231075

วิเคราะห์ความหลากหลายทางชีวภาพของยีสต์ในดินป่าไม้ของกลุ่มป่าแก่งกระจาน โดยใช้เทคนิค denaturing gradient gel electrophoresis (DGGE) และ denaturing high performance liquid chromatography (DHPLC) เปรียบเทียบกับ cultivation-based technique ซึ่งใช้การเหนี่ยวนำให้เกิดการเจริญของยีสต์ที่อาศัยในดินป่าไม้ 3 ชนิดที่เก็บจากป่าดิบแล้ง ป่าเบญจพรรณ และป่าเต็งรัง จำนวน 36 ตัวอย่าง โดยใช้อาหารเหลว yeast extract malt extract (YM) พีเอช 3.7 ที่เติมคลอแรมเฟนิคอล 100 มิลลิกรัมต่อลิตร และกรดโพรพิโอนิก 0.025 เปอร์เซ็นต์ จากการทดลองพบว่า DGGE และ DHPLC มีข้อจำกัดในการประเมินความหลากหลายของยีสต์ในดินป่าไม้ เนื่องจากปริมาณเซลล์ยีสต์ที่มีชีวิตในดินตัวอย่างต่ำกว่า 300 เซลล์ต่อกรัมดินตัวอย่าง ทำให้ปริมาณดีเอนเอที่ใช้เป็นดีเอนเอแม่แบบซึ่งได้จากการสกัดแยกดีเอนเอโดยตรงจากดิน มีความเข้มข้นต่ำมาก ส่งผลให้ไม่สามารถเพิ่มปริมาณดีเอนเอโดยใช้ปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอเรสแตกต่างจากการใช้ cultivation-based technique ที่สามารถพบความหลากชนิดของยีสต์ในดินป่าไม้ โดยพบยีสต์ 28 ชนิด คือ *Asterotremella humicola, Blastobotrys mokoenaii, Candida albicans, C. boidinii, C. californica, C. cylindracea, C. diversa, C. fukuyamaensis, C. maltosa, C. pseudolambica, C. zeylanoides, Debaryomyces hansenii, D. nepalensis, D. polymorphus, Geotrichum fragans, Ge. silvicola, Hanseniaspora uvarum, Kazachstania humatica, Kloeckera lindneri, Millerozyma phetchabunensis, Pichia galeiformis, P. kluyveri, P. spartinae, Saccharomyces cerevisiae, S. kluyveri, S. unisporus, Tetrapisispora namnaonensis* และ *Yarrowia lipolytica* นอกจากนี้พบยีสต์ชนิดใหม่ 1 ชนิด คือ *Candida kaengkachanensis* sp. nov.

Yeast species diversity in forest soils collected from 3 kinds of forest, namely dry dipterocarp, dry evergreen and mixed deciduous forests, in Kaeng Ka-Chan forest complex was determined by denaturing gradient gel electrophoresis (DGGE), denaturing high performance liquid chromatography (DHPLC) and cultivation-based technique using yeast extract malt extract (YM) broth (pH 3.7) supplemented with 100 mg/L of chloramphenicol and 0.025 % of propionic acid. The results showed that DGGE and DHPLC were limited by a low population numbers of viable yeasts in soils (<300 cells per gram soil), therefore, PCR amplification of D1/D2 domain of large subunit (LSU) ribosomal DNA (rDNA) could not carry out because the copy number of yeast DNA template was very low. On the other hand, analysis of yeast species diversity with cultivable-based technique indicated that 28 known yeast species were found. They were *Asterotremella humicola, Blastobotrys mokoenaii, Candida albicans, C. boidinii, C. californica, C. cylindracea, C. diversa, C. fukuyamaensis, C. maltosa, C. pseudolambica, C. zeylanoides, Debaryomyces hansenii, D. nepalensis, D. polymorphus, Geotrichum fragans, Ge. silvicola, Hanseniaspora uvarum, Kazachstania humatica, Kloeckera lindneri, Millerozyma phetchabunensis, Pichia galeiformis, P. kluyveri, P. spartinae, Saccharomyces cerevisiae, S. kluyveri, S. unisporus, Tetrapisispora namnaonensis* and *Yarrowia lipolytica*. Moreover, a novel yeast species named *Candida kaengkachanensis* sp. nov. was proposed.