

จากตัวอย่างดินจำนวน 32 ตัวอย่างจากแหล่งต่างๆ ในประเทศ สามารถแยกแอคติโนมัยซีตได้จำนวน 117 สายพันธุ์ โดยใช้อาหารเลี้ยงเชื้อฮิวมิก แอซิด วิตามิน อการ์ เมื่อนำมาคัดเลือกว่าแอคติโนมัยซีตที่สามารถด้านการติดเชื้อแอคติโนฟาจำนวน 30 ชนิด ด้วยวิธีการทำอาหารวันสองชั้น พบว่าสามารถคัดเลือกแอคติโนมัยซีตที่ด้านการติดเชื้อแอคติโนฟาทั้ง 30 ชนิด ได้ 4 สายพันธุ์ คือ Ac1.1, Ac2.2, Ac25.4 และ Ac26.4 ซึ่งบางสายพันธุ์สามารถสร้างสารยับยั้งการเจริญของจุลินทรีย์ทดสอบและสร้างเอนไซม์บางชนิดได้ในขั้นต้น

ผลการศึกษาลักษณะทางสัณฐานวิทยาและสรีรวิทยาของแอคติโนมัยซีตทั้ง 4 สายพันธุ์ที่คัดเลือกได้ พบว่าลักษณะของสปอร์เมื่อตรวจสอบด้วยกล้องจุลทรรศน์อิเล็กตรอนแบบส่องกราด จะมีการเรียงตัวเป็นสายยาวโค้งเป็นลอน เมื่อตรวจสอบองค์ประกอบของผนังเซลล์ด้วยวิธีทินเลเยอร์โครมาโทกราฟี พบว่าผนังเซลล์ของทั้ง 4 สายพันธุ์ประกอบไปด้วยไอโซเมอร์ชนิด LL ของ 2,6 กรดไดอะมิโนปิเมลิก ซึ่งเป็นลักษณะเฉพาะของแอคติโนมัยซีต สกุล *Streptomyces* และเมื่อตรวจสอบลำดับเบสที่ประมวลรหัสของ 16S rRNA พบว่า Ac1.1, Ac2.2, Ac25.4 และ Ac26.4 คือ *S. maritimus*, *S. lipmanii*, *S. aureofaciens* และ *S. venezuelae* ตามลำดับ

Thirty-two soil samples collected from different sources of Thailand were used for isolation and characterization of non-actinophage infected actinomycetes. One hundred and seventeen isolates of actinomycetes were obtained by using humic acid vitamin agar medium. They were then used as host cells for infecting of 30 actinophages by using double layer agar technique. Non-actinophage infected strains were selected from non-plaque formation appearance. Four strains: Ac1.1, Ac2.2, Ac25.4 and Ac26.4 were found as non-actinophage infected actinomycetes. Moreover, under primary screening conditions, certain strains were capable of expression some antimicrobial and enzyme activities.

Morphology and physiology of these four strains were examined. To observed under scanning electron microscopy, all strains had flexible long chain spores. Furthermore, determination of cell wall compositions by thin-layer chromatography, LL isomer of 2,6-diaminopimelic acid was found in these strains. Therefore, they were recognized as *Streptomyces* species. From partial sequencing of 16S ribosomal RNA genes of Ac1.1, Ac2.2, Ac25.4 and Ac26.4, they were identified as *S. maritimus*, *S. lipmanii*, *S. aureofaciens* and *S. venezuelae*, respectively.