

การศึกษานี้มีวัตถุประสงค์เพื่อหาความหลากหลายของเชื้อยีสต์ที่อาศัยบนผิวหนังของสุนัขที่แสดงอาการโรคผิวหนังชนิดอาโทปี (AD) และตำแหน่งที่ปรากฏบนผิวหนัง ตัวอย่างได้จากสุนัขจำนวน 57 ตัว แบ่งเป็น 17 ตัวจากสุนัขปกติ 20 ตัวที่แสดงอาการผิวหนังระยะปฐมภูมิ (PAD) และ 20 ตัวที่แสดงอาการผิวหนังระยะทุติยภูมิ (SAD) แยกเชื้อยีสต์และศึกษาคุณลักษณะของจุลสังฐานวิทยาและคุณสมบัติทางสรีรวิทยา การวิเคราะห์ลำดับพันธุกรรม ใช้สำหรับยืนยันการจำแนกสายพันธุ์ ศึกษาค่าความไวรับของสารต้านเชื้อราต่อ flucytosine, nystatin, ketoconazole, itraconazole และ terbinafine จากผลการทดลองพบยีสต์ 4 ชนิด ได้แก่ *Malassezia pachydermatis*, *M. furfur*, *Candida parapsilosis* และ *C. tropicalis* สามารถแยกเชื้อ *M. pachydermatis* และ *C. parapsilosis* ได้จากสุนัขทุกตัว ในขณะที่ *C. tropicalis* และ *M. furfur* แยกได้จากสุนัขปกติ 3 ตัว และสุนัขป่วย 1 ตัวตามลำดับ พบว่าในสุนัขกลุ่ม AD นับจำนวนของเชื้อ *M. pachydermatis* และ *C. parapsilosis* สูงกว่าในกลุ่มสุนัขปกติ ($p < 0.01$) เมื่อพิจารณาตามรอยโรค ปริมาณของเชื้อ *C. parapsilosis* ที่มากขึ้นมีความสัมพันธ์กับทั้ง PAD และ SAD ในขณะที่ปริมาณเชื้อ *M. pachydermatis* มากขึ้นมีความสัมพันธ์กับ AD ทุกระยะ ($p < 0.01$) การใช้วิธี PCR-RFLP ที่บริเวณ 26S rDNA ณ ตำแหน่ง intergenic spacer (IGS) 1 โดยตัดสารพันธุกรรมด้วยเอนไซม์ *CfoI* and *Clal* ไม่พบความหลากหลายของสายพันธุ์ในระดับ subspecies ของเชื้อที่แยกได้ เมื่อพิจารณาตามตำแหน่งพบว่า เชื้อ *C. parapsilosis* พบมากที่บริเวณผิวหนังในขณะที่พบ *M. pachydermatis* จำนวนน้อยมาก การทดสอบค่าความไวรับพบว่า มากกว่า 75% ของเชื้อที่ทดสอบคือต่อ fluorocytocine สำหรับเชื้อ *C. parapsilosis* พบว่ามากกว่า 40% และ 20% ของ คือต่อ itraconazole และ ketoconazole ตามลำดับ แต่เชื้อ *M. pachydermatis* มีความไวต่อสารต้านจุลชีพทั้ง 5 ชนิด การศึกษานี้แสดงการติดเชื้อร่วมของเชื้อ *M. pachydermatis* และ *C. parapsilosis* ในกรณีของ AD เชื้อ *C. parapsilosis* อาจมีบทบาทเป็นปัจจัยสำคัญต่อความรุนแรงของรอยโรค AD โดยเฉพาะในกรณีของการที่ไม่ตอบสนองของการรักษาด้วยยาต้านเชื้อรา

The purpose of this study was to investigate the diversity of yeast inhabiting correlating degree of canine atopic dermatitis (AD) and anatomical sites. Fifty-seven samples were divided as 17 normal skin, 20 with primary atopic lesions (PAD), and 20 with secondary atopic lesion (SAD). Yeast isolation and characterization were carried out based on the microscopical and biochemical properties. The approved DNA analysis was utilized for species confirmation and their genetic variation. Antifungal susceptibilities were determined against flucytosine, nystatin, ketoconazole, itraconazole and terbinafine. There were 4 yeast species consisting *Malassezia pachydermatis*, *M. furfur*, *Candida parapsilosis* and *C. tropicalis* recovered from skin samples. *M. pachydermatis* and *C. parapsilosis* were isolated from all samples, while a few numbers of *C. tropicalis* and *M. furfur* were cultured from 3 healthy and 1 diseased dogs, respectively. The frequency and population size of *M. pachydermatis* and *C. parapsilosis* were higher than that of healthy ($p < 0.01$). The large number of *C. parapsilosis* were closely associated to only PAD in all sites, while those of *M. pachydermatis* were associated to both PAD and SAD ($p < 0.01$). *C. parapsilosis* was predominant at perineum, while *M. pachydermatis* was rare. Use of PCR-RFLP of 26S rDNA and intergenic spacer (IGS) 1 region digested with *CfoI* and *Clal* could not reveal any variety of the genetic elements among the isolates. Over 75% of isolates were resistant to fluorocytocine and over 40% and 20% of *C. parapsilosis* were in resistant level to itraconazole and ketoconazole, respectively, In contrast, all tested *M. pachydermatis* were susceptible to all 5 antifungal agents. This study firstly demonstrated co-colonization of *M. pachydermatis* and *C. parapsilosis* with large amount in diseased dogs. This speculated that *C. parapsilosis* may also play as aggregating factors associated canine seborrhic dermatitis, especially in a case of unresponsive treatment by antifungal administration.