

การเปรียบเทียบลำดับเบสจำนวน 814 คู่เบสของ 16s rDNA ของแบคทีเรียรหัส TE1 กับลำดับเบสของแบคทีเรียที่มีอยู่ในฐานข้อมูล GenBank โดยใช้โปรแกรม BLASTn (ตารางที่ 10) พบว่าแบคทีเรียรหัส TE1 มีความเหมือนกับแบคทีเรีย *Bacillus badius* (AY803745) *Bacillus* sp. (EF370050) และ *B. hackensackii* (AY148429.1) เท่ากับ 99 98 และ 97 เปอร์เซ็นต์ ตามลำดับ

ตารางที่ 10 ค่าความเหมือน (% Identities) ของลำดับเบสจำนวน 814 คู่เบส ของ 16s rDNA ของเมทิลโลโทริฟิแบคทีเรียรหัส TE1 เปรียบเทียบกับลำดับเบสของแบคทีเรียจากฐานข้อมูล GenBank โดยใช้โปรแกรม BLASTn

Accession number	Species	% Identities
AY803745	<i>Bacillus badius</i>	99
EF370050	<i>Bacillus</i> sp.	98
AY148429	<i>Bacillus hackensackii</i>	97

ผลการเปรียบเทียบจากตารางที่ 10 เป็นการเปรียบเทียบลำดับเบสที่มีความยาวเพียง 814 คู่เบส จาก 1542 คู่เบส จึงอาจทำให้ไม่สามารถสรุปผลได้ในทันที เช่นเดียวกับในกรณีของแบคทีเรียรหัส SB4 จึงทำการเปรียบเทียบลักษณะสัณฐานวิทยาของโคโลนีและเซลล์ รวมทั้งคุณสมบัติทางชีวเคมีบางประการ ของแบคทีเรียรหัส TE1 และ แบคทีเรียอ้างอิงจากตารางที่ 10 ผลการเปรียบเทียบแสดงดังตารางที่ 11

ตารางที่ 11 สัมพันธวิทยาของเซลล์และโคโลนี การติดสีแกรม การสร้างเอนโดสปอร์ และคุณสมบัติทางชีวเคมีบางประการของเมทิลโลโทรฟิเคแบคทีเรียรหัส TE1 เปรียบเทียบกับ *Bacillus sp.* (Claus and Berkeley, 1986), *B. badius* (Claus and Berkeley, 1986; Pettersson *et al.*, 1996) และ *B. hackensackii* (Claus and Berkeley, 1986)

Characteristics	Species			
	TE1	<i>Bacillus sp.</i>	<i>B. badius</i>	<i>B. hackensackii</i>
Colony morphological characteristics				
Color	Cream	<i>Cream</i>	Cream	Cream
Form	Rhizoid	Rhizoid	Rhizoid	Filamentous
Elevation	Umbonate	Umbonate	Umbonate	Flat
Margin	Undulate	Undulate	Undulate	Filamentous
Cell morphological characteristics				
Gram strain	+	+	+	+
Shape	Rod	Rod	Rod	Rod
Size	0.6 x 3	>2.5	>1	>2.5
Endospore location	-	C	C	C
Biochemical Characteristics				
Anaerobic growth	-	D	-	-
Catalase	+	+	+	+
V-P test	-	-	-	-
Acid form:				
Glucose	-	-	-	-
Lactose	-	-	-	-
Arabinose	-	-	-	-
Xylose	-	-	-	-
Mannitol	-	-	-	-

ตารางที่ 11 (ต่อ)

Characteristic	Species			
	TE1	<i>Bacillus</i> sp.	<i>B. badius</i>	<i>B. hackensackii</i>
Gas from glucose	-	-	-	-
Hydrolysis of starch	-	-	-	-
Growth:				
5% NaCl	+	+	+	+
10% NaCl	-	-	-	-
5 °C	-	-	-	-
10 °C	-	-	-	-

หมายเหตุ C หมายถึง central

D หมายถึง 11-89% เป็นบวก

การศึกษาพื้นฐานวิทยาของเซลล์เมทิลโลโทรฟิแบคทีเรีย TE1 พบว่า เป็นแบคทีเรียรูปท่อน ดิคลีแกรมบวก ขนาดของเซลล์ยาวประมาณ 3 ไมโครเมตร กว้างประมาณ 0.6 ไมโครเมตร ไม่พบการสร้างเอนโดสปอร์ และเมื่อพิจารณาคุณสมบัติทางชีวเคมีบางประการพบว่า เมทิลโลโทรฟิแบคทีเรีย TE1 ต้องการอากาศเพื่อการเจริญ สร้างเอนไซม์อะซิเตสได้ ผลการทดสอบ V-P เป็นลบ ไม่สร้างกรดจากน้ำตาลกลูโคส แลคโตส อะราบีโนส ไซโลส และแมนนิทอล ไม่สร้างแก๊สจากการหมักกลูโคส ไม่สร้างเอนไซม์อะไมเลสเพื่อย่อยแป้ง ไม่สามารถใช้ซิเตรตเป็นแหล่งคาร์บอน ไม่สามารถดิวิชันในเตรทเป็นไนไตรท์ ไม่เจริญในสภาวะที่มีโซเดียมคลอไรด์ 5 และ 10 เปอร์เซ็นต์ และไม่เจริญที่อุณหภูมิ 5 และ 10 องศาเซลเซียส (ตารางที่ 11) ซึ่งเมื่อเปรียบเทียบกับข้อมูลการศึกษาคุณสมบัติทางชีวเคมีบางประการของแบคทีเรีย TE1 กับ *Bacillus badius* จากหนังสือ Bergey's Manual of Systematic Bacteriology V.2 section 13 ปี ค.ศ. 1986 (Claus and Berkeley, 1986) พบว่ามีความคล้ายคลึงกัน 23 ลักษณะจาก 24 ลักษณะที่เปรียบเทียบ คิดเป็น 96 เปอร์เซ็นต์ ซึ่งมีความคล้ายคลึงกันมากกว่าความคล้ายคลึงกัน เมื่อเปรียบเทียบกับคุณสมบัติของ *B. hackensackii* ซึ่งมีความคล้ายคลึงกันเพียง 21 ลักษณะ เทียบเท่ากับ 87.5 เปอร์เซ็นต์ของลักษณะที่เปรียบเทียบกัน นอกจากนี้การศึกษาลำดับเบสบางส่วนของ 16s rDNA ยังให้ผลสอดคล้องว่า เมทิลโลโทรฟิแบคทีเรีย TE1 มีความเหมือนกับแบคทีเรีย *B. badius* มากที่สุด ซึ่งมีความเหมือนกันถึง 99

เปอร์เซ็นต์ ส่วน *B. hackensackii* มีความเหมือนกับแบคทีเรียรหัส TE1 เท่ากับ 97 เปอร์เซ็นต์ ดังนั้นอาจสรุปได้ว่าเมทิลโลโทรฟิกแบคทีเรียรหัส TE1 ใกล้เคียงกับแบคทีเรีย *B. badius* มากที่สุด

ตารางที่ 12 แสดงการเปรียบเทียบลำดับเบสของ 16S rDNA จำนวน 799 คู่เบสของแบคทีเรียรหัส TB2 กับลำดับเบสของเชื้อที่มีอยู่ในฐานข้อมูล GenBank โดยใช้โปรแกรม BLASTn พบว่าแบคทีเรียรหัส TB2 มีความเหมือนกับแบคทีเรีย *Brevibacillus* sp (AB183793), *Brev. parabrevis* (AB215101), *Brev. brevis* (EF173465), *Brev. centrosporus* (AB112719), *Brev. choshinensis* (AB112713) และ *Brev. agri* (AJ586386) 99 เปอร์เซ็นต์ แต่เนื่องจากลำดับเบสที่ใช้ในการเปรียบเทียบนั้นมีความยาวเพียงบางส่วน จึงมีความเป็นไปได้สูงที่แบคทีเรียรหัส TB2 จะมีลำดับเบสเหมือนกับแบคทีเรียหลายสายพันธุ์ ซึ่งถ้ามีการวิเคราะห์ลำดับเบสของ 16s rDNA ทั้งหมดแล้วนำมาเปรียบเทียบก็อาจจะทำให้เห็นความแตกต่างได้ชัดเจนมากขึ้น

ตารางที่ 12 ค่าความเหมือน (% Identities) ของลำดับเบสจำนวน 799 คู่เบส ของ 16s rDNA ของเมทิลโลโทรฟิกแบคทีเรียรหัส TB2 เปรียบเทียบกับลำดับเบสของแบคทีเรียจากฐานข้อมูล GenBank โดยใช้โปรแกรม BLASTn

Accession Number	Species	% Identities
AB183793	<i>Brevibacillus</i> sp.	99
AB215101	<i>Brevibacillus parabrevis</i>	99
EF173465	<i>Brevibacillus brevis</i>	99
AB112719	<i>Brevibacillus centrosporus</i>	99
AB112713	<i>Brevibacillus choshinensis</i>	99
AJ586386	<i>Brevibacillus agri</i>	99