคัญที่เกิดกับมนุษย์ เช่น โรคแอฟริกันทริพาโนโซมหรือโรคแอฟริกันเหงาหลับ (African trypanosomiasis/sleeping sickness) ซึ่งพบได้ในตอนใต้ของทวีปแอฟริกา เกิดจากเชื้อสาเหตุโปรโตซัว *Trypanosoma brucei* และมีแมลงวันเซทซี (*Glossina* spp.) ที่ดูดกินเลือดคนเป็นพาหะนำโรค การคัดแยกแบคทีเรีย *Sodalis glossinidius* ซึ่งเป็นแบคทีเรียร่วมอาศัยภายในเซลล์ที่อยู่บริเวณลำไส้ในตัวแมลงพาหะ มาเพาะเลี้ยงและดัดแปลงโดยส่งถ่ายยีนที่สามารถทำลายเชื้อ *T. brucei* ในตัวของแมลงพาหะได้ [39,40] การคัดแยกเพาะเลี้ยงและดัดแปลงพันธุกรรมของแบคทีเรียร่วมอาศัยสกุล *Asaia* ที่อยู่ในยุงก้นปล่อง (*Anopheles stephensi*) พาหะนำเชื้อ *Plasmodium vivax* สาเหตุโรคไข้มาลาเรีย [41] หรือในแมลงพาหะนำเชื้อ

สาเหตุโรคพืช เช่น การคัดแยกแบคทีเรียร่วมอาศัย *Alcaligenes xylosoxidans* จากเพลี้ยจักจั่น *H. coagulata* เป็นแมลงพาหะนำแบคทีเรีย *Xylella fastidiosa* สาเหตุโรค Pierce's disease ขององุ่นในประเทศสหรัฐอเมริกา [42,43] แต่ในเพลี้ยจักจั่น *Scaphoideus titanus* พาหะนำเชื้อไฟโตพลาสมาสาเหตุของโรคในองุ่นในแถบยุโรป มีการถ่ายโอนแบคทีเรีย *Asaia* สายพันธุ์ที่คัดแยกจากยุงเข้าไปในเพลี้ยจักจั่น ซึ่งแบคทีเรีย *Asaia* ที่ถ่ายโอนนี้สามารถเข้าไปและอาศัยในเพลี้ยจักจั่นซึ่งเป็นแมลงอาศัยชนิดใหม่ได้ [44]

4. สรุป

แบคทีเรียเป็นจุลินทรีย์ที่สามารถอาศัยอยู่ได้เกือบทุก ๆ ที่ รวมทั้งอาศัยอยู่ในแมลง และเนื่องจากแมลงเป็นสัตว์ที่มีจำนวนชนิดมากที่สุดในโลก ดังนั้นแบคทีเรียที่อาศัยอยู่ในแมลงจึงมีความหลากหลาย มีบทบาทและความสัมพันธ์กับแมลงได้หลายรูปแบบ เช่นเดียวกัน บทบาทของแบคทีเรียร่วมอาศัยในด้านที่เป็นประโยชน์กับแมลง เช่น การสังเคราะห์สารอาหาร การย่อยสลายอาหารที่แมลงกิน การทำให้แมลงสามารถต้านทานต่อศัตรูธรรมชาติได้มากขึ้น หรือในด้านที่เป็นโทษ คือ แบคทีเรียกลุ่มที่อยู่อาศัยแบบปรสิตทำให้เกิดความผิดปกติทางด้านการแพร่ขยายพันธุ์ของแมลง อย่างไรก็ตาม เมื่อเทียบกับจำนวนชนิดของแมลงทั้งหมดแล้ว การศึกษาถึงแบคทีเรียร่วมอาศัยถือว่ายังมีอยู่น้อยมาก ซึ่งเป็นส่วนที่น่าสนใจให้นักวิทยาศาสตร์ได้ศึกษา โดยเฉพาะในแมลงศัตรูที่มีความสำคัญก่อให้เกิดความเสียหายกับมนุษย์ สัตว์หรือพืช ซึ่งแบคทีเรียบางชนิดนั้นมีความจำเพาะกับชนิดของแมลงอาศัย ทำให้มีการพบชนิดและบทบาทของแบคทีเรียใหม่ ๆ อยู่ตลอด นอกจากเป็นการสร้างองค์ความรู้ความเข้าใจเกี่ยวกับบทบาทของแบคทีเรีย

ต่อการดำรงชีวิตของแมลงแล้ว ยังสามารถต่อยอดนำมาศึกษาเพื่อพัฒนาหาแนวทางในการควบคุมแมลงศัตรูได้

5. รายการอ้างอิง

- [1] Bourtzis, K. and Miller, T.A., 2003, Insect Symbiosis, CRC Press, Boca Raton, FL. 347p.
- [2] Oliver, K.M., Russell, J.A., Moran, N.A. and Hunter, M.S., 2003, Facultative bacterial symbionts in aphids confer resistance to parasitic wasps, Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. 100: 1803-1807.
- [3] Tsuchida, T., Koga, R., Horikawa, M., Tsunoda, T., Maoka, T., Matsumoto, S., Simon, J.C. and Fukatsu, T., 2010, Symbiotic bacterium modifies aphid body color, Science 330: 1102-1104.
- [4] Russell, J.A. and Moran, N.A., 2006, Costs and benefits of symbiont infection in aphids: Variation among symbionts and across temperatures, Proc. R. Soc. B. 273: 603-610.
- [5] Su, Q., Pan, H., Liu, B., Chu, D., Xie, W., Wu, Q., Wang S., Xu, B. and Zhang, Y., 2013, Insect symbiont facilitates vector acquisition, retention, and transmission of plant virus, Sci. Rep. 3, 1367.
- [6] Zchori-Fein, E., Perlman, S., Kelly, S., Katzir, N. and Hunter, M., 2004, Characterization of a "Bacteroidetes" symbiont in *Encarsia* wasps (Hymenoptera: Aphelinidae): proposal of "*Candidatus* Cardinium hertigii", Int. J. Syst. Evol. Microbiol. 54: 961-968.
- [7] Sanchez-Contreras, M. and Vlisidou, I., 2008, The diversity of insect-bacteria interactions and its applications for disease control, Biotechnol. Genet. Eng. Rev. 25: 203-43.
- [8] Moran, N.A., 2006, UA Researchers Find Smallest Cellular Genome, Available Source: <https://uanews.arizona.edu/story/ua-researchers-find-smallest-cellular-genome>, 15 January 2015.
- [9] Rakitov, R. and Takiya, D., 2007, Symbiosis as an Adaptive Process and Source of Phenotypic Complexity, Available Source: <http://www.nap.edu/read/11790/chapter/13>, 15 January 2015.
- [10] Baumann, P., 2005, Biology of bacteriocyte-associated endosymbionts of plant sap-sucking insect, Annu. Rev. Microbiol. 59: 155-189.
- [11] Moran, N.A., Dale, C., Dunbar, H., Smith, W.A. and Ochman, H., 2003, Intracellular symbionts of sharpshooters (Insecta: Hemiptera: Cicadellinae) form a distinct clade with a small genome, Environ. Microbiol. 2: 116-126.
- [12] Gil, R., Latorre, A. and Moya, A., 2004, Bacterial endosymbionts of insects: insights from comparative genomeics, Environ. Microbiol. 6: 1109-1122.
- [13] Douglas, A.E., 1989, Mycetocyte symbiosis in insects, Biol. Rev. Camb. Philos. Soc.

- 64: 409-434.
- [14] Douglas, A.E., 1998, Nutritional interactions in insect-microbial symbioses: Aphids and their symbiotic bacteria Bunchnera, Annu. Rev. Entomol. 43: 17-37.
- [15] Aksoy, S., 1995, *Wigglesworthia* gen. nov. and *Wigglesworthia glossinidia* sp. nov., taxa consisting of the mycetocyte-associated, primary endosymbionts of tsetse flies, Int. J. Syst. Bacteriol. 45: 848-851.
- [16] Wu, D., Daugherty, S.C., van Aken, S.E., Pai, G.H., Watkins, K.L., Khouri, H., Tallon, L.J., Zaborsky, J.M., Dunbar, H.E., Tran, P.L., Moran, N.A., Eisen, J.A., 2006, Metabolic complementarity and genomics of the dual bacterial symbiosis of sharp-shooter, PLOS biology 4: 1079-1086.
- [17] Wangkeeree, J., Miller, T. A. and Hanboonsong, Y., 2012, Candidates for symbiotic control of sugarcane white leaf disease, Appl. Environ. Microbiol. 78: 6804-6811.
- [18] Zientz, E., Beyaert, I., Gross, R. and Feldhaar, H., 2006. Relevance of the endosymbiosis of *Blochmannia floridanus* and carpenter ants at different stages of the life cycle of the host, Appl. Environ. Microbiol. 72: 6027-6033.
- [19] Thao, M., Moran, N.A., Abbot, P., Bennan, E. B., Burckhardt, D.H. and Baumann, P., 2000, Cospeciation of psyllids and their primary prokaryotic endosymbionts, Appl. Environ. Microbiol. 66: 2898-2905.
- [20] Jiang, Z.F., Xia, F., Johnson, K.W., Bartom, E., Tuteja, J.H., Stevens, R., Grossman, R.L., Brumin, M., White, K.P. and Ghanim, M., 2012, Genome sequences of the primary endosymbiont "*Candidatus Portiera aleyrodidarum*" in the whitefly *Bemisia tabaci* B and Q biotypes, J. Bacteriol. 194: 6678-6679.
- [21] Baumann, L. and Baumann, P., 2005, Cospeciation between the primary endosymbionts of mealybugs and their hosts, Curr. Microbiol. 50: 84-87.
- [22] McCutcheon, J.P. and Moran, N.A., 2010, Functional convergence in reduced genomes of bacterial symbionts spanning 200 My of evolution, Genome Biol. Evol. 2: 708-718.
- [23] McCutcheon, J.P., McDonald, B.R. and Moran, N.A., 2009, Origin of an alternative genetic code in the extremely small and GC-rich genome of a bacterial symbiont, PLoS Genet. 5: 1-11.
- [24] Gonella, E., Negri, J., Marzorati, M., Sacchi, M.L., Pajoro, M. and Daffonchio, D., Bacterial endosymbiont localization in *Hyalesthes obsoletus*, the insect vector of Bois Noir in *Vitis vinifera*, Appl. Environ. Microbiol. 77: 1423-1435.
- [25] Noda, H., Watanabe, K., Kawai, S., Yukuhiro, F., Miyoshi, T., Tomizawa, M., Koizumi, Y., Nikoh, N., Fukatsu, T., 2012,

- Bacteriome-associated endosymbionts of the green rice leafhopper *Nephotettix cincticeps* (Hemiptera: Cicadellidae), Appl. Entomol. Zool. 47: 217-225.
- [26] O'Neill, S.L., Giordano, R. A.M., Colbert, E. and Karr, T.L., 1992, 16S rRNA phylogenetic analysis of the bacterial endosymbionts associated with cytoplasmic incompatibility in insects, PNAS. 89: 2699-2702.
- [27] Stouthamer, R., Breeuwer, J.A. and Hurst, G.D., 1999, *Wolbachia pipientis*: microbial manipulator of arthropod reproduction, Ann. Rev. Microbiol. 53: 71-102.
- [28] Beard, C.B., Mason, P.W., Aksoy, S., Tesh, R.B. and Richards, F.F., 1992, Transformation of an insect symbiont and expression of a foreign gene in the Chagas disease vector *Rhodnius prolixus*, Am. J. Trop. Med. Hyg. 46: 195-200.
- [29] Kikuchi, Y., Hayatsu, M., Hosokawa, T., Nagayama, A., Tago, K. and Fukatsu, T., 2012, Symbiont-mediated insecticide resistance, Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. 109: 8618-8622.
- [30] Engel, P. and Moran, N.A., 2013, The gut microbiota of insects-diversity in structure and function, FEMS Microbiol. Rev. 37: 699-735.
- [31] Lauzon, C.R., Sarah, E.P. and Ronald, J.P., 2003, Degradation and detoxification of the dihydrochalcone phloridzin by *Enterobacter agglomerans*, a bacterium associated with the apple pest, *Rhagoletis pomonella* (Walsh) (Diptera: Tephritidae), Environ. Entomol. 32: 953-962.
- [32] Douglas, A.E., 2007, Symbiotic microorganisms: untapped resources for insect pest control, Trends Biotechnol. 25: 338-342.
- [33] Zabalou, S., Riegler, M., Theodorakopoulou, M., Stauffer, C., Savakis C. and Bourtzis, K., 2004, *Wolbachia* induced cytoplasmic incompatibility as a means for insect pest population control, PNAS. 101: 15042-15045.
- [34] Ruang-areerate, T. and Kittayapong, P., 2006, *Wolbachia* tranfection in *Aedes aegypti*: A potential gene driver of dengue vectors, PNAS. 103: 12534-1253.
- [35] Walker, T., Johnson, P.H., Moreira, L.A., Iturbe-Ormaetxe, I., Frentiu, F.D., McMeniman, C.J. and Leong, Y.S., 2011, The wMel *Wolbachia* strain blocks dengue and invades caged *Aedes aegypti* populations, Nature 476: 450-453.
- [36] Beard, B.C., Rosales, C.C. and Durvasula, R.V., 2002, Bacterial symbiont of the Triatominae and their potential use in control of Chagas disease transmission, Ann. Rev. Entomol. 47: 123-141.
- [37] Beard, C.B., Durvasula, R.V. and Richards, F.F., 1998, Bacterial symbiosis in arthropods and the control of disease transmission, Emerg. Infect. Dis. 4: 581-591.

- [38] Durvasula, R.V., Gumbs, A., Panackal, A., Kruglov, O., Aksoy, S., Merrifield, R.B., Richards, F.F. and Beard, C.B., 1997, Prevention of insect-borne disease: An approach using transgenic symbiotic bacteria. *PNAS*. 94: 3274-3278.
- [39] Aksoy, S., Weiss, B. and Attardo, G., 2008, Paratransgenesis applied for control of tsetse transmitted sleeping sickness, *Adv. Exp. Med. Biol.* 627: 35-48.
- [40] de Vooght, L., Caljon, G., de Ridder, K. and van den Abbeele, J., 2014, Delivery of a functional anti-trypanosome nanobody in different tsetse fly tissues via a bacterial symbiont, *Sodalis glossinidius*, *Microb. Cell Fact.* 13: 1-10.
- [41] Favia, G., Ricci, I., Damiani, C., Raddadi, N., Crotti, E., Marzorati, Marzorati, M., Rizzi, A., Urso, R., Brusetti, L., Borin, S., Mora, D., Scuppa, P., Pasqualini, L., Clementi, E., Genchi, M., Corona, S., Negri, I., Grandi, G., Alma, A., Kramer, L., Esposito, F., Bandi, C., Sacchi, L. and Daffonchio, D., 2007, Bacteria of the genus *Asaia* stably associate with *Anopheles stephensi*, an Asian malarial mosquito vector, *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 104: 9047-9051.
- [42] Bextine, B., Lauzon, C., Potter, S., Lampe, D. and Miller, T.A., 2004, Delivery of a genetically marked *Alcaligenes* sp. to the glass-winged sharpshooter for use in paratransgenic control strategy, *Curr. Microbiol.* 48: 327-331.
- [43] Bextine, B., Lampe, D., Lauzon, C., Jackson, B. and Miller, T.A., 2005, Establishment of a genetically marked insect-derived symbiont in multiple host plants, *Curr. Microbiol.* 50: 1-7.
- [44] Crotti, E., Damiani, C., Pajoro, M., Gonella, E., Rizzi, A., Ricci, I., Negri, I., Scuppa, P., Rossi, P., Ballarini, P., Raddadi, N., Marzorati, M., Sacchi, L., Clementi, E., Genchi, M., Mandrioli, M., Bandi, C., Favia, G., Alma, A., Daffonchio, D., 2009, *Asaia*, a versatile acetic acid bacterial symbiont, capable of cross-colonizing insects of phylogenetically distant genera and orders, *Environ. Microbiol.* 11: 3252-3264.