## บทคัดย่อ

241753

เมื่อนำตัวอย่างดินบริเวณใต้ต้นไม้ เห็ด ดอกไม้ ผลไม้ เปลือกไม้ และขุยจากแมลง จากป่าเบญจพรรณบริเวณอุทยานแห่งชาติภูจองนายอยทั้งหมด 132 ตัวอย่าง มาคัดแยกยีสต์โดย วิธี enrichment technique ในอาหารเหลว YM ที่มี 0.01% คลอแรมฟีนิคอลและ 0.2% โซเดียมโพรพิโอเนต และนำไปบ่มที่อุณหภูมิ 25 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 48-72 ชั่วโมง สามารถแยกสายพันธุ์ยีสต์ได้รวม 63 ไอโซเลท ซึ่งสามารถคัดแยกกลุ่มตามลักษณะโคโลนีได้ 31 กลุ่ม สำหรับผลการพิสูจน์ความเหมือนและการจัดจำแนกยีสต์ด้วยวิธีชีวระดับโมเลกุล โดยการวิเคราะห์หาลำดับนิวคลีโอไทด์บริเวณยีน D1/D2 domain ของยีน 26S rDNA สามารถจำแนกยีสต์ในกลุ่ม Ascomycetous yeasts ได้ทั้งหมด 45 ไอโซเลต กระจายอยู่ใน 9 สกุล ได้แก่ *Candida* sp,. *Pichia* sp., *Aureobasidium* sp., *Dipodascus* sp., *Kodamaea* sp., *Debaryomyces* sp., *Blastobotrys* sp., *Torulaspora* sp. และ *Issatchenkia* sp. และคัดแยกยีสต์ที่อยู่ในกลุ่มของ Basidiomycetous yeasts ได้ 18 ไอโซเลท จัดอยู่ในสกุล *Asterotremella* sp., *Trichosporon* sp., *Cryptococcus* sp. และ *Sporidiobolus* sp. โดยมีความเหมือนของลำดับนิวคลีโอไทด์เมื่อเทียบกับฐานข้อมูล NCBI ประมาณ 95-100%


241753


A total of 132 samples collection from various sources such as soil, mushroom, flowers, fruits, tree barks and insect frass in Phujong nayoy National Park were used for isolation of yeasts by enrichment technique in yeast extract-maltose (YM) broth containing 0.01% chloramphenicol and 0.2% Na-propionate and incubation at 25°C for 48-72 h. Sixty three yeast strains were isolated and thirty-one groups were obtained under morphology identification. The identification of the isolated yeasts on the basis of 26S rDNA (D1/D2) sequence analysis indicated that 45 isolated yeasts were ascomycetous yeasts and distributed to 9 genera such as *Candida* sp., *Pichia* sp., *Aureobasidium* sp., *Dipodascus* sp., *Kodamaea* sp., *Debaryomyces* sp., *Blastobotrys* sp., *Torulaspora* sp. and *Issatchenkia* sp. whereas 18 basidiomycetous isolated yeasts were obtained which belonged to the following genera; *Asterotremella* sp., *Trichosporon* sp., *Cryptococcus* sp. and *Sporidiobolus* sp. with 95-100% similarity of their unique nucleotide sequences in the D1/D2 domain of 26S rDNA when compared to NCBI database.