การศึกษานี้สำรวจคุณภาพทางจุลชีววิทยาของผลิตภัณฑ์อาหารทะเลที่จำหน่ายในตลาดหนองมน จังหวัดชลบุรีและตลาดบ้านเพ จังหวัดระยอง ในช่วงระหว่างเดือนกรกฎาคมถึงเดือนธันวาคม พ.ศ. 2550 โดยเก็บตัวอย่างผลิตภัณฑ์อาหารทะเลทั้งชนิดแห้งดิบและชนิดพร้อมบริโภค รวมทั้งหมด 1,026 ตัวอย่าง ใช้วิธีทดสอบมาตรฐานของ USFDA's Bacteriological Analytical Manual (BAM) และวิเคราะห์คุณภาพผลิตภัณฑ์โดยใช้มาตรฐานของกรมประมงประเทศไทย ผลการศึกษาพบว่าผลิตภัณฑ์อาหารทะเลแห้งดิบและผลิตภัณฑ์อาหารทะเลแห้งพร้อมบริโภค ไม่ผ่านเกณฑ์มาตรฐานดังกล่าวมีจำนวน 236 ตัวอย่าง (ร้อยละ 38.18) และ 277 ตัวอย่าง (ร้อยละ 55.63) ตามลำดับ เนื่องจากมีปริมาณแบคทีเรียทั้งหมดสูงเกินกว่ามาตรฐานกำหนด จากตัวอย่างทั้งหมดตรวจพบการปนเปื้อนของ *Salmonella* spp. ใน 6 ตัวอย่าง (ร้อยละ 0.58) นอกจากนี้ยังตรวจพบ *Staphylococcus aureus*, โคลิฟอร์มแบคทีเรีย และ *Escherichia coli* ในตัวอย่างคิดเป็นร้อยละ 0.97, 26.69 และ 4.53 ตามลำดับ แต่ปริมาณที่ตรวจพบไม่เกินเกณฑ์มาตรฐานที่กำหนด ทุกตัวอย่างที่นำมาศึกษาไม่พบการปนเปื้อนของ *Vibrio cholerae* และ *Clostridium perfringens* ในกรณีของการศึกษาการปนเปื้อนยีสต์และราของผลิตภัณฑ์อาหารทะเลดังกล่าว พบว่ามีการปนเปื้อนเกินมาตรฐานจำนวน 421 ตัวอย่าง (ร้อยละ 41.03) เชื้อราที่พบบ่อยได้แก่ *Aspergillus* spp. นอกจากนี้เมื่อตรวจสอบการปนเปื้อนของรากลุ่ม *A. flavus* และ *A. parasiticus* พบการปนเปื้อนรากลุ่มนี้ 127 ตัวอย่าง (ร้อยละ 12.09) โดยคัดแยกราได้จำนวน 127 ไอโซเลท เมื่อนำมาทดสอบความสามารถในการสร้างอะฟลาทอกซินบนอาหารเลี้ยงเชื้อ CMA, YES และ MGA พบว่ามี 47 ไอโซเลท (ร้อยละ 37) สามารถสร้างอะฟลาทอกซินได้ และจากการใช้เทคนิคปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอเรสตรวจสอบยีนที่เกี่ยวข้องกับการสร้างอะฟลาทอกซินคือ *afl R*, *omt*, *ver* และ *nor* พบว่า *Aspergillus* สายพันธุ์ที่สร้างอะฟลาทอกซินทุกไอโซเลทแสดงผลบวกต่อปฏิกิริยาการเพิ่มปริมาณยีนทั้ง 4 ยีน อย่างไรก็ตามพบว่า *Aspergillus* ไอโซเลทต่าง ๆ ที่ไม่สร้างอะฟลาทอกซินมีความแปรผันของผลปฏิกิริยา โดยแสดงผลบวกต่อยีนเป้าหมายได้ตั้งแต่ 1- 4 ยีน ผลการศึกษานี้แสดงให้เห็นว่าราในกลุ่มนี้มีความหลากหลายทางพันธุกรรมสูง ซึ่งจำเป็นต้องมีการศึกษาในรายละเอียดเพิ่มเติมเพื่อนำมาใช้ในการพัฒนาวิธีการทางพันธุศาสตร์โมเลกุลสำหรับบ่งชี้ความแตกต่างระหว่างสายพันธุ์ที่สร้างและไม่สร้างอะฟลาทอกซินได้ต่อไป

The microbiological quality of dried seafood products retailed in Nong Mon market, Chon Buri province and Pan Phe market, Rayong province was investigated during July-December 2008. A total of 1,026 samples of raw as well as ready-to-eat products were collected for the study, and the methods recommended by USFDA's Bacteriological Analytical Mannual (BAM) were adopted for the analysis. The microbiological standard requirements of the Department of Fisheries, Thailand, were taken into consideration. The results demonstrated that 236 samples (38.18 %) of raw seafood products and 277 samples (55.63 %) of ready-to-eat products did not meet such standard criteria according to high level of bacterial contamination. *Salmonella* spp. were found in 6 samples (0.58 %) of raw products. In addition, *Staphylococcus aureus*, coliforms, and *Escherichia coli* were detected in samples of 0.97 %, 26.69 %, and 4.53 %, respectively, though such bacterial counts did not exceed the permitted levels. No *Vibrio cholerae* and *Clostridium perfringens* was detected in all samples. On the other hand, the analysis of fungal contamination was also taken into account and 421 samples (41.03 %) of all products tested were not approved. The predominant fungal contamination was member of the genus *Aspergillus*. Simultaneously, the investigation of *A. flavus* and *A. parasiticus* contamination showed the presence of this fungal group in 127 samples (12.09 %) and the total of 127 isolates were obtained. Determination of aflatoxin producing ability on solid culture media including CMA, YES, and MGA was carried out and the promising aflatoxin-producers were elucidated in 47 isolates (37 %). Polymerase chain reaction amplification of genes responsible to aflatoxin synthesis, including *afl R*, *omt*, *ver*, and *nor*, revealed that all of aflatoxigenic isolates showed DNA fragments that correspond to the complete gene set. However, non-aflatoxigenic strains gave variable DNA banding patterns. Our results indicated a high level of genetic variability among non-aflatoxigenic strains that requires greater attention in order to design a molecular tool to distinguish the aflatoxigenic from non-aflatoxigenic strains.