

# HỆ VI SINH VẬT ĐƯỜNG RUỘT CỦA LOÀI ONG MẬT *APIS CERANA* TẠI TỈNH HƯNG YÊN, VIỆT NAM

Phạm Thị Lành<sup>1,3</sup>, Trần Nam Khang<sup>1,3</sup>, Bùi Thị Thùy Dương<sup>1</sup>, Mẫn Hồng Phước<sup>1</sup>,  
Nguyễn Thị Hoa<sup>1</sup>, Hà Thị Thu<sup>1</sup>, Phạm Hồng Thái<sup>2</sup>, Đồng Văn Quyền<sup>1,3</sup>

## TÓM TẮT

Nhiều nghiên cứu gần đây đã chỉ ra rằng hệ vi sinh vật đường ruột của ong đóng vai trò quan trọng trong việc nâng cao sức khỏe của ong mật, tăng cường khả năng chống lại các tác nhân gây bệnh. Trong nghiên cứu này, phương pháp giải trình tự thế hệ mới (NGS) được sử dụng để tìm hiểu thành phần hệ vi sinh vật trong đường ruột của ong thợ trưởng thành thuộc loài ong mật *Apis cerana* tại tỉnh Hưng Yên, Việt Nam và xác định mối quan hệ cộng sinh giữa chúng và vật chủ. Kết quả nghiên cứu cho thấy, hệ vi sinh vật đường ruột của ong *A. cerana* tại tỉnh Hưng Yên thuộc 4 ngành chính bao gồm *Proteobacteria* (47,6%), *Firmicutes* (45,20%), *Actinobacteria* (4,20%) và *Bacteroidetes* (2%). Trong đó, 4 nhóm vi khuẩn lõi được phát hiện bao gồm *Gilliamella apicola* (5%), *Lactobacillus Firm-5* (7%) và *Lactobacillus Firm-4* (3%) và *Bifidobacterium asteroides* (4%). Trong tổng số những loài vi khuẩn được phát hiện, nhóm vi khuẩn lactic (LAB) chiếm 47% gồm: *B. asteroides* group, *L. fermentum*, *L. helsingborgensis*, *L. kimbladii*, *L. kunkeei* group, *L. mellis*. Những vi khuẩn LAB này có vai trò quan trọng đối với sức khỏe của ong mật và có thể là những ứng viên tiềm năng trong phát triển chế phẩm sinh học giúp nâng cao sức khỏe của đàn ong để chống lại các tác nhân gây bệnh.

**Từ khóa:** *Apis cerana*, ong mật, hệ vi sinh vật đường ruột, vi khuẩn lactic (LAB), next generation sequencing (NGS).

## The gut microbiome of honey bee (*Apis cerana*) in Hung Yen province, Viet Nam

Pham Thi Lanh, Tran Nam Khang, Bui Thi Thuy Duong, Man Hong Phuoc,  
Nguyen Thi Hoa, Ha Thi Thu, Pham Hong Thai, Dong Van Quyen

## SUMMARY

Recent studies have found that the bacteria in the bee's intestines play an essential role in improving the health of honey bees, increasing its resistance to a diversity of diseases. In this study, metagenomic analysis of microbial 16S rRNA sequences by next generation sequencing (NGS) was used to determine the composition and structure of gut microflora in honey bee *Apis cerana* at Hung Yen province, Viet Nam. The studied result showed that the microbiome in *A. cerana* gut was dominated by four major phyla of bacteria including *Proteobacteria* (47.6%), *Firmicutes* (45.20%), *Actinobacteria* (4.20%) and *Bacteroidetes* (2%). Of which, there were four core bacteria detected including *Gilliamella apicola* group (5%), *Lactobacillus Firm-5* (7%), *Lactobacillus Firm-4* (3%) and *Bifidobacterium asteroides* group (4%). Lactic acid bacteria (LAB) comprised of 47% of the identified bacteria including *B. asteroides* group, *L. fermentum*, *L. helsingborgensis*, *L. kimbladii*, *L. kunkeei* group, *L. mellis*. These LAB have been known to play important role in the honey bee health and can be promising candidates for probiotic development to enhance honey bee health and to manage the honey bee diseases.

**Keywords:** *Apis cerana*, honey bees, gut microbiome, lactic acid bacteria (LAB), next generation sequencing (NGS).

<sup>1</sup> Viện Công nghệ sinh học, Viện Hàn lâm Khoa học và Công nghệ Việt Nam

<sup>2</sup> Trung tâm Nghiên cứu ong và nuôi ong nhiệt đới, Học viện Nông nghiệp Việt Nam

<sup>3</sup> Đại học Khoa học và Công nghệ Hà Nội, Viện Hàn lâm Khoa học và Công nghệ Việt Nam