

ในการศึกษาจุลินทรีย์ที่มีความสัมพันธ์กับผึ้งทั้งที่เป็นแบบอยู่ร่วมกันและปรสิต ได้มีวัตถุประสงค์เพื่อ 1) ศึกษาจีโนมของไวรัสที่อาศัยร่วมกับผึ้งและหาความสัมพันธ์กับผึ้งพันธุ์ (*Apis mellifera*) 2) เพื่อสำรวจชนิดของไวรัสที่เป็นปรสิตกับผึ้งเลี้ยงในภาคเหนือของไทย 3) เพื่อศึกษาความหลากหลายของสายพันธุ์ราที่ก่อโรคชอล์คครูดในผึ้งโดยการเปรียบเทียบรูปแบบของเอนไซม์ที่ผลิต 4) เพื่อศึกษาความหลากหลายของจุลินทรีย์ในผึ้งและชันโรงที่พบในเขตภาคเหนือและความสามารถในการผลิตสารทุติยภูมิ จากผลการทดลองพบว่า 1) จากการศึกษารหัสพันธุกรรม (codon usage) ทำให้ไวรัสมีความจำเพาะเจาะจงสูง 2) ไวรัสทั้ง 6 ชนิดเมื่อสำรวจชนิดของไวรัสในผึ้งที่เลี้ยงในภาคเหนือของไทย พบเชื้อ deformed wing virus และ acute bee paralysis virus มากที่สุด (3) สายพันธุ์ของเชื้อราก่อโรคชอล์คครูดที่พบในไทยมีรูปแบบของเอนไซม์ที่ผลิตที่คล้ายกัน โดยได้แยกบริสุทธิ์และศึกษาเอนไซม์ย่อยโปรตีนและ N-acetylglucosaminidase 4) ความหลากหลายของเชื้อจุลินทรีย์ที่ไม่ก่อโรค ได้แก่ เชื้อแอกติโนมัยซีต โดยส่วนมากพบเป็นเชื้อในจีนัส *Streptomyces* และยังมีจำแนกชนิดยีสต์และแบคทีเรีย นอกจากนี้ได้ศึกษาการใช้น้ำตาลไซโลสของยีสต์ และความสามารถของการต้านเชื้อจุลินทรีย์ก่อโรคของจุลินทรีย์ที่พบ

We have been investigated the microorganisms associated with bees both parasites and microflora. Objectives are (1) to analyze the viral genomes to elucidate the host-parasite relationship between virus and the honey bee (*Apis mellifera*) (2) survey the viruses parasitized in our Thai bees in the Northern Thailand (3) to study the lytic enzymes from the fungus causing Chalkbrood diseases in honey bee and to compare the enzymatic patterns from isolates of different geographic origins (4) to study the diversity of microflora of honey bees and stingless bees found in Northern Thailand and secondary metabolites produced by the microflora. Results were (1) by using bioinformatics tools, the co-evolution of codon usage of six bee viruses towards that of the honey bee was clarified. This suggested that small host specific viral genomes had the freedom to quickly optimize codon usage to successfully parasitize their preferred host (2) six bee viruses were surveyed and found that the most prevalent virus was deformed wing virus and the acute bee paralysis virus (3) enzymatic patterns were similar between strains of the Chalkbrood pathogen found in Thailand. Protease and N-acetylglucosaminidase from the fungal pathogen were purified and studied. (4) Actinomycetes were isolated and identified. Most were belong to genus *Streptomyces*. Yeasts and bacteria were identified and described. The future application by using yeast capable of using xylose and some bee microflora producing antimicrobial activities against bee pathogen were demonstrated.