

## สรุป

ผลการศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของประชากรแบคทีเรียจากโมเลกุลของ 16S rDNA ในลำไส้ไก่ทั้งหมด 5 ส่วน ด้วยการวิเคราะห์ Restriction Fragment Length Polymorphism (RFLP) ซึ่งจากโคลนทั้งหมดที่ทำการวิเคราะห์ 212 โคลน จากทั้งหมด 614 โคลน และเปรียบเทียบความแตกต่างจากรูปแบบการตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ *HaeIII* และ *RsaI* พบว่า เชื้อแบคทีเรียที่พบในลำไส้ไก่ทั้ง 5 ส่วนมีทั้งหมด 8 กลุ่ม ได้แก่ Uncultured bacterium clone SJTU (EF403242.1) ซึ่งมีความเหมือนกับฐานข้อมูล 99 % Uncultured bacterium clone cc\_99 (GQ175432.1) มีความเหมือนกับฐานข้อมูล 95 % Uncultured bacterium clone cc\_99 (GQ175432.1) มีความเหมือนกับฐานข้อมูล 95 % *Lactobacillus aviarius* strain: LAV7 (AB175732.1) มีความเหมือนกับฐานข้อมูล 99 % *Lactobacillus aviarius* strain: LAV4 (AB175729.1) มีความเหมือนกับฐานข้อมูล 98 % Uncultured bacterium clone E1 (AM500763.1) มีความเหมือนกับฐานข้อมูล 99 % Uncultured bacterium clone S1-25 (GQ898117.1) มีความเหมือนกับฐานข้อมูล 99 % และ Uncultured Bacteroidetes bacterium clone M0015 (EF071148.1) มีความเหมือนกับฐานข้อมูล 98 % โดยลำไส้ไก่ส่วนต้น Jejunum พบความหลากหลายของสายพันธุ์แบคทีเรียมากที่สุด และพบแบคทีเรียสายพันธุ์ *Lactobacillus aviarius* มากที่สุด ขณะที่แบคทีเรียที่ยังไม่สามารถเพาะเลี้ยงได้ในห้องปฏิบัติการหรือ Uncultured bacteria พบในทุกส่วนของลำไส้โดยพบส่วนมากที่สุดในลำไส้ส่วน Caecum

การศึกษาดังกล่าวข้างต้นแสดงให้เห็นว่าการศึกษาความหลากหลายของแบคทีเรียในลำไส้ไก่ ด้วยวิธีทางชีวโมเลกุล สามารถตรวจพบชนิดของแบคทีเรียซึ่งการเพาะเลี้ยงเชื้อทั่วไปไม่สามารถทำได้ นอกจากนี้ยังพบว่า ในการแยกเชื้อแบคทีเรีย *Lactobacillus aviarius* ซึ่งเป็นแบคทีเรียโปรไบโอติกส์ ชนิดหนึ่งมาใช้ประโยชน์ควรจะทำการแยกเชื้อจากลำไส้ไก่ส่วน Jejunum โดยตรงเพื่อลดการปนเปื้อนของเชื้ออื่นๆ ที่ไม่ต้องการลงได้