

การย่อยสลายพอลิไซคลิกอะโรมาติกไฮโดรคาร์บอนโดยแบคทีเรียที่ย่อยสลายอะซีแนพรีน



นางสาวอรุณภาวี สายเพชร

สถาบันวิทยบริการ

วิทยานิพนธ์นี้เป็นส่วนหนึ่งของการศึกษาตามหลักสูตรปริญญาวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต

สาขาวิชาจุลชีววิทยาทางอุตสาหกรรม ภาควิชาจุลชีววิทยา


คณะวิทยาศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

ปีการศึกษา 2545

ISBN 974-17-3202-3

ลิขสิทธิ์ของจุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

BIODEGRADATION OF POLYCYCLIC AROMATIC HYDROCARBONS BY
ACENAPHTHENE DEGRADING BACTERIA



Miss Aornsupa Saiphet

สถาบันวิทยบริการ

จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย
A Thesis Submitted in Partial Fulfillment of the Requirements
for the Degree of Master of Science in Industrial Microbiology

Department of Microbiology

Faculty of Science

Chulalongkorn University

Academic Year 2002

ISBN 974-17-3202-3

อรสุภาวีย์ สายเพชร : การย่อยสลายพอลิไซคลิกอะโรมาติกไฮโดรคาร์บอนโดยแบคทีเรียที่ย่อยสลายอะซีแนพทีน (BIODEGRADATION OF POLYCYCLIC AROMATIC HYDROCARBONS BY ACENAPHTHENE DEGRADING BACTERIA) อาจารย์ที่ปรึกษา : ผู้ช่วยศาสตราจารย์.ดร.สุเทพ ธีรยวัน, จำนวนหน้า 104 หน้า. ISBN 974-17-3202-3.

กลุ่มแบคทีเรีย ซึ่งคัดแยกได้จากตัวอย่างน้ำเสียที่ปนเปื้อนจากน้ำมัน น้ำมันเครื่องสามารถย่อยสลายอะซีแนพทีน พีแนนทีน ฟลูออรีน และฟลูออแรนทีน เพื่อใช้เป็นแหล่งคาร์บอนและพลังงานได้ กลุ่มแบคทีเรียดังกล่าวประกอบด้วยแบคทีเรีย 3 สายพันธุ์ *Sphingomonas* sp. สายพันธุ์ SP2 เป็นหนึ่งในแบคทีเรียที่คัดแยกจากกลุ่มแบคทีเรีย จำแนกชนิดโดยใช้ลักษณะทางสัณฐานวิทยาและชีวเคมี ร่วมกับการวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ของ 16 เอสโรโบไซม์ดีเอ็นเอ *Sphingomonas* sp. สายพันธุ์ SP2 สามารถย่อยสลายอะซีแนพทีน เพื่อใช้เป็นแหล่งคาร์บอนและพลังงานได้ แต่ไม่สามารถย่อยสลายแนพทาลีน, อะซีแนพทีน, ไดเบนโซฟูแรน, พีแนนทีน, แอนทราซีน, ฟลูออรีน, ฟลูออแรนทีน และไพรีนได้ โดยสามารถย่อยสลายอะซีแนพทีนความเข้มข้น 900 มก.ต่อลิตร ได้ภายใน 6 วัน ตรวจสอบปริมาณอะซีแนพทีนที่ลดลงโดยไฮเพอร์ฟอร์แมนซ์ลิควิดโครมาโตกราฟี การย่อยสลายอะซีแนพทีนโดย *Sphingomonas* sp. สายพันธุ์ SP2 พบสารมัธยันตร์ทั้งหมด 6 ชนิด ภายหลังจากการเลี้ยงเชื้อ 54 ชั่วโมง และตรวจสอบชนิดของสารมัธยันตร์หลัก 3 ชนิด โดยโครมาโตกราฟีแบบแผ่นบาง และไฮเพอร์ฟอร์แมนซ์ลิควิดโครมาโตกราฟี พบสารมัธยันตร์ที่มีลักษณะคล้ายกับอะซีแนพทีนควิโนน และกรดแนพทาลีน 1,8-ไดคาร์บอกซิลิก โดยเทียบกับสารมาตรฐาน *Sphingomonas* sp. สายพันธุ์ SP2 ถูกยับยั้งการเจริญ และการย่อยสลายอะซีแนพทีน เมื่อโคเมตาบอไลสม์ร่วมกับ แนพทาลีน อะซีแนพทีน และไดเบนโซฟูแรน แต่ละชนิด ที่ความเข้มข้น 200, 75 และ 75 มก.ต่อลิตร ตามลำดับ

สถาบันวิทยบริการ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

ภาควิชา ...จุลชีววิทยา.....ลายมือชื่อนิสิต.....
สาขาวิชา... จุลชีววิทยาทางอุตสาหกรรม.....ลายมือชื่ออาจารย์ที่ปรึกษา.....
ปีการศึกษา ..2545.....

4372520223: MAJOR INDUSTRIAL MICROBIOLOGY

KEY WORD: *Sphingomonas* sp./ acenaphthene/ biodegradation/ cometabolism

AORNSUPA SAIPHET : BIODEGRADATION OF POLYCYCLIC AROMATIC HYDROCARBONS BY ACENAPHTHENE DEGRADING BACTERIA. THESIS ADVISOR: ASSIST. PROF. SUTHEP THANİYAVAN, 104 pp. ISBN 974-17-3202-3.

A bacteria consortium, isolated from waste water contaminated with gas and oil , was found capable of degrading a range of PAHs including phenanthrene, acenaphthene, fluorene and fluoranthene. The consortium contains three predominant isolates, one of which was identified as *Sphingomonas* sp. via its morphological and biochemical characteristics along with 16S rDNA gene sequencing and consequently designated as *Sphingomonas* sp. SP2 . The organism was able to use acenaphthene as carbon and energy source but unable to use naphthalene, acenaphthylene, dibenzofuran, phenanthrene, anthracene, fluorene, fluoranthene and pyrene. Cultivation of the organism in minimum medium supplemented with acenaphthene, revealed that the organism could utilize 900 mg/L acenaphthene down to undetectable amount via HPLC within 6 days of which six metabolic products were detected by TLC after 54 h of cultivation. The three major metabolites were further isolated, purified and identified by TLC and HPLC with reference to standard compounds, one of which was likely either acenaphthenequinone or naphthalene 1,8-dicarboxylic acid. It was also found that growth and degradative ability toward acenaphthene of *Sphingomonas* sp. SP2 was inhibited during cometabolism with 75 mg/L acenaphthene, 200 mg/L naphthalene or 75 mg/L dibenzofuran.

Department.... Microbiology..... Student's Signature.....

Field of study ..Industrail Microbiology.... Advisor's signature.....

Academic year 2002

กิตติกรรมประกาศ

วิทยานิพนธ์ฉบับนี้สำเร็จไปได้ด้วยดีด้วยความช่วยเหลืออย่างดียิ่งของผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร.สุเทพ ธานีวัน อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์ ที่ได้กรุณาให้ความรู้ คำแนะนำและข้อคิดเห็นต่างๆ ตลอดจนตรวจแก้ต้นฉบับวิทยานิพนธ์ ซึ่งผู้วิจัยขอกราบขอบพระคุณเป็นอย่างสูงไว้ ณ ที่นี้ด้วย

ขอกราบขอบพระคุณรองศาสตราจารย์ ดร.ไพเราะ ปิ่นพานิชการ ที่กรุณารับเป็นประธานกรรมการในการสอบ ตลอดจนให้ความรู้ คำแนะนำต่างๆ แก่ผู้วิจัยตลอดระยะเวลาการศึกษา ขอกราบขอบพระคุณรองศาสตราจารย์ ดร. กาญจนา จันทองจีน และผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร. กอบชัย ภัทรกุลวณิชย์ ที่กรุณารับเป็นกรรมการในการสอบ และให้ความรู้ คำแนะนำต่างๆ ตลอดจนช่วยแก้ไขวิทยานิพนธ์ฉบับนี้ให้สมบูรณ์ยิ่งขึ้น

กราบขอบพระคุณอาจารย์ ดร. สุพัฒน์ เจริญพรวัฒนา ที่กรุณาให้ความรู้ และคำแนะนำต่างๆ เกี่ยวกับการหาลำดับนิวคลีโอไทด์ของ 16 เอส โรโบโซมัลดีเอ็นเอ แก่ผู้วิจัย

กราบขอบพระคุณรองศาสตราจารย์ ดร. กาญจนา ชาญสง่าเวช ที่กรุณาให้สารเคมีและไพรเมอร์ สำหรับการทำปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอเรส และ การหาลำดับนิวคลีโอไทด์ของ 16 เอส โรโบโซมัลดีเอ็นเอ แก่ผู้วิจัย

กราบขอบพระคุณอาจารย์ทุกท่านในภาควิชาจุลชีววิทยาที่กรุณาให้ความรู้ และคำแนะนำต่างๆ แก่ผู้วิจัย

ขอขอบคุณเจ้าหน้าที่ในภาควิชาจุลชีววิทยาทุกท่าน ตลอดจนพี่ๆ เพื่อนๆ และน้องๆ ทุกคนที่มีส่วนช่วยเหลือและให้กำลังใจตลอดมา

สุดท้ายขอกราบขอบพระคุณบิดา มารดา และพี่ ที่ให้การสนับสนุนและความช่วยเหลือตลอดจนกำลังใจแก่ผู้วิจัยเสมอมา

สงขลานครินทร์วิทยาบริการ
จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

สารบัญ

	หน้า
บทคัดย่อภาษาไทย.....	ง
บทคัดย่อภาษาอังกฤษ.....	จ
กิตติกรรมประกาศ.....	ฉ
สารบัญ.....	ช
สารบัญตาราง.....	ซ
สารบัญรูป.....	ณ
บทที่	
1. บทนำ.....	1
2. วารสารปริทัศน์.....	4
3. อุปกรณ์และวิธีดำเนินงานวิจัย.....	25
4. ผลการทดลอง	43
5. สรุปและอภิปรายผลการทดลอง.....	79
6. ข้อเสนอแนะในการวิจัย.....	86
รายการอ้างอิง.....	87
ภาคผนวก	
ภาคผนวก ก.....	96
ภาคผนวก ข.....	98
ภาคผนวก ค.....	102
ภาคผนวก ง.....	103
ประวัติผู้เขียนวิทยานิพนธ์.....	104

สารบัญตาราง

ตารางที่		หน้า
2.1	โครงสร้างและสมบัติทางเคมีของสาร PAHs 16 ชนิด (Schirmer และคณะ, 1998).....	5
2.2	จุลินทรีย์ที่สามารถย่อยสลายอะซีแนพธีน.....	20
3.1	แหล่งตัวอย่างน้ำที่ใช้ในการคัดเลือกแบคทีเรียที่ย่อยสลายสาร PAHs ได้.....	29
3.2	โพลิโนวคลีโอไทด์ไพรเมอร์ที่ใช้สำหรับหาลำดับนิวคลีโอไทด์ของ 16 เอสโรโซมัลดีเอ็นเอของแบคทีเรียสายพันธุ์ SP2.....	35
4.1	การย่อยสลายสาร PAHs ของจุลินทรีย์ในตัวอย่างน้ำ.....	44
4.2	ลักษณะของอาหารเลี้ยงเชื้อเมื่อเติมกลุ่มแบคทีเรียจากตัวอย่างน้ำที่ 6 หลังการถ่ายเชื้อ 5 ครั้ง.....	45
4.3	ลักษณะโคโลนีของแบคทีเรียซึ่งคัดแยกได้จากตัวอย่างน้ำที่ 6.....	47
4.4	ลักษณะทางสัณฐานวิทยาของแบคทีเรียสายพันธุ์ SP2.....	49
4.5	ลักษณะทางชีวเคมีของแบคทีเรียสายพันธุ์ SP2.....	51
4.6	ลักษณะการเรืองแสงอัลตราไวโอเล็ตของสารมัธยันตร์ที่เกิดจากการย่อยสลายอะซีแนพธีนโดย <i>Sphingomonas</i> sp. สายพันธุ์ SP2.....	61

สารบัญรูป

รูปที่		หน้า
2.1	โครงสร้างโมเลกุลของอะซีแนพรีน.....	6
2.2	การย่อยสลายสาร PAHs โดยแบคทีเรีย.....	11
2.3	วิธีการย่อยสลายสาร PAHs ทั่วไปโดยแบคทีเรีย (Cerniglia, 1992).....	15
2.4	วิธีการย่อยสลายเนฟธาลินในส่วน upper pathway (Eaton และChapman, 1992).....	16
2.5	วิธีการย่อยสลายกรดซาลิไซลิก (Yen และ Gunsalus, 1982)) (<i>nahG</i> คือซาลิไซเลส ไฮดรอกซีเลส, <i>nahH</i> คือคาทีคอล-2,3-ไดออกซีจีเนส, <i>nahI</i> คือ 2-ไฮดรอกซีมิวโคนิกเซมิอัลดีไฮด์ ดีไฮโดรจีเนส, <i>nahJ</i> คือ 2-ไฮดรอกซีมิวโคเนท ดีไฮโดรจีเนส, <i>nahK</i> คือ 4-ออกซาโลโครโตเนท ดีคาร์บอกซิเลส, <i>nahL</i> คือ 2-ออกโซเพนท์-4-อีโนเอท ไฮดราเลส, <i>nahM</i> คือ 4-ไฮดรอกซี-2-คีโตวาเลเรท อัลโดเลส, <i>nahN</i> คือ 2-ไฮดรอกซีมิวโคนิกเซมิอัลดีไฮด์ ไฮโดรเลส).....	18
2.6	วิธีการย่อยสลายกรดซาลิไซลิกโดย <i>Rhodococcus</i> sp. สายพันธุ์ B4 (Grund และคณะ, 1992).....	19
2.7	วิธีการย่อยสลายกรดเจนนีลิกโดย <i>Pseudomonas</i> sp. สายพันธุ์ U2 (Ning และคณะ, 2001) (<i>NagI</i> คือเจนนีลิก-1,2-ไดออกซีจีเนส, <i>NagL</i> คือมาริลไพรูเวท ไฮโดรเมอเรส, <i>NagK</i> คือ พูมาริลไพรูเวท ไฮโดรเลส.....	19
2.8	วิธีการย่อยสลายอะซีแนพรีน โดย <i>Alcaligenes eutrophus</i> และ <i>A.paradoxus</i> (Selifonov และคณะ, 1991).....	22
2.9	วิธีการย่อยสลายอะซีแนพรีน โดย <i>Cunninghamella elegans</i> (Pothuluri และคณะ, 1992).....	24
4.1	ลักษณะของอาหารเลี้ยงเชื้อเหลว CFMM ที่มีฟลูออแรนธิน (1)อะซีแนพรีน (2) ฟีนานทรีน (3)และฟลูออรีน(4) หลังการเลี้ยงเชื้อจากแหล่งน้ำที่ 6 เป็นเวลา 7 วัน หลังจากการถ่ายเชื้อ 5 ครั้งเปรียบเทียบกับชุดควบคุม.....	45
4.2	ลักษณะโคโลนีแบคทีเรียสายพันธุ์ SP1, SP2 และ SP3 ที่เจริญบนอาหารแข็ง LB เป็นเวลา 3 วัน ที่อุณหภูมิ 30 °ซ.....	47
4.3	ลักษณะโคโลนีแบคทีเรียสายพันธุ์ SP2 ที่เจริญบนอาหารแข็ง LB เป็นเวลา 3 วัน ที่อุณหภูมิ 30 °ซ.....	49
4.4	ลักษณะการติสซึ่มของแบคทีเรียสายพันธุ์ SP2 ภายใต้กล้องจุลทรรศน์.....	50

4.5	ลักษณะรูปร่างของแบคทีเรียสายพันธุ์ SP2 ภายใต้กล้องจุลทรรศน์สเตอริโอ.....	50
4.6	ขนาดขึ้นยีน 16 เอสไอบีโอซีเอ็มดีเอ็นเอ ของแบคทีเรียสายพันธุ์ SP2.....	52
4.7	ลำดับนิวคลีโอไทด์ของ 16 เอสไอบีโอซีเอ็มดีเอ็นเอ ของแบคทีเรียสายพันธุ์ SP2 เปรียบเทียบกับ <i>Sphingomonas</i> sp. สายพันธุ์ D16.....	54
4.8	ลักษณะอาหารเลี้ยงเชื้อเหลว CFMM ที่เกิดจากการย่อยสลายอะซีแนพรีนที่ ความเข้มข้น 100 มก.ต่อลิตร โดย <i>Sphingomonas</i> sp. สายพันธุ์ SP2 เป็น เวลา 7 วัน	56
4.9	ก. การเจริญของแบคทีเรีย <i>Sphingomonas</i> sp. สายพันธุ์ SP2 ในการย่อย สลายอะซีแนพรีนความเข้มข้น 100 มก.ต่อลิตร ข. การเจริญของแบคทีเรีย <i>Sphingomonas</i> sp. สายพันธุ์ SP2 ในการย่อย สลายอะซีแนพรีนความเข้มข้น 300 มก.ต่อลิตร ค. การเจริญของแบคทีเรีย <i>Sphingomonas</i> sp. สายพันธุ์ SP2 ในการย่อย สลายอะซีแนพรีนความเข้มข้น 500 มก.ต่อลิตร ง. การเจริญของแบคทีเรีย <i>Sphingomonas</i> sp. สายพันธุ์ SP2 ในการย่อย สลายอะซีแนพรีนความเข้มข้น 700 มก.ต่อลิตร จ. การเจริญของแบคทีเรีย <i>Sphingomonas</i> sp. สายพันธุ์ SP2 ในการย่อย สลายอะซีแนพรีนความเข้มข้น 900 มก.ต่อลิตร.....	57
4.10	ก. TLC โคโรมาโตแกรม สารมัธยันตร์ที่เกิดจากการย่อยสลายอะซีแนพรีนที่ ความเข้มข้น 100 มก.ต่อลิตร ข. TLC โคโรมาโตแกรม สารมัธยันตร์ที่เกิดจากการย่อยสลายอะซีแนพรีนที่ ความเข้มข้น 300 มก.ต่อลิตร ค. TLC โคโรมาโตแกรม สารมัธยันตร์ที่เกิดจากการย่อยสลายอะซีแนพรีนที่ ความเข้มข้น 500 มก.ต่อลิตร ง. TLC โคโรมาโตแกรม สารมัธยันตร์ที่เกิดจากการย่อยสลายอะซีแนพรีนที่ ความเข้มข้น 700 มก.ต่อลิตร จ. TLC โคโรมาโตแกรม สารมัธยันตร์ที่เกิดจากการย่อยสลายอะซีแนพรีนที่ ความเข้มข้น 900 มก.ต่อลิตร.....	58
4.11	ก. HPLC โคโรมาโตแกรม ชนิดและปริมาณของสารมัธยันตร์ที่เกิดจากการย่อย สลายอะซีแนพรีนความเข้มข้น 500 มก.ต่อลิตร ที่เวลา 0 วัน ข. HPLC โคโรมาโตแกรม ชนิดและปริมาณของสารมัธยันตร์ที่เกิดจากการย่อย สลายอะซีแนพรีนความเข้มข้น 500 มก.ต่อลิตร ที่เวลา 1 วัน	

	ค. HPLCโครมาโตแกรม ชนิดและปริมาณของสารมัธยันตร์ที่เกิดจากการย่อยสลายอะซีแนพรีนความเข้มข้น 500 มก.ต่อลิตร ที่เวลา 2 วัน	
	ง. HPLCโครมาโตแกรม ชนิดและปริมาณของสารมัธยันตร์ที่เกิดจากการย่อยสลายอะซีแนพรีนความเข้มข้น 500 มก.ต่อลิตร ที่เวลา 3 วัน	
	จ. HPLC โครมาโตแกรม ชนิดและปริมาณของสารมัธยันตร์ที่เกิดจากการย่อยสลายอะซีแนพรีนความเข้มข้น 500 มก.ต่อลิตร ที่เวลา 4 วัน	
	ฉ. HPLCโครมาโตแกรม ชนิดและปริมาณของสารมัธยันตร์ที่เกิดจากการย่อยสลายอะซีแนพรีนความเข้มข้น 500 มก.ต่อลิตร ที่เวลา 5 วัน	
	ช. HPLCโครมาโตแกรม ชนิดและปริมาณของสารมัธยันตร์ที่เกิดจากการย่อยสลายอะซีแนพรีนความเข้มข้น 500 มก.ต่อลิตร ที่เวลา 6 วัน	
	ซ. HPLCโครมาโตแกรม ชนิดและปริมาณของสารมัธยันตร์ที่เกิดจากการย่อยสลายอะซีแนพรีนความเข้มข้น 500 มก.ต่อลิตร ที่เวลา 7 วัน.....	59
4.12	TLC โครมาโตแกรมแสดงสารมัธยันตร์ที่เกิดจากการย่อยสลายอะซีแนพรีนความเข้มข้น 500มก.ต่อลิตร เป็นเวลา 7 วัน.....	60
4.13	ก. TLCโครมาโตแกรม สารมัธยันตร์ในสารสกัดที่เป็นกลางและกรดที่ได้จากการย่อยสลายอะซีแนพรีน เป็นเวลา 54 ชม. ที่วิเคราะห์ด้วยวิธีanalytical TLC	
	ข. TLCโครมาโตแกรม สารมัธยันตร์ในสารสกัดที่เป็นกลางและกรดที่ได้จากการย่อยสลายอะซีแนพรีน เป็นเวลา 54 ชม. ที่วิเคราะห์ด้วยวิธีpreparative TLC...	62
4.14	ก. HPLCโครมาโตแกรม สารมัธยันตร์บริสุทธิ์ A ที่มีค่าR _f เท่ากับ 0.63 ที่เกิดจากการย่อยสลายอะซีแนพรีน	
	ข. HPLCโครมาโตแกรม สารมัธยันตร์บริสุทธิ์ A ที่มีค่าR _f เท่ากับ 0.41 ที่เกิดจากการย่อยสลายอะซีแนพรีน	
	ค. HPLCโครมาโตแกรม สารมัธยันตร์บริสุทธิ์ A ที่มีค่าR _f เท่ากับ 0.25 ที่เกิดจากการย่อยสลายอะซีแนพรีน.....	62
4.15	TLC โครมาโตแกรมของสารมัธยันตร์ A B C เปรียบเทียบกับอะซีแนพรีนควิโนน กรดแนพธาไลน์ 1,8 -ไดคาร์บอกซิลิก กรดซาลิไซลิก 2,5 ไดไฮดรอกซีเบนโซอิก และ กรดโปรโตคาที่คูอิก.....	63
4.16	ก. HPLCโครมาโตแกรม สารมัธยันตร์ A ร่วมกับอะซีแนพรีนควิโนน	
	ข. HPLCโครมาโตแกรม สารมัธยันตร์ A ร่วมกับกรดแนพธาไลน์ 1,8 -ไดคาร์บอกซิลิก.....	64
4.17	ก. การย่อยสลายแนพธาไลน์โดย <i>Sphingomonas</i> sp. สายพันธุ์ SP2	

	ข. การย่อยสลายไคเบนโซฟูแรนโดย <i>Sphingomonas</i> sp. สายพันธุ์ SP2	
	ค. การย่อยสลายไพรีนโดย <i>Sphingomonas</i> sp. สายพันธุ์ SP2	
	ง. การย่อยสลายอะซีแนฟริลีนโดย <i>Sphingomonas</i> sp. สายพันธุ์ SP2.....	65
	จ. การย่อยสลายแอนทราซีนโดย <i>Sphingomonas</i> sp. สายพันธุ์ SP2	
	ฉ. การย่อยสลายฟีนานทรีนโดย <i>Sphingomonas</i> sp. สายพันธุ์ SP2	
	ช. การย่อยสลายฟลูออรีนโดย <i>Sphingomonas</i> sp. สายพันธุ์ SP2	
	ซ. การย่อยสลายฟลูออแรนธินโดย <i>Sphingomonas</i> sp. สายพันธุ์ SP2.....	66
4.18	ก.การย่อยสลายแนพทาลีนแบบโคเมตาบอลิสมโดย <i>Sphingomonas</i> sp. สายพันธุ์ SP2	
	ข.การย่อยสลายแอนทราซีนแบบโคเมตาบอลิสมโดย <i>Sphingomonas</i> sp. สายพันธุ์ SP2	
	ค.การย่อยสลายไคเบนโซฟูแรนแบบโคเมตาบอลิสมโดย <i>Sphingomonas</i> sp. สายพันธุ์ SP2.....	68
	ง.การย่อยสลายฟลูออแรนธินแบบโคเมตาบอลิสมโดย <i>Sphingomonas</i> sp. สายพันธุ์ SP2	
	จ.การย่อยสลายไพรีนแบบโคเมตาบอลิสมโดย <i>Sphingomonas</i> sp. สายพันธุ์ SP2	
	ฉ.การย่อยสลายอะซีแนฟริลีนแบบโคเมตาบอลิสมโดย <i>Sphingomonas</i> sp. สายพันธุ์ SP2.....	69
	ช.การย่อยสลายฟลูออรีนแบบโคเมตาบอลิสมโดย <i>Sphingomonas</i> sp. สายพันธุ์ SP2	
	ซ.การย่อยสลายฟีนานทรีนแบบโคเมตาบอลิสมโดย <i>Sphingomonas</i> sp. สายพันธุ์ SP2.....	70
4.19	ก. การเจริญของ <i>Sphingomonas</i> sp. สายพันธุ์ SP2 ย่อยสลายอะซีแนฟริลีนแบบโคเมตาบอลิสม	
	ข.การเจริญของ <i>Sphingomonas</i> sp. สายพันธุ์ SP2 เมื่อย่อยสลายไคเบนโซฟูแรนแบบโคเมตาบอลิสม	
	ค. การเจริญของ <i>Sphingomonas</i> sp. สายพันธุ์ SP2 เมื่อย่อยสลายแนพทาลีนแบบโคเมตาบอลิสม.....	72
4.20	ก. การเจริญของ <i>Sphingomonas</i> sp. สายพันธุ์ SP2 เมื่อย่อยสลายอะซีแนฟริลีนความเข้มข้น 75 มก.ต่อลิตรแบบโคเมตาบอลิสม	

	ข. การเจริญของ <i>Sphingomonas</i> sp. สายพันธุ์ SP2 เมื่อย่อยสลายอะซีแนพริลีน ความเข้มข้น 50 มก.ต่อลิตรแบบโคเมตาบอลิซึม	
	ค. การเจริญของ <i>Sphingomonas</i> sp. สายพันธุ์ SP2 เมื่อย่อยสลายอะซีแนพริลีน ความเข้มข้น 25 มก.ต่อลิตรแบบโคเมตาบอลิซึม.....	74
4.21	ก.การเจริญของ <i>Sphingomonas</i> sp. สายพันธุ์ SP2 เมื่อย่อยสลายเนพธาลิน ความเข้มข้น 250 มก.ต่อลิตรแบบโคเมตาบอลิซึม	
	ข.การเจริญของ <i>Sphingomonas</i> sp. สายพันธุ์ SP2 เมื่อย่อยสลายเนพธาลิน ความเข้มข้น 200 มก.ต่อลิตรแบบโคเมตาบอลิซึม	
	ค.การเจริญของ <i>Sphingomonas</i> sp. สายพันธุ์ SP2 เมื่อย่อยสลายเนพธาลิน ความเข้มข้น 150 มก.ต่อลิตรแบบโคเมตาบอลิซึม	
	ง.การเจริญของ <i>Sphingomonas</i> sp. สายพันธุ์ SP2 เมื่อย่อยสลายเนพธาลิน ความเข้มข้น 100 มก.ต่อลิตรแบบโคเมตาบอลิซึม.....	75
4.22	ก.การเจริญของ <i>Sphingomonas</i> sp. สายพันธุ์ SP2 เมื่อย่อยสลายไดเบนโซฟูแรนความเข้มข้น 75 มก.ต่อลิตรแบบโคเมตาบอลิซึม	
	ข.การเจริญของ <i>Sphingomonas</i> sp. สายพันธุ์ SP2 เมื่อย่อยสลายไดเบนโซฟูแรนความเข้มข้น 50 มก.ต่อลิตรแบบโคเมตาบอลิซึม	
	ค.การเจริญของ <i>Sphingomonas</i> sp. สายพันธุ์ SP2 เมื่อย่อยสลายไดเบนโซฟูแรนความเข้มข้น 25 มก.ต่อลิตรแบบโคเมตาบอลิซึม	76
4.23	ก. การเจริญของ <i>Sphingomonas</i> sp. สายพันธุ์ SP2 แบบโคเมตาบอลิซึมโดยเติมเนพธาลินภายหลังการเจริญของแบคทีเรีย	
	ข. การเจริญของ <i>Sphingomonas</i> sp. สายพันธุ์ SP2 แบบโคเมตาบอลิซึมโดยเติมไดเบนโซฟูแรนภายหลังการเจริญของแบคทีเรีย	
	ค. การเจริญของ <i>Sphingomonas</i> sp. สายพันธุ์ SP2 แบบโคเมตาบอลิซึมโดยเติมอะซีแนพริลีนภายหลังการเจริญของแบคทีเรีย.....	78

บทที่ 1

บทนำ

ปัจจุบันเป็นที่ยอมรับกันโดยทั่วไปว่าภาคอุตสาหกรรมจัดเป็นแหล่งสำคัญของมลพิษที่ปล่อยออกสู่สิ่งแวดล้อม ด้วยการพัฒนาเศรษฐกิจของประเทศจากระบบเกษตรกรรมสู่ระบบอุตสาหกรรมทำให้เกิดการขยายตัวของอุตสาหกรรมเป็นอย่างมากในช่วงระยะ 10 ปีที่ผ่านมา โดยมีอัตราการขยายตัวของภาคอุตสาหกรรมโดยเฉลี่ยเพิ่มสูงขึ้นร้อยละ 13.7 ต่อปี (เครือข่ายความร่วมมือมหาวิทยาลัยไทยด้านการจัดการสิ่งแวดล้อม, 2545) ผลที่ติดตามมาคือการใช้เชื้อเพลิงเพิ่มมากขึ้น โดยส่วนใหญ่อยู่ในภาคการขนส่ง ในรูปยานพาหนะ และภาคการผลิต ในรูปเครื่องจักรกลสำหรับการผลิตสินค้า แม้ว่าการพัฒนาทางอุตสาหกรรมจะทำให้เกิดความมั่นคงทางเศรษฐกิจ เกิดการสร้างงานในชุมชนและทำให้คุณภาพชีวิตของประชากรดีขึ้นก็ตามแต่ผลเสียที่ตามมาคือปัญหาสิ่งแวดล้อมเป็นพิษ ทั้งในดิน แหล่งน้ำ และอากาศ อันเนื่องมาจากการปล่อยของเสียมีพิษจากแหล่งต่างๆทั้งจากบ้านเรือนและโรงงานอุตสาหกรรมออกสู่สิ่งแวดล้อม จากข้อมูลการสำรวจของกรมควบคุมมลพิษ กระทรวงวิทยาศาสตร์ เทคโนโลยีและสิ่งแวดล้อม ในปี พ.ศ. 2539 พบว่าปริมาณกากของเสียอันตรายที่เกิดขึ้นทั่วประเทศมีทั้งสิ้น 1.6 ล้านตัน ในจำนวนนี้เป็นกากของเสียอันตรายที่เกิดจากโรงงานอุตสาหกรรมประมาณ 1.2 ล้านตัน หรือคิดเป็นร้อยละ 73.3 ของกากของเสียอันตรายที่เกิดขึ้นทั้งหมด ทั้งนี้จากจำนวนโรงงานอุตสาหกรรมทั่วประเทศประมาณ 104,000 โรงงาน มีโรงงานอุตสาหกรรมที่ก่อให้เกิดของเสียอันตรายอันมีผลต่อสุขภาพร่างกายของมนุษย์และคุณภาพสิ่งแวดล้อมอยู่ประมาณ 16,000 โรงงาน เช่น อุตสาหกรรมปิโตรเลียม อุตสาหกรรมเคมี อุตสาหกรรมพลาสติก อุตสาหกรรมแบตเตอรี่ อุตสาหกรรมถลุงโลหะ อุตสาหกรรมกำจัดศัตรูพืช เป็นต้น (กรมควบคุมมลพิษ, 2541) ในจำนวนนี้มีของเสียที่จัดเป็นของเสียอันตรายประเภทน้ำมันและปิโตรเลียมด้วย โดยของเสียประเภทนี้มีส่วนประกอบสารอินทรีย์หลายชนิดและที่สำคัญคือ สารในกลุ่มพอลิไซคลิกอะโรมาติกไฮโดรคาร์บอน (Polycyclic Aromatic Hydrocarbons, PAHs)

สาร PAHs เป็นสารประกอบอินทรีย์ที่มีโครงสร้างของคาร์บอนและไฮโดรเจนรวมกันเป็นวงอะโรมาติกเบนซีนมาเชื่อมต่อกันเป็นเส้นตรง (linear) เป็นมุมงอ (angular) หรือเป็นกลุ่ม (cluster) ตั้งแต่ 2 วงขึ้นไป จัดเป็นสารที่ก่อให้เกิดอันตรายร้ายแรงต่อสิ่งมีชีวิตเนื่องจากความเป็นพิษของตัวมัน เป็นสารซึ่งก่อให้เกิดมะเร็ง (carcinogen) เป็นสารที่ก่อให้เกิดการเปลี่ยนแปลงของยีน (mutagen) และเป็นสารที่ก่อให้เกิดลักษณะทารกในครรภ์มีรูปร่างวิปริต (teratogen) (WHO, 1983 อ้างถึงโดย Wilson และ Jones, 1993) โดยสารเหล่านี้มีแหล่งกำเนิดมาจากกระบวนการ

ผลิตในภาคอุตสาหกรรม น้ำมัน ถ่านหิน กระบวนการเผาไหม้ที่ไม่สมบูรณ์ของเชื้อเพลิงฟอสซิล (Volkering และคณะ, 1992) นอกจากนี้สาร PAHs ยังสามารถเกิดขึ้นได้เองตามธรรมชาติจากการรั่วซึมของน้ำมันตามธรรมชาติ ไฟไหม้ป่า และภูเขาไฟระเบิด (Cerniglia, 1992)

อะซีแนพทีน เป็นหนึ่งในสารประกอบในกลุ่มสาร PAHs ที่มีวงเบนซีน 2 วงเชื่อมต่อกับวงแหวน ไซโคลเพนเทน 1 วง มีการเรียงตัวเป็นกลุ่ม พบเป็นส่วนประกอบของสารครีโอโซต (creosote) (Mueller และคณะ, 1989) น้ำมันดำจาก ถ่านหิน (coal tar) และในควินบุหรี (Neurath, 1972) ก่อให้เกิดความเป็นพิษทั้งแบบเฉียบพลันและแบบเรื้อรัง ทำให้สัตว์น้ำตาย (Holcomb และคณะ, 1983) และเกิดกลายพันธุ์ของแมลง *Candida scothii* (Imshenetskii และคณะ, 1985) The United State Environmental Protection Agency (USEPA) จัดอะซีแนพทีน (acenaphthene) และสาร PAHs รวมทั้งหมด 16 ชนิด อยู่ในกลุ่มของสารก่อมลพิษที่ต้องป้องกันการปนเปื้อนและกำจัดออกจากสิ่งแวดล้อมอย่างเร่งด่วน (WHO, 1983 อ้างถึงโดย Wilson และ Jones, 1993)

ปัญหามลพิษในสิ่งแวดล้อมที่เกิดขึ้นในปัจจุบัน นักวิทยาศาสตร์ได้พยายามหาแนวทางที่มีประสิทธิภาพในการกำจัดสารพิษกลุ่มนี้ หนึ่งในวิธีการที่ใช้คือกระบวนการย่อยสลายทางชีวภาพ (bioremediation) โดยการใช้ประโยชน์จากความสามารถของจุลินทรีย์มาสลายสารพิษให้มีความเป็นพิษลดลงหรือหมดไป (Mueller และคณะ, 1989) ซึ่งเป็นวิธีที่ดีกว่าการบำบัดทางเคมี การฝังกลบ และการเผาที่อุณหภูมิสูง เนื่องจากปลอดภัยต่อสิ่งแวดล้อม ค่าใช้จ่ายต่ำ (Lee และ Cutright, 1996) และไม่ก่อให้เกิดสารพิษชนิดใหม่ที่มีอันตรายมากกว่าเดิม เนื่องจากจุลินทรีย์ใช้สารพิษเป็นแหล่งพลังงานและคาร์บอน

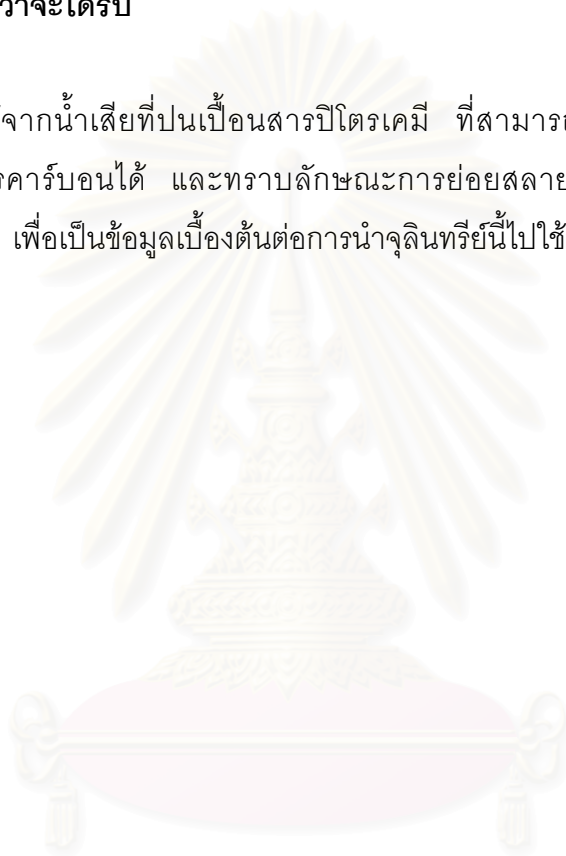
อย่างไรก็ตามการย่อยสลายสาร PAHs ทางชีวภาพนั้น ยังมีข้อจำกัดอยู่บ้างเช่น จุลินทรีย์ส่วนใหญ่ไม่สามารถย่อยสลายสาร PAHs ที่มีน้ำหนักโมเลกุลสูง ซึ่งมีความเป็นพิษสูง ละลายน้ำได้ต่ำ และมีความคงตัวมาก จึงยากต่อการย่อยสลายโดยจุลินทรีย์ได้ (Wilson และ Jones, 1993) แต่การย่อยสลายโดยกลุ่มจุลินทรีย์ (consortium) (Bouchez และคณะ, 1995) และโคเมตาบอลิซึม (co-metabolism) (Wilson และ Jones, 1993) เป็นกระบวนการที่ทำให้การย่อยสลายสาร PAHs มีประสิทธิภาพมากยิ่งขึ้น ดังนั้นการคัดเลือกแบคทีเรียที่มีความสามารถในการย่อยสลายสาร PAHs จึงเป็นสิ่งสำคัญ อีกทั้งประเทศไทยตั้งอยู่ในพื้นที่ภูมิอากาศแบบร้อนชื้น ทำให้มีความหลากหลายทางชีวภาพสูงรวมถึงจุลินทรีย์ด้วย จึงมีความเป็นไปได้ที่จะสามารถคัดเลือกจุลินทรีย์ท้องถิ่นที่มีประสิทธิภาพในการย่อยสลายสารกลุ่มนี้ โดยมีข้อดีที่จุลินทรีย์ที่คัดเลือกได้ย่อมสามารถปรับตัวได้ดีกับสภาพดินฟ้าอากาศท้องถิ่น (Wilson และ Jones, 1993) ซึ่งคาดว่าจะสามารถนำไปใช้เพื่อการบำบัดหรือกำจัดสารกลุ่มนี้จากสิ่งแวดล้อมที่มีการปนเปื้อนสาร PAHs ในประเทศไทยได้

วัตถุประสงค์ของงานวิจัย

คัดแยก และจำแนกชนิดแบคทีเรียสายพันธุ์ใหม่ ที่สามารถย่อยสลายสารพอลิไซคลิกอะโรมาติกไฮโดรคาร์บอน รวมไปถึงศึกษาการเจริญ และความสามารถในการย่อยสลายสารพอลิไซคลิกอะโรมาติกไฮโดรคาร์บอน ของแบคทีเรียที่คัดแยกได้

ประโยชน์ที่คาดว่าจะได้รับ

แยกแบคทีเรียได้จากน้ำเสียที่ปนเปื้อนสารปิโตรเคมี ที่สามารถย่อยสลายสารพอลิไซคลิกอะโรมาติกไฮโดรคาร์บอนได้ และทราบลักษณะการย่อยสลายสารพอลิไซคลิกอะโรมาติกไฮโดรคาร์บอน เพื่อเป็นข้อมูลเบื้องต้นต่อการนำจุลินทรีย์นี้ไปใช้ประโยชน์ในการบำบัดปัญหาสิ่งแวดล้อมต่อไป



สถาบันวิทยบริการ
จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

บทที่ 2

วารสารปริทัศน์

สารพอลิไซคลิกอะโรมาติกไฮโดรคาร์บอน (Polycyclic Aromatic Hydrocarbons, PAHs) เป็นสารประกอบอินทรีย์ที่พบปนเปื้อนอยู่ทั่วไปในสิ่งแวดล้อมทั้งในแหล่งน้ำ ดิน และอากาศ สาร PAHs เกิดจากกระบวนการสังเคราะห์ตามธรรมชาติ หรือจากกิจกรรมต่างๆของมนุษย์ เช่น การเผาไหม้เชื้อเพลิงในชีวิตประจำวัน การติดเครื่องยนต์ การประกอบอาหารในครีวเรือน และจากควันบุหรี่ โดยบริเวณแหล่งโรงงานอุตสาหกรรมปิโตรเคมี อุตสาหกรรมการผลิต และใช้สารเคลือบเนื้อไม้เป็นต้น จะพบการปนเปื้อนของสาร PAHs ในปริมาณสูง เมื่อสาร PAHs ปนเปื้อนในสิ่งแวดล้อม จะตกค้างอยู่ในสิ่งแวดล้อมเป็นเวลานาน เนื่องจากมีโครงสร้างโมเลกุลที่เสถียร โดยปกติในธรรมชาติจะเป็นของแข็ง และละลายน้ำได้น้อยมาก รวมทั้งถูกดูดซับโดยสารอินทรีย์ได้อย่างรวดเร็ว ทำให้สาร PAHs สลายตัวได้ช้ามาก (Grosser และคณะ, 1991) PAHs สามารถเข้าสู่จรรยาอาหารได้ โดยการสะสมอยู่ในพืชที่ขึ้นบนดินและน้ำที่ปนเปื้อนและเข้าสู่สัตว์ผ่านทางห่วงโซ่อาหารทำให้เข้าสู่มนุษย์ได้ในที่สุด (Means และคณะ, 1980) สาร PAHs เข้าสู่ร่างกายมนุษย์ได้ทั้งทางหายใจ รับประทาน และสัมผัสโดยตรงทางผิวหนัง

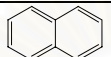
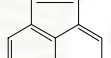

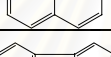
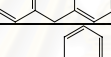
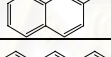
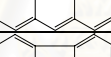
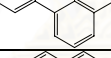
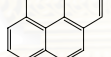
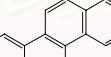

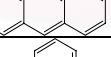
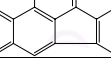
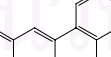
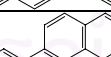
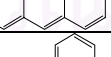
สาร PAHs รวม 16 ชนิดเป็นสารก่อมลพิษที่สำคัญซึ่งทาง The United State Environment Protection Agency (USEPA) จัดให้อยู่ในกลุ่มของสารก่อมลพิษที่ต้องกำจัดออกจากสิ่งแวดล้อมอย่างเร่งด่วน (Cerniglia, 1992) ดังแสดงในตารางที่ 2.1 เนื่องจากพบว่าสาร PAHs หลายชนิดมีความเป็นพิษต่อสิ่งมีชีวิตเป็น สารก่อมะเร็ง (carcinogen) ก่อการกลายพันธุ์ (mutagen) และทำให้ทารกในครรภ์มีรูปร่างผิดปกติ (teratogen) อีกด้วย (Narro และคณะ, 1992)

เมื่อสารเหล่านี้ปนเปื้อนในสิ่งแวดล้อม อาจเกิดการเปลี่ยนแปลงไปโดยกระบวนการต่างๆ ทั้งทางกายภาพ เคมีและชีวภาพ (Ashok และ Saxena ,1995) การย่อยสลายโดยจุลินทรีย์เป็นกระบวนการสำคัญในการกำจัดหรือลดความเป็นพิษของสาร PAHs ความสามารถในการย่อยสลายสาร PAHs พบในจุลินทรีย์ทุกกลุ่มทั้ง แบคทีเรีย รา ไชยาในแบคทีเรีย และสาหร่ายเซลล์เดียว โดยจุลินทรีย์แต่ละกลุ่มจะมีกลไกเฉพาะและแตกต่างกันในการย่อยสลายสาร PAHs

การย่อยสลายสาร PAHs ที่มีน้ำหนักโมเลกุลต่ำเกิดขึ้นได้ง่ายกว่ากลุ่มที่มีน้ำหนักโมเลกุลสูง ดังนั้นจุลินทรีย์อาจต้องอาศัยกิจกรรมร่วมกัน (synergism) หรือกระบวนการโคเมตาบอลิซึมในการย่อยสลายสาร PAHs ที่มีน้ำหนักโมเลกุลสูง (Bouchez และคณะ, 1995) การศึกษาถึงกลไกต่างๆ ที่เกี่ยวข้องกับกระบวนการย่อยสลาย PAHs จึงมีความสำคัญต่อการใช้เป็นข้อมูลพื้น

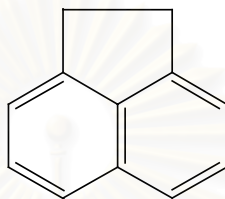
ฐานสำหรับการนำเอาจุลินทรีย์ที่มีประสิทธิภาพมาใช้ในกระบวนการเร่งการย่อยสลายตามธรรมชาติ (bioremediation) เพื่อกำจัดสาร PAHs ออกจากสิ่งแวดล้อม

ตารางที่ 2.1 โครงสร้างและสมบัติทางเคมีของสาร PAHs 16 ชนิด
(Schirmer และคณะ, 1998)

สาร PAHs	โครงสร้าง	น้ำหนักโมเลกุล	การละลายในน้ำที่อุณหภูมิ 25 ^o ซ (มก.ต่อลิตร)
แนฟทาลีน		128.18	31
อะซีแนฟทิลีน		152.20	4.3
อะซีแนฟทีน		154.22	3.9
ฟลูออรีน		166.23	1.9
ฟิแนนทรีน		178.24	1.1
แอนทราซีน		178.24	0.05
ฟลูออแรนทีน		178.24	0.26
ไพรีน		202.26	0.13
ไครซีน		228.30	0.002
เบนซ์[เอ]แอนทราซีน		228.30	0.002
เบนซ์[บี]ฟลูออแรนทีน		252.32	0.0015
เบนซ์[เค]ฟลูออแรนทีน		252.32	0.0008
เบนโซ[เอ]ไพรีน		252.32	0.003
เบนโซ[จี,เอช,ไอ]เพอร์ลิซีน		276.34	0.0003
อินดีโน[1,2,3-ซีดี]ไพรีน		276.34	0.062
ไดเบนซ์[เอ,เอช]แอนทราซีน		278.36	0.0003

อะซีแนฟีน

อะซีแนฟีนเป็นสารประกอบอินทรีย์ชนิดหนึ่งในกลุ่มพอลิไซคลิกอะโรมาติกไฮโดรคาร์บอน มีโครงสร้างโมเลกุลประกอบด้วยคาร์บอน และไฮโดรเจนที่รวมกันเป็นอะโรมาติกเบนซีน 2 วงเชื่อมกับวงไซโคลเพนเทน 1 วง มีการเรียงตัวเป็นกลุ่ม (cluster arrangement) ดังแสดงในรูปที่ 2.1



รูปที่ 2.1 โครงสร้างโมเลกุลของอะซีแนฟีน

สมบัติของอะซีแนฟีน

สูตรโมเลกุล	$C_{12}H_{10}$
น้ำหนักโมเลกุล	154.22
ชื่อสามัญ	อะซีแนฟีน (acenafeno)
ความถ่วงจำเพาะ	0.983
อุณหภูมิหลอมเหลว	95-97 °ซ
อุณหภูมิกลายเป็นไอ	279 °ซ
หมายเลขสากลทางเคมี (Cas Number)	83-32-9
พลังงานเรโซแนนซ์	7.76
ความดันไอ	3 มม. ปรอท ที่อุณหภูมิ 25 °ซ
การละลาย	4.3 มก.ต่อลิตรของน้ำ ที่อุณหภูมิ 25 °ซ ละลายได้ดีใน 95% เอทานอล อีเธอร์ เบนซีน เมทานอล อะซีโตน โทลูอิน
ลักษณะปรากฏ	เป็นผลึกสีขาว

แหล่งกำเนิดอะซีแนพทีน

อะซีแนพทีนพบเป็นส่วนประกอบของน้ำมันดิบ, น้ำมันดำจากถ่านหิน, คิวบีนูทรี (Neurath, 1972) ผลิตภัณฑ์ปิโตรเคมี ผลิตภัณฑ์จากถ่านหิน และเกิดจากการเผาไหม้หรือกระบวนการไพโรไลซิสของเชื้อเพลิงฟอสซิล (Jones และคณะ, 1989) ไอเสียรถยนต์ (Grimmer และคณะ, 1977) นอกจากนี้พบอะซีแนพทีนจากของเสียที่ปล่อยออกมาจากโรงงานอุตสาหกรรมที่เกี่ยวข้องกับผลิตภัณฑ์ถนอมและรักษาเนื้อไม้ (Wilson และ Jones, 1993) ปิโตรเคมี ยาฆ่าแมลง เนื่องจากใช้อะซีแนพทีนในการสังเคราะห์สีย้อม พลาสติกและ ยาฆ่าแมลง (U.S. Environmental protection agency อ้างโดย Pothuluri และคณะ, 1992) จากการรั่วไหลของผลิตภัณฑ์ดังกล่าวจากการนำไปใช้ในกระบวนการอุตสาหกรรม รวมทั้งการขนส่ง การดูแลเก็บรักษา ตลอดจนการกำจัดกากของเสียจากอุตสาหกรรมดังกล่าว ทำให้อะซีแนพทีนปนเปื้อนในอากาศ พื้นดิน แหล่งน้ำใต้ดิน และแหล่งน้ำบนดิน (Mattox และ Humenick, 1980) ในประเทศไทย พบการปนเปื้อนอะซีแนพทีน และสาร PAHs ชนิดอื่น ในน้ำทะเลบริเวณอุตสาหกรรมแปรสภาพเรือเหล็กเก่า มาบตาพุด จังหวัดระยอง (พรศรี, 2533) และในอากาศเขตกรุงเทพมหานคร พบปริมาณสูงในบริเวณเส้นทางการจราจร โดยสาร PAHs จะเกาะติดกับฝุ่นละอองขนาดเล็ก (กรมควบคุมมลพิษ, 2541)

ความเป็นพิษของอะซีแนพทีน

อะซีแนพทีน จัดเป็นสารที่มีผลกระทบต่อสิ่งแวดล้อมก่อให้เกิดความเป็นพิษทั้งแบบเฉียบพลันและแบบเรื้อรัง โดยที่ความเข้มข้น 970 ไมโครกรัมต่อลิตร ทำให้สัตว์น้ำตาย (Holcomb และคณะ, 1983) และที่ความเข้มข้น 413 ไมโครกรัมต่อลิตร ทำให้ตัวอ่อนของปลา *Pimephales promelas* มีพฤติกรรมเฉื่อยชา (Cairns และ Nebeker, 1982) อะซีแนพทีนเป็นสารที่ก่อให้เกิดมะเร็ง (Leaderer, 1985) และก่อให้เกิดการกลายพันธุ์ โดยจะมีผลต่อเซลล์ตับและไตของสัตว์เลี้ยงลูกด้วยนม, เกิดกลายพันธุ์ในแมลง *Candida scothii* (Imshenetskii และคณะ, 1985) ถ้าได้รับอะซีแนพทีนติดต่อกันเป็นเวลานานจะก่อให้เกิดโรคมะเร็งทางเดินหายใจและยังสามารถกระตุ้นให้นิวเคลียส และกระบวนการที่เกี่ยวข้องกับเซลล์ในพืชและจุลินทรีย์เปลี่ยนแปลง โดยทำให้มีขนาดเซลล์และปริมาณดีเอ็นเอเพิ่มขึ้น

การเปลี่ยนแปลงอะซีแนพทีนและสาร PAHs ในสิ่งแวดล้อม

เมื่อเข้าสู่สิ่งแวดล้อม สาร PAHs มักจะสะสมอยู่ในดิน และอากาศ โดยจะเกาะติดอยู่ในอนุภาคของดิน ตะกอน หรือฝุ่น ซึ่งสามารถเกิดการเปลี่ยนแปลงได้โดยขบวนการต่างๆ ทั้งทางด้านกายภาพ เคมีและชีวภาพ การเปลี่ยนแปลงของสาร PAHs เป็นไปได้หลายวิธี โดยจะเกิดขึ้นได้มากหรือน้อยเพียงใดขึ้นอยู่กับสมบัติทางกายภาพและทางเคมีของสาร PAHs นั้นๆ รวมทั้งขึ้นกับปัจจัยสิ่งแวดล้อมต่างๆ ด้วย (Ashok และ Saxena, 1995)

1. การดูดซับ (Sorption)

จากสมบัติที่สาร PAHs เป็นสารที่มีความสามารถในการละลายน้ำได้ต่ำ จึงถูกดูดซับติดกับอนุภาคของดินหรือตะกอนได้มาก โดยเฉพาะในดินที่ประกอบด้วยสารอินทรีย์มากจะถูกดูดซับไว้ได้ดี การถูกดูดซับให้ติดกับอนุภาคของดินหรือตะกอนได้อย่างเหนียวแน่นนั้นขึ้นอยู่กับความไม่ขี้ตัวของสาร PAHs ดังนั้นจึงทำให้สาร PAHs ที่มีมวลโมเลกุลสูงถูกเกาะติดแน่นเป็นเวลานานกว่าสาร PAHs ที่มีมวลโมเลกุลต่ำ

2. การระเหย (Volatilization)

ส่วนใหญ่สาร PAHs ที่ปนเปื้อนในดิน ระเหยได้ช้าและน้อยมาก เนื่องจากสาร PAHs เกาะติดแน่นอยู่ในอนุภาคดิน การระเหยของสาร PAHs เกิดจากการรวมตัวกับโครงสร้างของน้ำแล้วระเหยไป ซึ่งสาร PAHs ที่ปนเปื้อนในน้ำและอยู่ผิวน้ำจะมีอัตราการระเหยสูงกว่าสาร PAHs ที่อยู่ผิวดิน จากการศึกษาพบว่าสาร PAHs ที่มีน้ำหนักโมเลกุลต่ำ เช่น แนพทาซีน จะมีอัตราการระเหยได้สูงกว่าสาร PAHs ที่มีมวลโมเลกุลสูง

3. การย่อยสลายโดยใช้แสง (Photochemical degradation)

การย่อยสลายสาร PAHs โดยใช้แสงนั้นเป็นกระบวนการย่อยสลายทางเคมี ซึ่งจะมีออกซิเจนเป็นตัวสำคัญที่ทำให้เกิดปฏิกิริยา กลไกการย่อยสลายจะขึ้นอยู่กับปริมาณออกซิเจน อุณหภูมิ และปริมาณความเข้มข้นของแสง อะซีแนพทีนถูกย่อยสลายโดยเกิดปฏิกิริยากับแสงได้ 1-อะซีแนพทีนอล และอะซีแนพทีโนน (Reyes และคณะ, 1998)

4. การย่อยสลายโดยจุลินทรีย์ (Microbial degradation)

จุลินทรีย์ในธรรมชาติใช้กระบวนการเมตาบอลิซึมหลายแบบในการย่อยสลายสารประกอบทางธรรมชาติและสารสังเคราะห์ที่มนุษย์สร้างขึ้น ในขณะที่ภาคอุตสาหกรรมมีการพัฒนาอย่างรวดเร็ว จุลินทรีย์ก็มีวิวัฒนาการให้มีความสามารถย่อยสลายสารสังเคราะห์ชนิดต่างๆ ที่ปนเปื้อนเข้ามาในสิ่งแวดล้อมตาม ซึ่งก็รวมทั้งสาร PAHs ด้วย การปรับตัวของจุลินทรีย์เพื่อให้มีความสามารถในการย่อยสลายสารดังกล่าวได้ อาจเกิดขึ้นโดยมีการชักนำให้สร้างเอนไซม์ที่จำเป็น หรือการเปลี่ยนแปลงในระดับยีนซึ่งเป็นผลทำให้จุลินทรีย์สามารถพัฒนาวิธิเมตาบอลิซึมขึ้นมาใหม่เพื่อใช้ในการย่อยสลายสาร PAHs ได้ จุลินทรีย์แต่ละกลุ่มจะมีกลไกการย่อยสลายสาร PAHs แตกต่างกันไป อย่างไรก็ตามพบว่าการย่อยสลายสาร PAHs โดยจุลินทรีย์เป็นกระบวนการสำคัญในการทำให้เกิดการลดลงหรือกำจัดสาร PAHs ให้หมดไปจากสิ่งแวดล้อมได้ (Ashok และ Saxena, 1995)

การย่อยสลายอะซีแนพทินและสาร PAHs โดยวิธีทางชีวภาพ

การย่อยสลายอะซีแนพทินและสาร PAHs ชนิดอื่นๆโดยอาศัยกิจกรรมของจุลินทรีย์นั้น เป็นวิธีหนึ่งที่ได้รับการยอมรับว่ามีประสิทธิภาพในการกำจัดสาร PAHs และสารพิษอันตรายชนิดอื่น ที่ปนเปื้อนในสิ่งแวดล้อมให้หมดไป หรือลดความเป็นพิษให้น้อยลง มีงานวิจัยพบว่าการย่อยสลายสารพิษโดยจุลินทรีย์เป็นกระบวนการหลักที่เกิดขึ้นในสิ่งแวดล้อม และมีผลลดการปนเปื้อนในดินและตะกอนดิน โดยสาร PAHs บางชนิดจะถูกแบคทีเรียย่อยสลายได้อย่างสมบูรณ์ (mineralization) ได้เป็นคาร์บอนไดออกไซด์ น้ำ และพลังงานที่ใช้ในการเจริญของเชื้อ หรือสาร PAHs บางชนิดอาจเกิดการเปลี่ยนแปลงโครงสร้างบางส่วน (partially transformed) กระบวนการทั้ง 2 ชนิด อาจเกิดโดยจุลินทรีย์เพียงชนิดเดียว หรือโดยกลุ่มจุลินทรีย์ (Cerniglia, 1992)

ข้อได้เปรียบของวิธีบำบัดการปนเปื้อนของอะซีแนพทินและสาร PAHs อื่น โดยใช้การย่อยสลายด้วยวิธีชีวภาพคือ สามารถปฏิบัติได้ในพื้นที่ที่มีการปนเปื้อน โดยไม่ก่อให้เกิดความเสียหาย ช่วยลดค่าใช้จ่ายในการขนส่งและค่าแรงงาน สามารถกำจัดสารพิษได้อย่างถาวรและยังทำการบำบัดควบคุมไปกับวิธีทางเคมี เพื่อให้สามารถทำลายสารพิษได้อย่างสมบูรณ์ แต่อย่างไรก็ตาม การย่อยสลายโดยวิธีทางชีวภาพก็มีข้อเสียคือ สารที่มีคลอรีนหรือโลหะเป็นองค์ประกอบในปริมาณสูงจะไม่ถูกทำลาย หรืออาจมีการผลิตสารตัวกลางที่มีความเป็นพิษสูงกว่าสารตั้งต้น และเสียค่าใช้จ่ายสูงกว่าวิธีการอื่นๆสำหรับขั้นแรกของการปฏิบัติงาน รวมทั้งต้องมีการควบคุมปัจจัยต่างๆ ทั้งทางชีวภาพและกายภาพ การบำบัดทางชีวภาพสามารถปฏิบัติได้ทั้งในพื้นที่ที่มีการ

ปนเปื้อน (in situ) หรือขนย้ายสารพิษไปบำบัดนอกพื้นที่ (ex situ) โดย Mark และคณะ (1992) รายงานถึงการพัฒนาวิธีบำบัดสาร PAHs ในขั้นแรก โดยใช้จุลินทรีย์ย่อยสลายสารพิษเพื่อให้โครงสร้างบางส่วนถูกทำลาย ขั้นต่อมาก็้นำวิธีการบำบัด (land treatment) เข้ามาช่วย เพื่อให้สารตัวกลางที่เกิดขึ้นถูกกำจัดอย่างสมบูรณ์ วิธีการดังกล่าวช่วยลดค่าใช้จ่ายเมื่อเทียบกับการทำลายสาร PAHs โดยการเผาที่อุณหภูมิสูง ได้ถึง 3 เท่า

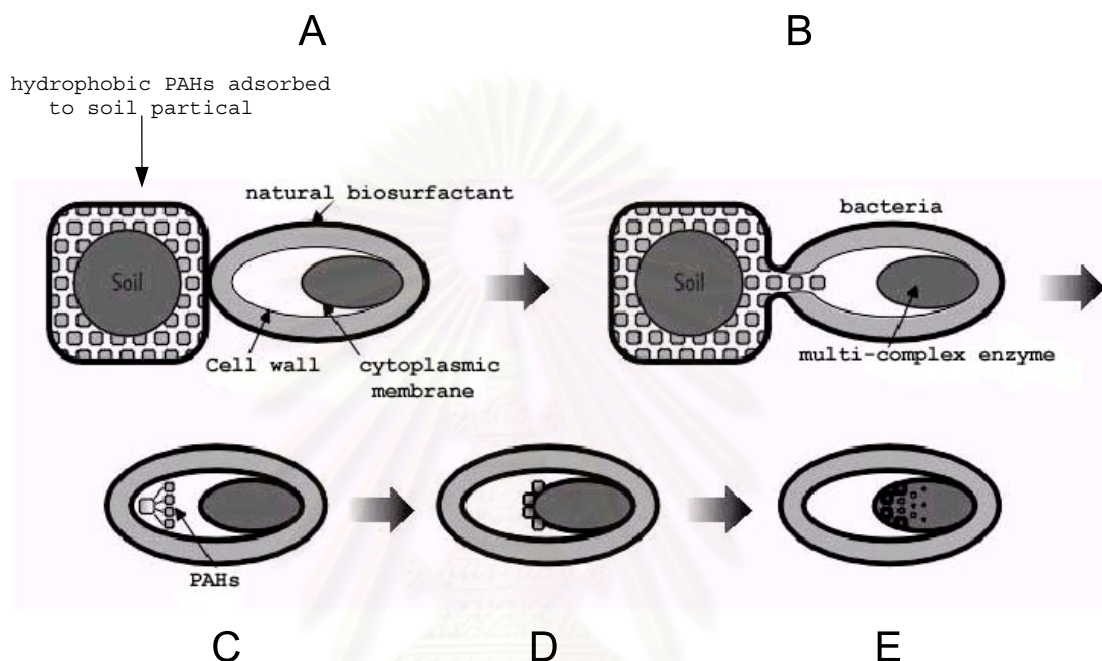
การย่อยสลายสาร PAHs โดยจุลินทรีย์บริสุทธิ์, กลุ่มจุลินทรีย์ และกระบวนการโคเมตาบอลิซึมมีการศึกษามากกว่า 80 ปีแล้ว (Cerniglia, 1992) แต่การนำวิธีดังกล่าวมาใช้ลดการปนเปื้อนของอะซีแนฟีนและสาร PAHs ได้อย่างมีประสิทธิภาพนั้น จำเป็นต้องทำความเข้าใจเกี่ยวกับจุลินทรีย์ ระบบเอนไซม์และสภาพแวดล้อมที่จำเป็นต่อการเจริญของจุลินทรีย์เพื่อให้เกิดการย่อยสลายได้มากที่สุด

การย่อยสลายสาร PAHs โดยจุลินทรีย์บริสุทธิ์

การย่อยสลายสาร PAHs สามารถเกิดขึ้นได้ทั้งในแบคทีเรีย รา ยีสต์ และสาหร่ายสีเขียวแกมน้ำเงิน แต่นักวิจัยส่วนใหญ่ให้ความสำคัญกับการย่อยสลายโดยแบคทีเรียเนื่องจาก การย่อยสลายโดยเชื้อรา ยีสต์ และสาหร่ายสีเขียวแกมน้ำเงิน (Cerniglia, 1992) จะทำให้สาร PAHs บางชนิดเกิดการเปลี่ยนแปลงโครงสร้างเพียงบางส่วน (partially transformed) ถึงแม้ว่าจะสามารถเปลี่ยนโครงสร้างได้สารมัธยันตร์ที่มีความเป็นพิษลดลงก็ตาม (Sutherland, 1992) แต่กระบวนการดังกล่าวจะเกิดขึ้นช้าเมื่อเทียบกับแบคทีเรีย นอกจากนี้แบคทีเรียยังสะดวกสำหรับการศึกษาวិวัฒนาการ วิธีการย่อยสลาย ตลอดจนจนถึงระดับพันธุศาสตร์ เพื่อนำข้อมูลไปพัฒนาสายพันธุ์ให้ได้แบคทีเรียที่มีประสิทธิภาพต่อไป

โดยปกติแบคทีเรียจะย่อยสลายสารที่ละลายน้ำได้ง่ายกว่าสารที่ไม่ละลายน้ำ ดังนั้นการย่อยสลายสาร PAHs ซึ่งเป็นสารที่มีความสามารถในการละลายน้ำต่ำ แบคทีเรียทั่วไปจะไม่สามารถย่อยสลายสารนี้ได้ แต่มีแบคทีเรียบางชนิดเท่านั้นที่สามารถสร้างเอนไซม์ต่างๆ ที่ใช้ในการย่อยสลายสาร PAHs เพื่อจะนำไปใช้เป็นแหล่งคาร์บอนและพลังงาน ส่วนใหญ่แบคทีเรียสายพันธุ์เดียวจะสามารถย่อยสลายสาร PAHs น้ำหนักโมเลกุลต่ำ ที่ประกอบไปด้วยวงเบนซีน 2-3 วง แบคทีเรียมีกลไกนำสาร PAHs ไปใช้ โดยเข้าไปทำปฏิกิริยากับสารโดยการสัมผัสโดยตรงกับผลึกสาร PAHs แบคทีเรียบางชนิดสามารถสร้างสารลดแรงตึงผิวชีวภาพ (biosurfactant) ซึ่งจะเพิ่มการละลายน้ำของสาร PAHs ช่วยให้แบคทีเรียสัมผัสกับสาร PAHs ได้ง่าย ปฏิกิริยาจะเกิดขึ้นที่ผนังเซลล์ จากนั้นสาร PAHs จะถูกส่งผ่านผนังเซลล์โดยการแพร่ (passive diffusion) โดยไม่ใช้พลังงานจากเซลล์ (Bugg และคณะ, 2000) เนื่องจากผนังเซลล์ของแบคทีเรียประกอบด้วย

ชั้นฟอสโฟไลปิด เมื่อสาร PAHs เข้าสู่เซลล์ เอนไซม์ตัวแรกที่เริ่มการย่อยสลายคือ ออกซิจีเนส กระบวนการต่างๆจะดำเนินอย่างต่อเนื่องจนได้คาร์บอนไดออกไซด์ น้ำ และพลังงานที่ใช้ในการเจริญของแบคทีเรีย โดย กระบวนการดังกล่าวจะเกิดอย่างสมบูรณ์ ต้องอาศัยกิจกรรมของเอนไซม์หลายชนิด ดังแสดงในรูปที่ 2.2



รูปที่ 2.2 การย่อยสลาย PAHs โดยแบคทีเรีย (www.enzymetech.com/knowledge/pahs-cre-coal.) (A คือ PAHs ถูกละลายโดยสารลดแรงตึงผิวชีวภาพที่แบคทีเรียสร้างขึ้น, B คือ PAHs แพร่ผ่านผนังเซลล์ของแบคทีเรีย, C คือ PAHs ถูกย่อยสลายโดยเอนไซม์ในกระบวนการย่อยสลายขั้นแรก ภายในเซลล์แบคทีเรีย, D คือ PAHs แพร่ผ่านไซโตพลาสซึมเมมเบรนของแบคทีเรีย, E คือ การย่อยสลาย PAHs อย่างสมบูรณ์โดยเอนไซม์หลายชนิด)

พบว่าแบคทีเรียที่มีความสามารถดังกล่าว จะสามารถย่อยสลายสาร PAHs ได้หลายชนิด เนื่องจากออกซิจีเนส เป็นเอนไซม์ที่สามารถย่อยสลายสับสเตรตได้หลายชนิด (broad specificity enzyme) ซึ่งถือว่าเป็นลักษณะที่ดี เพราะในสิ่งแวดล้อมมีการปนเปื้อนสาร PAHs หลายชนิด (Baver และ Capone, 1988, Stringfellow และ Aitken, 1995)

แต่การย่อยสลายสาร PAHs ที่มีน้ำหนักโมเลกุลสูง ที่ประกอบด้วยวงเบนซีนตั้งแต่ 4 วงขึ้นไป มีความคงตัวมาก ยากต่อการย่อยสลาย ดังนั้นแบคทีเรียเดี่ยวส่วนใหญ่ไม่สามารถย่อย

สลายสารดังกล่าวได้อย่างสมบูรณ์ ส่วนใหญ่การย่อยสลายสาร PAHs ที่มีโครงสร้างซับซ้อนนั้น ต้องอาศัยกระบวนการย่อยสลายแบบโคเมตาบอลิซึม หรือ การย่อยสลายโดยกลุ่มจุลินทรีย์ (Wilson และ Jones, 1993)

การย่อยสลายสาร PAHs โดยกลุ่มจุลินทรีย์

มีการรายงานจำนวนมากเกี่ยวกับการย่อยสลายสาร PAHs ที่ต้องอาศัยการทำงานร่วมกันของจุลินทรีย์หลายชนิด (synergism) โดยจุลินทรีย์เหล่านั้นจะอยู่ร่วมกันแบบพึ่งพาอาศัยกัน ปกติสาร PAHs ที่มีน้ำหนักโมเลกุลสูงมีโครงสร้างซับซ้อน และถูกย่อยสลายได้ยากโดยจุลินทรีย์เพียงชนิดเดียว การย่อยสลายโดยกลุ่มจุลินทรีย์จะช่วยเพิ่มประสิทธิภาพในการย่อยสลาย PAHs ได้ดียิ่งขึ้น โดยทำให้การย่อยสลายมีอัตราเร็วขึ้น และที่สำคัญยังทำให้เกิดการย่อยสลายสาร PAHs ได้อย่างสมบูรณ์ (mineralization) ความสัมพันธ์ หรือกลไกที่เกิดขึ้นในการทำงานร่วมกันของจุลินทรีย์ต่อการย่อยสลายสาร PAHs นั้น สิ่งที่สำคัญคือระบบเอนไซม์ จุลินทรีย์ชนิดที่ 1 สามารถสร้างเอนไซม์ที่สามารถย่อยสลายสารตั้งต้นได้ แต่ไม่มีระบบเอนไซม์ที่จะสามารถย่อยสลายจนสมบูรณ์ เนื่องจากสารมัธยันตร์ที่เกิดขึ้นเป็นสารที่จุลินทรีย์นั้นไม่สามารถย่อยสลาย (dead-end metabolite) หรืออาจเป็นสารที่มีความเป็นพิษต่อจุลินทรีย์ชนิดที่ 1 ในขณะที่จุลินทรีย์ชนิดที่ 2 มีระบบเอนไซม์ที่สามารถย่อยสลายสารดังกล่าวได้ อาจทำให้สารมีความเป็นพิษลดลงหรือนำสารดังกล่าวใช้ในการเจริญได้ ผลจากการเจริญของจุลินทรีย์ชนิดที่ 2 อาจสร้างวิตามิน กรดอะมิโน หรือสารที่ช่วยให้มีการย่อยสลายสารตั้งต้นดีขึ้นเช่น สารลดแรงตึงผิวชีวภาพ (biosurfactant) ซึ่งเป็นปัจจัยที่มีผลต่อการเจริญและการย่อยสลายสาร PAHs ของแบคทีเรียชนิดอื่น (Mueller และคณะ, 1989)

การทดลองในห้องปฏิบัติการแสดงให้เห็นว่ากระบวนการย่อยสลายโดยกลุ่มจุลินทรีย์ มีความสำคัญต่อการย่อยสลายสาร PAHs ที่มีน้ำหนักโมเลกุลสูง ดังต่อไปนี้

Cerniglia และคณะ (1979) รายงานว่า *Beijerinckia* สายพันธุ์กลาย และ *Cunninghamella elegans* ร่วมกันย่อยสลายไดเบนโซฟูแรน โดยย่อยสลายไดเบนโซฟูแรนได้ ทรานส์-ไดไฮโดรไดออกอล แล้วแบคทีเรียจะย่อยสลายต่อจนได้คาทาคอล

ในปี 1996 Juhasz และคณะ รายงานว่า *Pseudomonas cepacia* สายพันธุ์ VUN 10001 VUN 10002 และ VUN 10003 สามารถย่อยสลายเบนโซ[เอ]ไพรีน ไดเบนซี [เอ,เอช] แอนทราซีน และไครซีน ที่มีโครงสร้างประกอบด้วยวงเบนซีน 5, 6 และ 4 ตามลำดับ เป็นแหล่งคาร์บอน และพลังงานได้

การศึกษาของ Boonchan และคณะ (2000) ใช้รา *Penicillium janthinellum* สายพันธุ์ VUO10004 ย่อยสลายเบนโซ[เอ]ไพรีน ได้เป็นสารมัธยันตร์ที่ไม่ถูกย่อยสลายต่อ (dead-end metabolites) เมื่อนำ *Stenotrophomonas maltophilia* สายพันธุ์ VUN10010 มาเลี้ยงร่วมกันกับ ราชนิดนี้ในอาหาร BSM เพื่อทำการย่อยสลายเบนโซ[เอ]ไพรีน พบการเจริญของแบคทีเรียและเกิดการย่อยสลาย เบนโซ[เอ]ไพรีนได้อย่างสมบูรณ์

การย่อยสลายสาร PAHs โดยกระบวนการโคเมตาบอลิซึม (co-metabolism)

มีการรายงานเกี่ยวกับกระบวนการโคเมตาบอลิซึมมาเป็นเวลานาน โดยส่วนใหญ่ให้การยอมรับว่าเป็นกระบวนการที่มีประสิทธิภาพในการย่อยสลายสารพิษอันตรายในสิ่งแวดล้อม ซึ่งมีผู้ให้คำจำกัดความของกระบวนการนี้มากมายได้แก่

Alexander (1967) ให้คำจำกัดความว่า “โคเมตาบอลิซึมคือการเปลี่ยนโครงสร้างสารอินทรีย์โดยจุลินทรีย์ ซึ่งจุลินทรีย์ไม่สามารถนำสารอินทรีย์นี้มาเป็นแหล่งพลังงานหรือเป็นองค์ประกอบสำคัญของเซลล์”

Dalton (1982) “โคเมตาบอลิซึมคือการเปลี่ยนโครงสร้างสับสเตรตที่จุลินทรีย์ไม่สามารถนำไปใช้ในการเจริญ โดยจะเกิดขึ้นในสภาวะที่มีสับสเตรตในการเจริญหรือสารอื่นที่จุลินทรีย์สามารถเปลี่ยนโครงสร้างได้”

โคเมตาบอลิซึมไม่ใช่กระบวนการเมตาบอลิซึมแต่เป็นกระบวนการเปลี่ยนโครงสร้างของสับสเตรต ซึ่งจุลินทรีย์จำเป็นต้องได้พลังงานจากการย่อยสลายสับสเตรตที่สามารถใช้ในการเจริญ โดยเอนไซม์ที่เกิดขึ้นในขั้นตอนนี้สามารถเปลี่ยนโครงสร้างสับสเตรตที่แตกต่างกัน ผลจากการเปลี่ยนโครงสร้างสับสเตรตนี้จะไม่มีผลต่อจุลินทรีย์ไม่ว่าจะเป็นแหล่งพลังงาน แหล่งคาร์บอน หรือกระบวนการอื่น ๆ ที่ใช้ในการเจริญ (John และ Cookson, 1995)

นอกจากนี้พบการใช้คำศัพท์อื่นที่เกี่ยวข้องกับกระบวนการโคเมตาบอลิซึมคือ โค-ออกซิเดชัน (co-oxidation) ซึ่งมีความหมายเหมือนกันแต่จะเน้นหนักหรือมีความจำเพาะว่าเกิดจากกระบวนการออกซิเดชันเท่านั้น (Alexander, 1994) แต่ในปัจจุบันถือว่าการให้ความหมายไม่เพียงพอเนื่องจากจำกัดที่ว่าจะต้องเกิดจากการออกซิเดชันเท่านั้น ซึ่งไม่ครอบคลุมถึงปฏิกิริยาอื่น ๆ ที่ไม่ใช่การออกซิเดชัน ซึ่งปัจจุบันมีการศึกษาการย่อยสลายสารแบบโคเมตาบอลิซึมในสภาวะไร้ออกซิเจน (Annweiler และคณะ, 2001)

เมื่อนำกระบวนการนี้มาประยุกต์ใช้ในการบำบัดสาร PAHs ที่ปนเปื้อนในสิ่งแวดล้อม ซึ่งเชื่อว่าในสิ่งแวดล้อมกระบวนการนี้น่าจะเกิดขึ้นอยู่แล้ว เนื่องจากในสิ่งแวดล้อมมีการปนเปื้อนสาร PAHs หลายชนิด ถึงแม้ว่าจุลินทรีย์จะไม่สามารถนำสาร ที่เกิดจากกระบวนการ

โคเมตาบอไลสมไปใช้ในการเจริญ แต่อาจมีจุลินทรีย์ชนิดอื่นในสิ่งแวดล้อมนำเอาสารดังกล่าวเป็นแหล่งคาร์บอน และพลังงานก็เป็นได้ ซึ่งมีรายงานเกี่ยวกับประสิทธิภาพการย่อยสลายสาร PAHs แบบโคเมตาบอไลสมมากมาย โดยสามารถทำให้ย่อยสลายสาร PAHs ได้หลายชนิด และที่สำคัญสามารถย่อยสลายสาร PAHs ที่มีน้ำหนักโมเลกุลสูง ซึ่งยากต่อการย่อยสลายโดยจุลินทรีย์เพียงชนิดเดียว สับสเตรตที่จุลินทรีย์ใช้ในการเจริญอาจเป็นสารอินทรีย์ชนิดต่างๆที่อยู่ในบริเวณนั้น หรืออาจเป็นสาร PAHs ที่มีน้ำหนักโมเลกุลต่ำ ซึ่งจุลินทรีย์จะเจริญและเพิ่มจำนวนมากขึ้นแล้วเข้าไปย่อยสลายสาร PAHs ที่มีน้ำหนักโมเลกุลสูง

จากการศึกษาของ Walter และคณะ (1991) พบว่า *Rhodococcus* sp. สายพันธุ์ UW1 ที่แยกได้จากดินที่ปนเปื้อนสาร PAHs มีความสามารถในการเจริญบน ไพรีน พีแนนทรีน แอนทราซีน ฟลูออแรนธิน และไครซีน และมีความสามารถในการย่อยสลายเนพธาดีน ไดเบนโซฟูแรน ฟลูออรีน และ ไดเบนโซไธโอพีน แบบโคเมตาบอไลสม โดยใช้ไพรีนเป็นแหล่งของการเจริญ

Boldrin และคณะ (1993) พบว่า *Mycobacterium* sp. สายพันธุ์ BB1 สามารถใช้ พีแนนทรีน ไพรีน และฟลูออแรนธิน เป็นแหล่งคาร์บอนและพลังงาน มีอัตราการย่อยสลาย พีแนนทรีนสูงสุด เมื่อนำสาร PAHs ทั้ง 3 ชนิดมาทดสอบประสิทธิภาพในการย่อยสลายฟลูออรีน แบบโคเมตาบอไลสม พบว่าเมื่อใช้พีแนนทรีนเป็นแหล่งคาร์บอนและพลังงาน แบคทีเรียสามารถย่อยสลายฟลูออรีนแบบโคเมตาบอไลสมได้เร็วกว่าใช้ไพรีน และฟลูออแรนธิน เป็นแหล่งคาร์บอน และพลังงานของแบคทีเรีย ดังนั้นการย่อยสลายแบบโคเมตาบอไลสมให้ได้ประสิทธิภาพจำเป็นต้องให้แบคทีเรียเจริญในสับสเตรตที่ใช้เป็นแหล่งคาร์บอนและพลังงานได้ง่าย

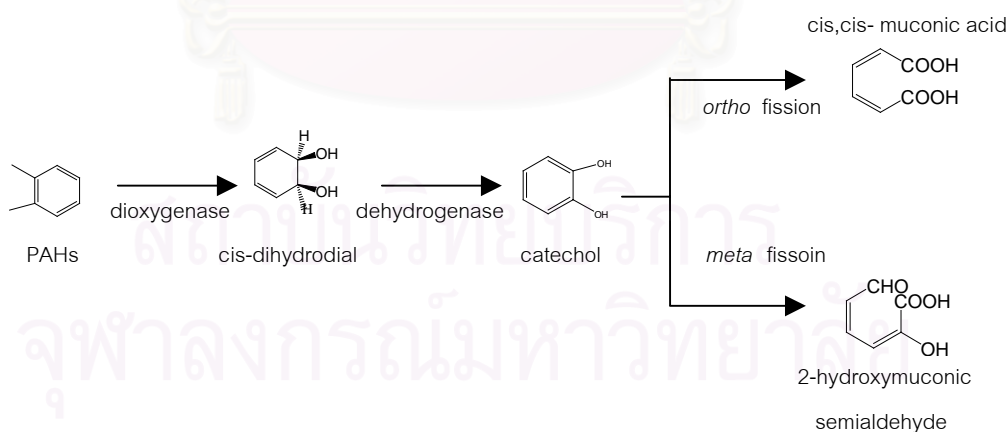
Ye และคณะ (1996) พบว่า *Sphingomonas paucimobilis* ซึ่งได้แยกจากดินที่มีการปนเปื้อนสารครีโอสไต มีความสามารถในการย่อยสลายไพรีนได้ เมื่อใช้ฟลูออแรนธินเป็นแหล่งคาร์บอนและพลังงาน

Juhasz และคณะ (1997) คัดแยกแบคทีเรียจากดินจากแหล่งปนเปื้อนสาร PAHs ได้กลุ่มแบคทีเรียประกอบด้วย แบคทีเรีย 5 สายพันธุ์ แต่คัดเลือกแบคทีเรียเพียง 3 สายพันธุ์ ได้แก่ *Burkholderia cepacia* สายพันธุ์ VUN10001 VUN10002 และ VUN10003 มารวมกันเป็นกลุ่มแบคทีเรีย พบว่าสามารถใช้ไพรีน ฟลูออรีน และพีแนนทรีน เป็นแหล่งคาร์บอนและพลังงาน นอกจากนี้ยังสามารถย่อยสลายฟลูออแรนธิน เบนโซ [เอ] ไพรีน ไดเบนโซ [เอ, เอช] แอนทราซีน ซึ่งมีโครงสร้างประกอบด้วยวงเบนซีน 5 วง แบบโคเมตาบอไลสม โดยมีพีแนนทรีนเป็นสับสเตรตเพื่อการเจริญของแบคทีเรีย

วิธีการย่อยสลายสารอะซีแนพทีนและ PAHs โดยกระบวนการทางชีวภาพ

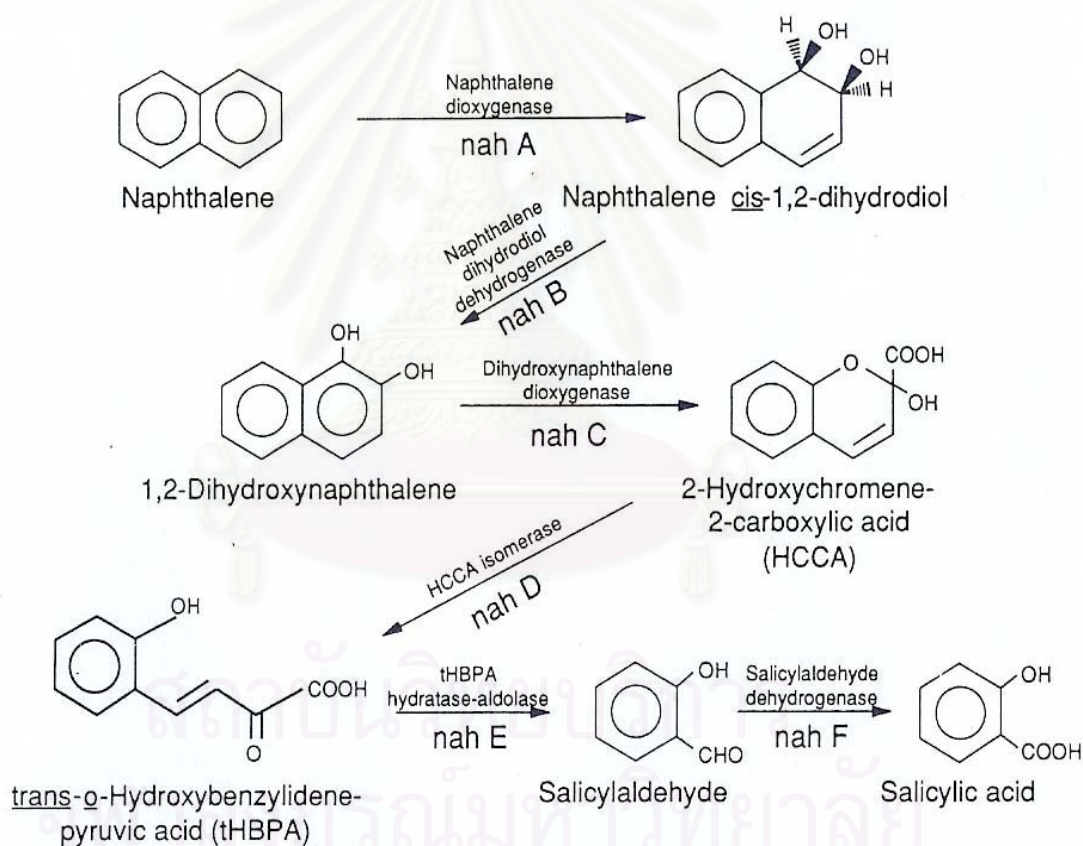
กระบวนการย่อยสลายสาร PAHs เกิดขึ้นได้ทั้งในสภาวะที่มีออกซิเจน (aerobic) และไร้ออกซิเจน (anaerobic) แต่เนื่องจากกระบวนการย่อยสลายในสภาวะไร้ออกซิเจนเกิดขึ้นได้ช้า (Harayama, 1997) รายงานส่วนใหญ่จึงมุ่งเน้นศึกษากระบวนการย่อยสลายในสภาวะที่มีออกซิเจน

กระบวนการย่อยสลายสาร PAHs โดยจุลินทรีย์ จะเริ่มจากการนำออกซิเจน 1 อะตอม หรือ 2 อะตอมเข้ายังวงอะโรมาติก ได้เป็น ซิส-ไดไฮโดรไดออกอล ซึ่งเกิดจากการเร่งปฏิกิริยาโดยระบบออกซิจีเนส คือ โมโนออกซิจีเนส และไดออกซิจีเนส ตามลำดับ พบว่าแบคทีเรียจะย่อยสลายสาร PAHs โดยการเร่งปฏิกิริยาของเอนไซม์ซึ่งจะเกิดได้ทั้งโมโนออกซิจีเนส และไดออกซิจีเนส แต่ราและสัตว์เลี้ยงลูกด้วยนม จะเกิดย่อยสลายโดยโมโนออกซิจีเนส จากนั้นเร่งปฏิกิริยาต่อโดย ซิส- ไดไฮโดรไดออกอลดีไฮโดรจีเนส ได้เป็นสารอนุพันธ์ประเภทไดไฮดรอกซิด แล้วสับสเตรตที่คล้ายกับคาทีคอลก็จะถูกตัดด้วยออกซิจีเนสผ่านทางารแตกวงเบนซีนแบบออโธ (intradiol pathway) ที่เกิดขึ้นระหว่างอะตอมคาร์บอนที่มีกลุ่มไฮดรอกซิด 2 อะตอม อยู่ติดกันได้เป็น กรด ซิส, ทรานส์ มิวโคนิก หรือวิธีหนึ่งผ่านทางารแตกวงเบนซีนแบบ เมตา (extradiol pathway) ที่เกิดขึ้นระหว่างอะตอมคาร์บอนที่มีกลุ่มไฮดรอกซิดกับอะตอมคาร์บอนที่อยู่ถัดมา (Cerniglia, 1992) ดังแสดงในรูปที่ 2.3



รูปที่ 2.3 วิธีการย่อยสลายสาร PAHs ทั่วไปโดยแบคทีเรีย (Cerniglia, 1992)

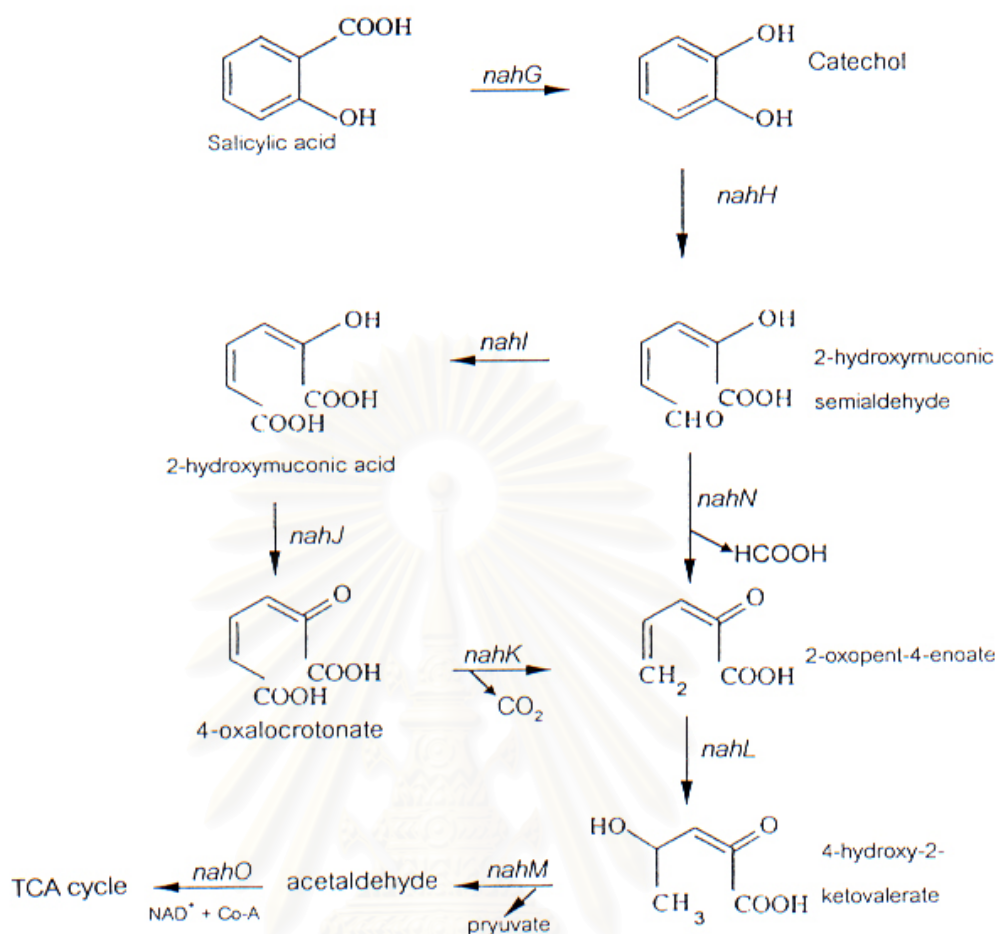
มีการรายงานเกี่ยวกับวิถีการย่อยสลาย PAHs โดยใช้แนพทาลีนเป็นต้นแบบในการศึกษาวิถีการย่อยสลายรวมทั้งยีนที่เกี่ยวข้องในวิถีการย่อยสลายสาร PAHs ชนิดอื่น เนื่องจากแนพทาลีนเป็นสารที่มีโครงสร้างง่าย ที่ประกอบด้วยวงเบนซีน 2 วง เชื่อมต่อกัน Yen และ Serdar (1988) ได้ศึกษาการย่อยสลายแนพทาลีนรวมทั้งยีนที่เกี่ยวข้องกับวิถีการย่อยสลายโดยเชื้อ *Pseudomonas putida* สายพันธุ์ G7 พบว่ามีวิถีการย่อยสลาย 2 ทาง คือ upper pathway ทำหน้าที่เปลี่ยนแนพทาลีนไปเป็นกรดซาลิไซลิก และ lower pathway ที่ย่อยสลายกรดซาลิไซลิกจนกระทั่งได้สารมัธยันตร์ที่พร้อมเข้าสู่วัฏจักรทีซีเอ (TCA cycle) ได้แก่ ไพรูเวต และ อะซีทิลโคเอ ซึ่งในแต่ละวิถีการย่อยสลายต้องอาศัยการทำงานร่วมกันของเอนไซม์หลายชนิดที่ประมวลรหัสมาจากยีนต่างๆ ดังแสดงในรูปที่ 2.4



รูปที่ 2.4 วิถีการย่อยสลายแนพทาลีนในส่วน upper pathway และยีนที่เกี่ยวข้อง (Eaton และ Chapman, 1992)

นอกจากนี้ยังมีการรายงานเกี่ยวกับวิธีการย่อยสลายแนพทาลีนโดย *Sphingomonas yanoikuyae* B1 (Kim และคณะ, 1997) ซึ่งมีความคล้ายคลึงกับการย่อยสลายแนพทาลีนไปเป็นกรดซาลิไซลิกโดย *Pseudomonas putida* G7 (Yen และ Serdar, 1988) แนพทาลีนจะถูกเติมออกซิเจน 2 อะตอมกลายเป็น แนพทาลีน ซิส-1,2-ไดไฮโดรไดออล (naphthalene *cis*-1,2-dihydrodiol) จากการทำงานของแนพทาลีนไดออกซิจีเนส จากนั้นจะเปลี่ยนเป็น 1,2-ไดไฮดรอกซีแนพทาลีน (1,2-dihydroxynaphthalene) จากกิจกรรมของแนพทาลีนไดไฮโดรไดออลดีไฮโดรจีเนส จากนั้นไดไฮดรอกซีแนพทาลีนดีไฮโดรจีเนสจะออกซิไดซ์ 1,2-ไดไฮดรอกซีแนพทาลีนไปเป็นกรด 2-ไฮดรอกซีโครมีน-2-คาร์บอกซิลิก (2-hydroxychromene -2-carboxylic acid: HCCA) จากนั้นจะถูกเปลี่ยนเป็น กรด ทรานส์-โอ-ไฮดรอกซีเบนซิลิดีนไพรูวิก (*trans*-O-hydroxybenzylidenepyruvic acid: tHBPA) จากกิจกรรมของ HCCAไฮโซเมอเรส จากนั้นเปลี่ยนเป็นซาลิไซรัลดีไฮด์ (salicylaldehyde) และกรดซาลิไซลิก (salicylic acid) จากการทำงานของไฮดรอกซี-อัลโดเลส และซาลิไซรัลดีไฮด์ดีไฮโดรจีเนส ตามลำดับ จากนั้นจุลินทรีย์ส่วนใหญ่จะเปลี่ยนกรดซาลิไซลิกไปเป็นคาทีคอลโดยซาลิไซเลสไฮดรอกซีเลส (salicylate hydroxylase) เพื่อแตกวงและเข้าสู่วัฏจักรเครบส์ต่อไป ดังแสดงในรูปที่ 2.5

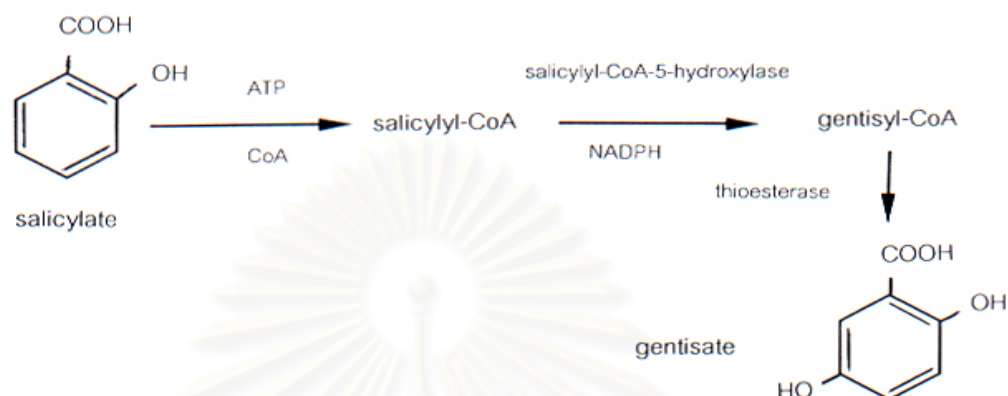
สถาบันวิทยบริการ
จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย



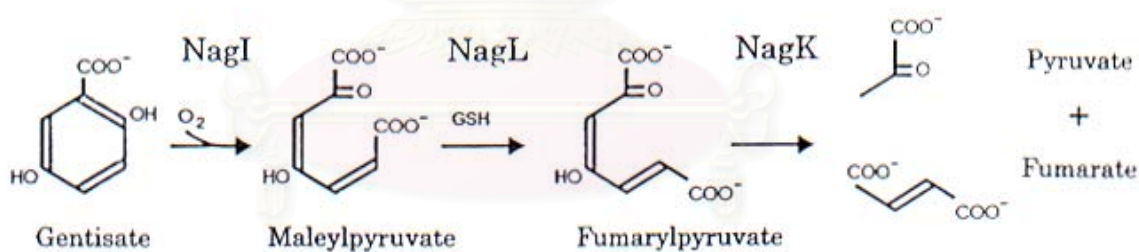
รูปที่ 2.5 วิธีการย่อยสลายกรดซาลิไซลิก (Yen และ Gunsalus, 1982) (*nahG* คือซาลิไซเลส ไฮดรอกซีเลส, *nahH* คือคาทีคอล-2,3-ไดออกซีจีเนส, *nahI* คือ 2-ไฮดรอกซีมิวโคนิกเซมิอัลดีไฮด์ ดีไฮโดรจีเนส, *nahJ* คือ 2-ไฮดรอกซีมิวโคนิก ดีไฮโดรจีเนส, *nahK* คือ 4-ออกซาโลโครโทเนต ดีคาร์บอกซิเลส, *nahL* คือ 2-ออกซิเพนท-4-อีโนเอท ไฮดรอกซีเลส, *nahM* คือ 4-ไฮดรอกซี-2-คีโตวาเลเรท อัลโดเลส, *nahN* คือ 2-ไฮดรอกซีมิวโคนิกเซมิอัลดีไฮด์ ไฮโดรเลส)

มีรายงานว่า การย่อยสลายเบนซีนโดยกระบวนการทางชีวภาพในสภาวะที่มีออกซิเจน (Baker และคณะ, 1994) เบนซีนไม่ได้ถูกย่อยสลายผ่านทางคาทีคอลแต่เพียงวิธีเดียว อาจจะถูกย่อยสลายผ่านทางกรดโปรโตคาทีคูอิก ซึ่งสอดคล้องกับรายงานของ Kiyohara และคณะ (1972) ที่พบการย่อยสลายพีแนทรีนผ่านทางกรดโปรโตคาทีคูอิก นอกจากนี้ยังมีรายงานการย่อยสลายกรดซาลิไซลิกที่ไม่ผ่านทางคาทีคอล แต่ย่อยสลายกรดซาลิไซลิกเป็นกรดเจนทิลิก เช่น การย่อยสลายกรดซาลิไซลิกโดย *Rhodococcus* sp. สายพันธุ์ B4 ดังแสดงในรูปที่ 2.6 (Grund และคณะ,

1992) และกรดเจนทิลิกจะถูกออกซิไดซ์เป็นมาริลไพรูเวท (maleylpyruvate) โดยเจนทิลเซท-1,2-ไดออกซีจีเนส (gentsate-1,2-dioxygenase) จากนั้นจะถูกเปลี่ยนเป็น ไพรูเวทและฟูมาเรท (Ning และคณะ, 2001) ดังแสดงในรูปที่ 2.7



รูปที่ 2.6 วิธีการย่อยสลายกรดซาลิไซลิกโดย *Rhodococcus* sp. สายพันธุ์ B4 (Grund และคณะ, 1992)



รูปที่ 2.7 วิธีการย่อยสลายเจนทิลเซทโดย *Pseudomonas* sp. สายพันธุ์ U2 (Ning และคณะ, 2001) (NagI คือเจนทิลเซท-1,2-ไดออกซีจีเนส, NagL คือมาริลไพรูเวทไฮโซเมอเรส, NagK คือฟูมาริลไพรูเวทไฮโดรเลส)

การย่อยสลายอะซีแนพธินโดยกระบวนการชีวภาพ

การย่อยสลายอะซีแนพธินมีรายงานการศึกษามาเป็นเวลานาน ทั้งในแบคทีเรีย ราและสัตว์เลี้ยงลูกด้วยนม สามารถย่อยสลายอะซีแนพธินได้ ดังสรุปไว้ในตารางที่ 2.2 โดยส่วนใหญ่เป็นการย่อยสลายแบบเปลี่ยนแปลงโครงสร้างโมเลกุลให้เป็นสารมัธยันตร์ชนิดต่างๆ (biotransformation) มีแบคทีเรียบางชนิดเท่านั้นที่สามารถย่อยสลายอะซีแนพธินเพื่อใช้เป็นแหล่งพลังงาน และคาร์บอนได้ ถึงแม้ว่าสิ่งมีชีวิตแต่ละกลุ่มอาศัยกิจกรรมของเอนไซม์ที่แตกต่างกันไปในการย่อยสลายอะซีแนพธิน แต่ได้ผลิตภัณฑ์ที่เกิดจากกระบวนการย่อยสลายความคล้ายคลึงกัน

ตารางที่ 2.2 จุลินทรีย์ที่สามารถย่อยสลายอะซีแนพธิน

สายพันธุ์แบคทีเรีย	เอกสารอ้างอิง
แบคทีเรีย	
<i>Beijerinckia</i> sp.	Schocken และ Gibson (1984)
<i>Beijerinckia</i> sp. B8/36	Schocken และ Gibson (1984)
<i>Alcaligenes eutrophus</i>	Selifonov และคณะ (1993)
<i>Alcaligenes paradoxus</i>	Selifonov และคณะ (1993)
<i>Pseudomonas</i> sp. A4	Komatsu และคณะ (1993)
<i>Pseudomonas aeruginosa</i> PAO1	Selifonov และคณะ (1996)
<i>Pseudomonas</i> sp. A2279	Selifonov และคณะ (1996)
<i>Pseudomonas</i> sp. BR	Selifonov และคณะ (1998)
<i>Pseudomonas</i> sp. BC	Selifonov และคณะ (1998)
<i>Sphingomonas</i> sp.	Hormishch และคณะ (2000)
<i>Sphingomonas aromaticivorans</i>	Shi และคณะ (2001)
รา	
<i>Cunninghamella elegans</i>	Pothuluri และคณะ 1992

วิถีเมตาบอลิซึมการย่อยสลายอะซีแนพทีนโดยแบคทีเรีย

ในอดีตมีการศึกษาการย่อยสลายอะซีแนพทีนอย่างจำกัด ส่วนใหญ่เป็นการย่อยสลายแบบเปลี่ยนแปลงโครงสร้างโมเลกุลของอะซีแนพทีนให้เป็นสารมัธยันตร์ชนิดต่างๆ (biotransformation) (Pothuluri และคณะ, 1992) ได้แก่

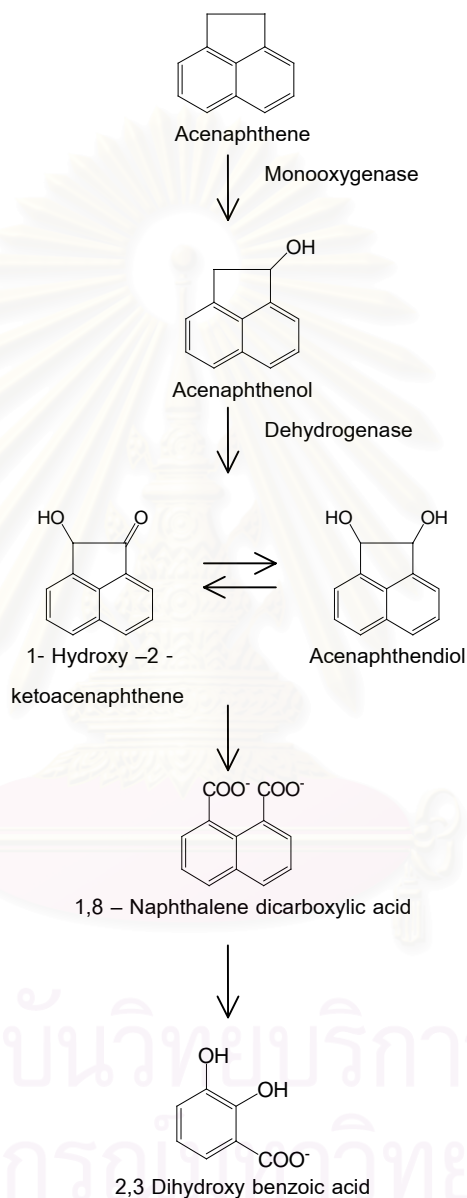
Schocken และ Gibson (1984) ศึกษาการย่อยสลายอะซีแนพทีนแบบโคเมตาบอลิซึมโดย *Beijerinckia* sp. ที่ใช้ไบเฟเนล (biphenyl) เป็นแหล่งคาร์บอน และพลังงาน พบว่าสามารถเปลี่ยนโครงสร้างอะซีแนพทีนเป็น อะซีแนพทีนอล โดยอาศัยกิจกรรมของโมโนออกซิจีเนส และเกิดกระบวนการไฮดรอกซีเลชันได้ อะซีแนพทีนอล หลังจากนั้นจะถูกออกซิไดซ์ด้วยดีไฮโดรจีเนส เป็น 1-ไฮดรอกซี-2-คีโตอะซีแนพทีน และ 1-2-ไดไฮดรอกซีอะซีแนพทีน ซึ่งเป็น tautomer และจะถูกออกซิไดซ์ หรือรีดิวซ์ด้วยดีไฮโดรจีเนส และรีดักเทส จนกลายเป็น อะซีแนพทีนควิโนน เป็นผลิตภัณฑ์สุดท้าย แสดงว่า *Beijerinckia* sp. ไม่สามารถแตกวงไซโคลเพนเทนได้

Selifonov และคณะ (1996) ศึกษาการย่อยสลายอะซีแนพทีนโดย *Pseudomonas* sp. สายพันธุ์ PAO1 ที่มีเอนไซม์ไดออกซิจีเนสบน พลาสมิด NAH 7 พบว่าสามารถเปลี่ยนโครงสร้างอะซีแนพทีนเป็น อะซีแนพทีนอล และอะซีแนพทีนิน โดยการเติมออกซิเจน 1 อะตอมเข้าที่คาร์บอนตำแหน่งที่ 1 ของกลุ่มเมทิลีนิก (methylene group) โดยเอนไซม์โมโนออกซิจีเนส หลังจากนั้นดีไฮเดรสได้ ซิส-หรือ ทรานส์- อะซีแนพทีน -1, 2- ไดออล แต่ส่วนใหญ่มักพบเป็น ซิส- และจะถูกออกซิไดซ์ หรือรีดิวซ์ด้วยดีไฮโดรจีเนส และรีดักเทสจนกลายเป็น อะซีแนพทีนควิโนน และจะแตกตัวได้เองเป็น กรดแนพทาลีน 1, 8- ไดคาร์บอกซิลิก ซึ่งพบในรูปแอนไฮไดรด์ เป็นผลิตภัณฑ์สุดท้าย

Selifonov และคณะ (1998) ศึกษาการย่อยสลายอะซีแนพทีนศึกษาการย่อยสลายอะซีแนพทีนแบบโคเมตาบอลิซึมโดย *Pseudomonas* sp. ที่ใช้แนพทาลีน เป็นแหล่งคาร์บอนและพลังงาน และติดตามการเปลี่ยนโครงสร้างโดยติดฉลากด้วย ^{13}C ที่คาร์บอนตำแหน่งที่ 1 พบว่าสามารถเปลี่ยนโครงสร้างอะซีแนพทีนเป็น อะซีแนพทีนอล อะซีแนพทีนิน อะซีแนพทีน -1, 2- ไดออล และกรดแนพทาลีน 1, 8- ไดคาร์บอกซิลิก ตามลำดับ โดยอาศัยกิจกรรมของเอนไซม์แนพทาลีน 1,2-ไดออกซิจีเนส ที่เร่งให้เกิดปฏิกิริยาโมโนออกซิเดสในขั้นตอนแรก

แต่ในปี 1993 Selifonov และคณะ รายงานการย่อยสลายอะซีแนพทีนโดย *Alcaligenes eutrophus* และ *A. paradoxus* ที่สามารถใช้ อะซีแนพทีน ซาไลไซเลท และ เจนทิสเทท (2,5- ไดไฮดรอกซีเบนโซเอท) เป็นแหล่งคาร์บอน และพลังงาน พบว่า อะซีแนพทีนจะถูกเติมออกซิเจน 1 อะตอมลงบนวงไซโคลเพนเทนได้ผลิตภัณฑ์เป็น อะซีแนพทีนอล จากกิจกรรมของโมโนออกซิจีเนส หลังจากนั้นจะถูกออกซิไดซ์ด้วยไดออลดีไฮโดรจีเนส ไปเป็น 1-ไฮดรอกซี-2-คีโตอะซีแนพทีน และ

อะซีแนพทีนไดออกไซด์ ซึ่งเป็น tautomer และจะถูกออกซิไดซ์ หรือรีดิวซ์ และแตกตัวได้เอง ทำให้วงไฮโคลเพนเทนแตกออกจนได้ผลิตภัณฑ์เป็น กรด 1,8-แนพธาไลน์ไดคาร์บอกซิลิก และกรด 3-ไฮดรอกซีเบนซีน-1,2-ไดคาร์บอกซิลิก ดังแสดงในรูปที่ 2.8



รูปที่ 2.8 วิธีการย่อยสลายอะซีแนพทีนโดย *Alcaligenes eutrophus* และ *Alcaligenes paradoxus* (Selifonov และคณะ, 1991)

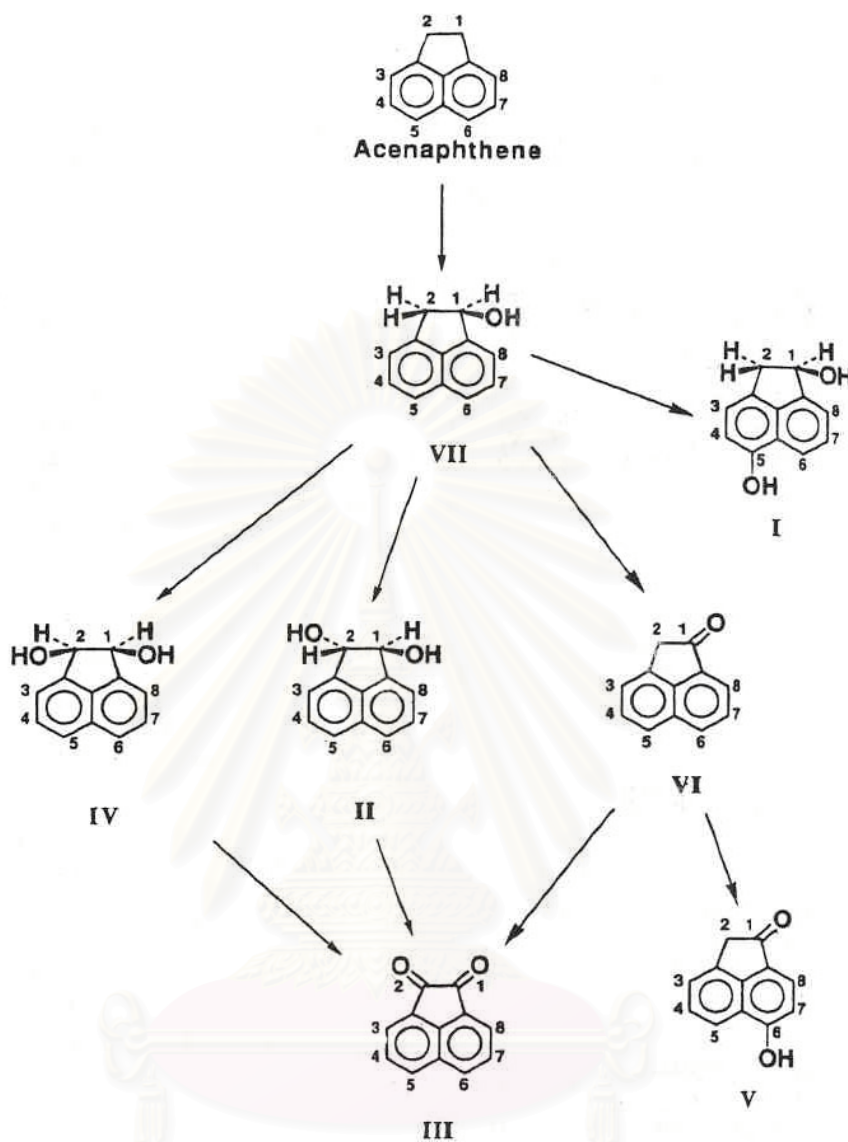
การย่อยสลายอะซีแนพทีนโดยรา

การย่อยสลายอะซีแนพทีนแบบโคเมตาบอลิซึม โดย *Cunninghamella elegans* ที่ใช้แนพทีนเป็นแหล่งคาร์บอน และพลังงาน *Cunninghamella elegans* สามารถเปลี่ยนโครงสร้างของอะซีแนพทีนเป็น สารฟีนอล ควิโนน ทรานส์ ไดไฮโดรไดออกอล และอีพอกไซด์ ซึ่งมีความเป็นพิษลดลง โดย *Cunninghamella elegans* จะใช้ไซโทโครม พี-450 โมโนออกซิจีเนส ในการออกซิไดซ์ โมเลกุลของอะซีแนพทีน โดยเข้าจับที่คาร์บอนตำแหน่งที่ 1 ทำให้เกิด 1-อะซีแนพทีนอล ซึ่งวิธีการย่อยสลายนี้คล้ายคลึงกับการย่อยสลายอะซีแนพทีนโดยแบคทีเรีย ดังแสดงในรูปที่ 2.9 ต่อจากนั้นจะถูกออกซิไดซ์ โดยเกิดกระบวนการไฮดรอกซิเลชันได้ ซิส,ทรานส์, 1,2-ไดไฮดรอกซีอะซีแนพทีน 1,5-ไดไฮดรอกซีอะซีแนพทีน และ 1-อะซีแนพทีโนน โดย 1,5-ไดไฮดรอกซีอะซีแนพทีน และ 6-ไฮดรอกซีอะซีแนพทีโนน เป็นสารที่ถูกออกซิไดซ์ที่คาร์บอนตำแหน่งที่ 5 และ 6 ซึ่งผลที่ได้นี้คล้ายคลึงกับการออกซิไดซ์ แนพทีนซึ่งชี้ว่าสารทั้ง 2 ชนิดนี้ เป็น isomerize spontaneously กัน (Pothuluri และคณะ, 1992)

การย่อยสลายอะซีแนพทีนโดยสัตว์เลี้ยงลูกด้วยนม

วิธีการย่อยสลายอะซีแนพทีนในสัตว์เลี้ยงลูกด้วยนมพบว่า อะซีแนพทีนจะถูกออกซิไดซ์เป็นอะซีแนพทีนอีพอกไซด์จากกิจกรรมของเอนไซม์ไซโทโครม P₄₅₀ จากนั้นอีพอกไซด์ไฮโดรเลส จะเติมไฮโดรเจนและหมู่ไฮดรอกซิลลงในโมเลกุลเกิดเป็น ซิส- และทรานส์-1,2-อะซีแนพทีน ไดออกอล, อะซีแนพทีนควิโนน และกรดแนพทีลิก (Hopskins และคณะ, 1962) ซึ่งมีวิธีการย่อยสลายคล้ายคลึงกับในแบคทีเรีย

สถาบันวิทยบริการ
จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย



รูปที่ 2.9 วิถีการย่อยสลายอะซีแนฟทีนโดย *Cunninghamella elegans* (Pothuluri และคณะ, 1992)

- | | |
|-----------------------------|--|
| I 1,5 dihydroxyacenaphthene | II <i>trans</i> -1,2-dihydroxyacenaphthene |
| III 1,2-acenaphthenedione | IV <i>cis</i> -1,2-dihydroxyacenaphthene |
| V 6-hydroxyacenaphthenone | VI 1-acenaphthenone |
| VII 1-acenaphthenol) | |

บทที่ 3

อุปกรณ์ เคมีภัณฑ์ และวิธีดำเนินงานวิจัย

3.1 อุปกรณ์ในการทดลอง

1. เครื่องชั่ง รุ่น L2200P และ A200S ของบริษัท Sartorius, USA.
2. เครื่องวัดความเป็นกรด-ด่าง (pH meter) รุ่น 240 ของบริษัท Corning, USA.
3. เครื่องนึ่งอบฆ่าเชื้อ (autoclave) ของบริษัท Kokusan, Japan.
4. ตู้เขี่ยเชื้อแบบ ISSCO laminar flow รุ่น BVT-124 ของบริษัท International Scientific Supply, USA.
5. เครื่องเขย่า (gyrotory shaker) รุ่น G10 ของบริษัท New Brunswick Scientific, USA.
6. ตู้แช่แข็งจุดเยือกแข็งต่ำ (deep freeze) อุณหภูมิ -70° C ของบริษัท Forma Scientific, USA.
7. ตู้แช่แข็งจุดเยือกแข็งต่ำ (deep freeze) อุณหภูมิ -20° C ของบริษัท Sanyo Electric, Japan
8. เครื่องวัดค่าการดูดกลืนแสง (spectrophotometer) รุ่น UV-160A ของบริษัท Shimadzu, Japan.
9. ตู้บ่มเชื้อ (contherm digital series cooled incubator) ของบริษัท Contherm Scientific, New Zealand.
10. ตู้บ่มเชื้อ (Incubator) ของบริษัท Memmert, Germany.
11. เครื่องปั่นเหวี่ยงชนิดควบคุมอุณหภูมิ (refrigerated centrifuge) รุ่น J2-21 ของบริษัท Beckman Instrument Inc., USA.
12. เครื่องปั่นเหวี่ยงชนิดตั้งโต๊ะ (bench-top centrifuge) รุ่น KM-15200 ของบริษัท Kubota, Japan.
13. เครื่องปั่นเหวี่ยงชนิดตั้งพื้น (centrifuge) รุ่น ของบริษัท Kubota, Japan.
14. ตู้อบแห้ง (Contherm digital series oven) ของบริษัท Contherm Scientific, New Zealand.
15. ไมโครปิเปต (micropipette) ขนาด 20, 100, 200, 1000 และ 5000 ไมโครลิตร ของบริษัท Gilson, France.
16. เครื่องปั่นผสม (vortex mixer) รุ่น G-560E ของบริษัท Scientific Industries, USA.

17. เครื่องระเหยแห้งแบบสูญญากาศ (rotary vacuum evaporator) รุ่น N ของบริษัท Tokyo Rikakikai, Japan.
18. เครื่องระเหยแห้งแบบสูญญากาศ (rotary vacuum evaporator) รุ่น N-N ของบริษัท Tokyo Rikakikai, Japan.
19. อ่างน้ำควบคุมอุณหภูมิ (waterbath) ของบริษัท Tokyo Rikakikai, Japan.
20. กรวยแยก (separatory funnel) ขนาด 500 มล. ของบริษัท Sibata, Japan.
21. กระบอกฉีดยาพลาสติกขนาด 1, 5 และ 10 มล. ของบริษัท Nissho Nipro, Japan.
22. ชุดกรองสำเร็จรูปชนิด PTFE ขนาด 0.2 ไมโครเมตร รุ่น DISMIC-13JP ของบริษัท Tokyo Roshi Kaisha, Japan.
23. ชุดกรองสำเร็จรูปชนิดเซลลูโลสอะซีเตต ขนาด 0.45 ไมโครเมตร รุ่น DISMIC-25CS ของบริษัท Tokyo Roshi Kaisha, Japan.
24. แผ่นกรองชนิด FH ขนาด 0.5 ไมโครเมตร ของบริษัท Tokyo Roshi Kaisha, Japan. Disposable micropipette. ของบริษัท E. Merck, Germany.
25. แผ่นอลูมิเนียมที่แอลซี (TLC aluminium sheet) เคลือบด้วย silica gel 60 F₂₅₄ ขนาด 20 X 20 ซม. ของบริษัท E. Merck, Germany.
26. หลอดแสงอัลตราไวโอเล็ตช่วงความยาวคลื่น 215-250 นาโนเมตร (ultraviolet lamp) รุ่น UVGL-15 ของบริษัท UVP, USA.
27. เครื่องกำเนิดเสียงความถี่สูง (ultrasonicator) ชนิดอ่าง รุ่น FS4000 ของบริษัท Decan Ultrasonics, England.
28. ชุดเครื่องมือไฮเพอร์ฟอร์แมนซ์ลิควิดโครมาโตกราฟี (high performance liquid chromatography, HPLC) (สำหรับตรวจสอบปริมาณ PAHs ที่เหลือและตรวจสอบสารมัลติไซนทร์)
 - ลิควิดโครมาโตกราฟี (liquid chromatography) รุ่น LC-3A ของบริษัท Shimadzu, Japan.
 - คอลัมน์ (column) : Senshu Pak Pegasil ODS ขนาด 4.6 X 150 มม. ของบริษัท Senshu Scientific, Japan
 - เครื่องตรวจสอบ (UV-visible detector) รุ่น SPD-2A ของบริษัท Shimadzu, Japan.
 - เครื่องบันทึก (recorder) Chromatopac รุ่น C-R1A ของบริษัท Shimadzu, Japan.
29. ชุดเครื่องมือไฮเพอร์ฟอร์แมนซ์ลิควิดโครมาโตกราฟี (high performance liquid chromatography, HPLC) (สำหรับคัดแยกสารมัลติไซนทร์)

- ลิควิดโครมาโตกราฟี (liquid chromatography) รุ่น LC-10AD ของบริษัท Shimadzu, Japan.
 - คอลัมน์ (column) : intersill PREP-ODS ขนาด 10 × 250 มม. ของบริษัท Senshu Scientific, Japan
 - เครื่องตรวจสอบ (UV-visible detector) รุ่น SPD-10A ของบริษัท Shimadzu, Japan.
30. กระบอกฉีดยาขนาดเล็ก (microsyringe) รุ่น MS-R50 ของบริษัท Exmire, USA.
 31. ชุดเครื่องมือ Mini Sub-Cell GT agarose gel eletrophoresis system ของบริษัท Bio-Rad, USA.
 32. เครื่องควบคุมอุณหภูมิและระเหยแห้งแบบให้ความร้อน (thermo-block) รุ่น MylabTH Thermo- Block SLTDB-120 ของบริษัท SeouLin Bioscience, Korea.
 33. หลอดเก็บเชื้อแช่แข็ง (cryotube) ของบริษัท Nalgene, USA.
 34. เครื่องเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอ (DNA Thermal Cycle) รุ่น 2400 ของบริษัท Perkin Elmer, USA.
 35. อุปกรณ์สำหรับถ่ายภาพ
 - กล้องถ่ายภาพโพลาไรซ์ ของบริษัท Polaroid, USA
 - แผ่นกรองสีแดง
 - ฟิล์มโพลาไรซ์ขาวดำ ความไวแสง 3000 (ISO 3000)

3.2 เคมีภัณฑ์

1. อะซีแนฟทีลีน (acenaphthylene) ของบริษัท Kanto Chemical, Japan
2. อะซีแนฟทีน (acenaphthene) ของบริษัท Sigma, USA.
3. อะซีแนฟทีนควิโนน (acenaphthenequinone) ของบริษัท Kanto Chemical, Japan
4. กรด แนพธาไลน์ 1,8-ไดคาร์บอกซิลิก (naphthalene-1,8-dicarboxylic acid) ของบริษัท Kanto Chemical, Japan
5. กรด 2,5-ไดไฮดรอกซีเบนโซอิก (2,5-dihydroxybenzoic acid) ของบริษัท Kanto Chemical, Japan
6. กรดโปรโตคาเทอจิก (protocatechuic acid) ของบริษัท Kanto Chemical, Japan
7. กรดซาลิไซลิก (salicylic acid) ของบริษัท Kanto Chemical, Japan
8. แนพธาไลน์ (naphthalene) ของบริษัท Sigma, USA.
9. ฟีนแอนทรีน (phenanthrene) ของบริษัท Sigma, USA.

10. ฟลูออรีน (fluorene) ของบริษัท Kanto Chemical, Japan
11. ฟลูออแรนทีน (fluoranthene) ของบริษัท Kanto Chemical, Japan
12. ไดเบนโซฟูแรน (dibenzofuran) ของบริษัท Kanto Chemical, Japan
13. ไพรีน (pyrene) ของบริษัท Kanto Chemical, Japan
14. แอนทราซีน (anthracene) ของบริษัท Kanto Chemical, Japan
15. กลีเซอรอล (glycerol) ของบริษัท Carlo ERBA, Italy.
16. ไดเมทิลซัลโฟลไซด์ (CH_3SOCH_3) ของบริษัท Carlo ERBA, Italy.
17. แบคโตอะการ์ (bacto agar) ของบริษัท Difco Laboratories, USA.
18. โซเดียมซึกซิเนต (NaC_4H_9) ของบริษัท AJEX Chemicals, Australia.
19. แอมโมเนียมไนเตรต (NH_4NO_3) ของบริษัท BDH Chemicals, Australia.
20. ไดโซเดียมไฮโดรเจนฟอสเฟตไดเดคคาไฮเดรต ($\text{Na}_2\text{HPO}_4 \cdot 12\text{H}_2\text{O}$) ของบริษัท Carlo ERBA, Italy.
21. โพแทสเซียมไดไฮโดรเจนฟอสเฟต (KH_2PO_4) ของบริษัท AJEX Chemicals, Australia.
22. แมกนีเซียมซัลเฟตเฮปตะไฮเดรต ($\text{MgSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$) ของบริษัท Carlo ERBA, Italy.
23. เฟอริกคลอไรด์เฮกซะไฮเดรต ($\text{FeCl}_3 \cdot 6\text{H}_2\text{O}$) ของบริษัท May & Baker, England.
24. แคลเซียมคลอไรด์ไดไฮเดรต ($\text{CaCl}_2 \cdot 2\text{H}_2\text{O}$) ของบริษัท AJEX Chemicals, Australia.
25. ทริปโตเนน (tryptone) ของบริษัท Difco Laboratories, USA.
26. ผงสกัดจากยีสต์ (yeast extract) ของบริษัท Difco Laboratories, USA.
27. โซเดียมคลอไรด์ (NaCl) ของบริษัท E. Merck, Germany.
28. โซเดียมไฮดรอกไซด์ (NaOH) ของบริษัท E. Merck, Germany.
29. กรดไฮโดรคลอริก (HCl) ของบริษัท BDH Chemicals, Australia.
30. เมทานอล (CH_3OH) ของบริษัท E. Merck, Germany.
31. เอทิลอะซิเตต ($\text{CH}_3\text{COOC}_2\text{H}_5$) ของบริษัท E. Merck, Germany.
32. โซเดียมซัลเฟตแอนไฮดรัส (anhydrous Na_2SO_4) ของบริษัท E. Merck, Germany.
33. นอร์มัลเฮกเซน (C_6H_{14}) ของบริษัท J.T. Baker, USA.
34. โทลูอีน ($\text{C}_6\text{H}_5\text{CH}_3$) ของบริษัท Carlo ERBA, Italy.
35. 1,4-ไดออกเซน ($\text{OCH}_2\text{CH}_2\text{OCH}_2\text{CH}_2$) Carlo ERBA, France.
36. กรดอะซิติกเข้มข้น (glacial CH_3COOH) ของบริษัท BDH Chemicals, Australia.
37. ฟีนอล (phenol) ของบริษัท E. Merck, Germany
38. สีบรอมฟีนอลบลู (bromphenolblue) ของบริษัท Fluka, Germany.

39. EDTA (ethylenediaminetetraacetic acid), ($C_{10}H_{14}N_2O_8 \cdot 2H_2O$) ของบริษัท Sigma, USA.
40. SDS (sodium dodecyl sulfate), ($C_{12}H_{25}OSO_3$) ของบริษัท Nacalai Tesque, Japan.
41. CTAB (cetyltrimethylammonium bromide), [$(C_{16}H_{32}N(CH_3)_3)Br$] ของบริษัท TCI-EP, Japan
42. 1 kb DNA ladder ของบริษัท Promega, USA.
43. Taq DNA polymerase ของบริษัท Promega, USA.
44. Ribonuclease A (Rnase A) ของบริษัท Sigma, USA.
45. Proteinase K ของบริษัท Sigma, USA.

วิธีการดำเนินงาน

3.1. การเก็บตัวอย่างน้ำ

เก็บตัวอย่างน้ำจากบริเวณที่มีการปนเปื้อนสารปิโตรเลียมไฮโดรคาร์บอน เช่น น้ำมัน น้ำมันเครื่อง ที่มีการสะสมอยู่เป็นเวลานาน เพื่อนำมาคัดแยกเชื้อแบคทีเรียที่มีความสามารถในการย่อยสลายสาร PAHs โดยเก็บลึกจากผิวน้ำประมาณ 50 ซม. เก็บน้ำตัวอย่างไว้ที่อุณหภูมิ 4°C จนกว่าจะนำมาแยกเชื้อ สถานที่เก็บตัวอย่างน้ำแต่ละตัวอย่างได้แสดงไว้ในตารางที่ 3.1

ตารางที่ 3.1 แหล่งตัวอย่างน้ำที่ใช้ในการคัดแยกแบคทีเรียที่ย่อยสลายสาร PAHs ได้

ตัวอย่าง	สถานที่เก็บ
1	น้ำเสียจากบ่อก่อนบำบัดในระบบบำบัดน้ำเสีย คู้ทหารเรือพระจุลจอมเกล้า จ.สมุทรปราการ
2	น้ำเสียจากบ่อเติมอากาศ 1 ในระบบบำบัดน้ำเสีย คู้ทหารเรือพระจุลจอมเกล้า จ.สมุทรปราการ
3	น้ำเสียจากบ่อเติมอากาศ 2 ในระบบบำบัดน้ำเสีย คู้ทหารเรือพระจุลจอมเกล้า จ.สมุทรปราการ
4	น้ำเสียจากบ่อดักตะกอน ในระบบบำบัดน้ำเสีย คู้ทหารเรือพระจุลจอมเกล้า จ.สมุทรปราการ
5	น้ำเสียจากบ่อหลังบำบัด ในระบบบำบัดน้ำเสีย คู้ทหารเรือพระจุลจอมเกล้า จ.สมุทรปราการ
6	น้ำเสียจากบ่อซ่อมบำรุงเรือ (บ่อดอย 1) ในคู้ทหารเรือพระจุลจอมเกล้า จ.สมุทรปราการ
7	น้ำเสียจากบ่อซ่อมบำรุงเรือ (บ่อดอย 2) ในคู้ทหารเรือพระจุลจอมเกล้า จ.สมุทรปราการ

3.2. การตัดแยกแบคทีเรียสายพันธุ์บริสุทธิ์จากตัวอย่างน้ำ ที่มีความสามารถย่อย สลายสารประกอบพอลิไซคลิกอะโรมาติกไฮโดรคาร์บอน

3.2.1 การเพิ่มจำนวนแบคทีเรียที่สามารถย่อยสลายสารประกอบพอลิไซคลิก อะโรมาติกไฮโดรคาร์บอน

เตรียมหัวเชื้อของแบคทีเรียโดยการนำตัวอย่างน้ำแต่ละแหล่งที่ต้องการแยกแบคทีเรีย ปริมาตร 10 มล. ใส่ในขวดรูปชมพู่ที่บรรจุอาหารเลี้ยงเชื้อเหลวปราศจากแหล่งคาร์บอน (carbon-free mineral salt medium, CFMM) (Omori และคณะ, 1992) ที่ผ่านการฆ่าเชื้อปริมาตร 40 มล. นำไปเขย่าบนเครื่องเขย่าที่ความเร็ว 200 รอบต่อนาที ที่อุณหภูมิห้อง เป็นเวลา 24 ชม. เพื่อให้แบคทีเรียในตัวอย่างน้ำปรับตัวกับสภาวะที่ใช้ในการทดลอง หลังจากนั้นถ่ายน้ำตัวอย่างปริมาตร 1 มล. ใส่ลงในแต่ละหลอดทดลองที่บรรจุอาหารเลี้ยงเชื้อเหลว CFMM ปริมาตร 4 มล. เติมสาร PAHs อันได้แก่ แนพทาซีน อะซีแนพทีน อะซีแนพทีน พีแนนทรีน แอนทราซีน ไดเบนโซฟูแรน ฟลูออรีน ฟลูออแรนทีน และ ไพรีน ในรูปสารละลายในไดเมทิลซัลฟอกไซด์ ลงในหลอด ชนิดละหลอดที่ความเข้มข้น 100 มก.ต่อลิตร เพื่อใช้เป็นแหล่งคาร์บอนและพลังงานของแบคทีเรีย นำไปเลี้ยงบนเครื่องเขย่าที่ความเร็ว 200 รอบต่อนาที ที่อุณหภูมิห้อง สังเกตการเจริญของแบคทีเรีย โดยดูจากความขุ่นที่เพิ่มขึ้นของอาหารเลี้ยงเชื้อเหลวและ/หรือการเปลี่ยนสีของอาหารเลี้ยงเชื้อเหลว เปรียบเทียบกับหลอดควบคุม หลอดทดลองใดที่มีการเจริญของแบคทีเรียในลักษณะดังกล่าว จะได้รับการถ่ายเชื้อลงในอาหารเหลวใหม่ โดยปรับปริมาตรหัวเชื้อและอาหารเลี้ยงเชื้อเหลว CFMM เป็น 50 ไมโครลิตรและ 5 มล. ตามลำดับ โดยใช้ขั้นตอนต่างๆที่กล่าวมาข้างต้น ทำเช่นนี้ซ้ำ 5 ครั้ง เพื่อให้แบคทีเรียมีความคุ้นเคยและเพิ่มจำนวนแบคทีเรียที่มีความสามารถในการย่อยสลายสาร PAHs

หมายเหตุ แนพทาซีน อะซีแนพทีน และอะซีแนพทีน มีค่าความดันไอสูง จึงระเหยได้ง่าย ดังนั้นในการทดสอบจะปิดผนึกจุกสำลีด้วยพาราฟิล์ม หรือเทปกาว เพื่อป้องกันการระเหย

3.2.2 การตัดแยกแบคทีเรียสายพันธุ์บริสุทธิ์ที่สามารถย่อยสลายสาร PAHs

เนื่องจากแบคทีเรียในตัวอย่างน้ำที่ 6 มีความสามารถในการย่อยสลายสาร PAHs ได้หลายชนิด โดยเฉพาะสามารถย่อยสลายฟลูออแรนทีน ซึ่งเป็นสาร PAHs ที่มีน้ำหนักโมเลกุลสูง จุลินทรีย์ส่วนใหญ่ไม่สามารถย่อยสลายได้ จึงทำการเพิ่มจำนวนแบคทีเรียดังกล่าว ในอาหารที่มีฟลูออแรนทีน เพื่อให้แบคทีเรียคุ้นเคย และปรับตัวให้สามารถย่อยสลายและนำฟลูออแรนทีนไปใช้ในการเจริญ โดยการถ่ายเชื้อ 5 ครั้ง หลังจากนั้นนำอาหารเลี้ยงเชื้อเหลว CFMM ที่มีแบคทีเรียที่

เจริญบนฟลูออแรนธิน มาทำการเจือจางในสารละลาย 0.85% โซเดียมคลอไรด์ เลือกความเข้มข้นที่เหมาะสม มาเกลี่ยบนอาหารเลี้ยงเชื้อแข็ง CFMM ที่มีฟลูออแรนธินวางบนฝาจานอาหารเลี้ยงเชื้อ นำไปบ่มที่อุณหภูมิ 30 °ซ จนพบการเจริญของแบคทีเรีย นำแบคทีเรียที่เจริญบนจานอาหารมายืนยันความสามารถในการย่อยสลายฟลูออแรนธินอีกครั้ง โดยถ่ายเชื้อลงในอาหารเลี้ยงเชื้อเหลว CFMM ที่มีฟลูออแรนธินความเข้มข้น 0.1 มก.ต่อมล. เติงบนเครื่องเขย่า 200 รอบต่อนาที ที่อุณหภูมิห้อง สังเกตการเจริญของเชื้อ เทียบกับชุดควบคุม นำเชื้อจากหลอดทดลองที่สังเกตว่าขุ่นและมีการเปลี่ยนสีของอาหารมาตรวจสอบความบริสุทธิ์ โดยนำมาเจือจางในสารละลาย 0.85% โซเดียมคลอไรด์ เลือกความเข้มข้นที่เหมาะสมมาเกลี่ยบนอาหารเลี้ยงเชื้อแข็ง LB (Luria Bertani agar) สังเกตดูลักษณะโคโลนีที่เจริญบนอาหารจนกระทั่งได้เชื้อบริสุทธิ์ หลังจากนั้นนำแบคทีเรียสายพันธุ์บริสุทธิ์ที่แยกได้ไปเชื้อบนอาหารเลี้ยงเชื้อแข็ง CFMM ที่มีฟลูออแรนธินพีแนทรีน ฟลูออรีน และอะซีแนพรีน วางบนจานอาหารเลี้ยงเชื้อชนิดละจาน นำไปบ่มที่อุณหภูมิ 30 °ซ เป็นเวลา 7 วัน สังเกตดูการเจริญของแบคทีเรียบนอาหาร

3.2.3 การเก็บเชื้อ

นำแบคทีเรียสายพันธุ์ SP2 ซึ่งเป็นเชื้อบริสุทธิ์ ที่คัดแยกได้จากตัวอย่างน้ำ ในบ่อซ่อมบำรุงเรือ (บ่อลอย 1) ซึ่งมีความสามารถในการเจริญและย่อยสลายอะซีแนพรีน มาเลี้ยงในอาหารเลี้ยงเชื้อเหลว CFMM ที่มีอะซีแนพรีน 0.1 มก.ต่อมล. เมื่อแบคทีเรียมีการเจริญอยู่ในช่วงสเตชันนารี นำอาหารเหลวที่มีเชื้อเจริญบรรจุลงในหลอดแช่แข็ง (cryotube) และเติมกลีเซอรอลที่ผ่านการฆ่าเชื้อ ซึ่งผ่านการฆ่าเชื้อ 3 ครั้ง ที่ความดัน 15 ปอนด์ต่อตารางนิ้ว อุณหภูมิ 121 °ซ เป็นเวลา 20 นาที โดยใช้อัตราส่วนระหว่างปริมาตรเชื้อในอาหารเหลวต่อปริมาตรกลีเซอรอลเป็น 50 : 50 และ 70 : 30 ปริมาตรต่อปริมาตร ผสมให้เข้ากันด้วยเครื่องปั่นผสม เก็บเชื้อที่อุณหภูมิ -20 °ซ หรือ -70 °ซ ตามลำดับ

3.3 จำแนกชนิดทางอนุกรมวิธานของแบคทีเรียสายพันธุ์ SP2

3.3.1 ทดสอบลักษณะทางสัณฐานวิทยา (morphological characteristics)

นำแบคทีเรียสายพันธุ์ SP2 มาศึกษาลักษณะโคโลนีบนอาหารแข็งและลักษณะเซลล์ภายใต้กล้องจุลทรรศน์ ร่วมกับสมบัติทางสรีรวิทยา (physiological characteristics) และสมบัติทางชีวเคมีวิทยา (biochemical characteristics) ตามที่รายงานไว้ใน Burgey's Manual of Systematic Bacteriology (Palleroni, 1984)

3.3.2 วิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ 16 เอสไรโบโซมัลดีเอ็นเอ (16S ribosomal DNA)

3.3.2.1 การสกัดจีโนมิกดีเอ็นเอของแบคทีเรีย สายพันธุ์ SP2

สกัดจีโนมิกดีเอ็นเอของแบคทีเรีย สายพันธุ์ SP2 ตามวิธีของ Ausubel และคณะ (1999) โดยเขียนโคโลนีเดี่ยวของเชื้อลงในอาหารเลี้ยงเชื้อเหลว LB ปริมาตร 5 มล. แล้วนำไปขยายที่อุณหภูมิห้อง นาน 24 ชม. ถ่ายเชื้อลงในหลอดไมโครพิวจ์ นำไปปั่นเหวี่ยงเพื่อแยกเซลล์ด้วยเครื่องปั่นเหวี่ยงที่ความเร็ว 10,000 รอบต่อนาที ที่อุณหภูมิห้อง เป็นเวลา 2 นาที แขนวลอยเซลล์ด้วยบัฟเฟอร์ TE (ภาคผนวก ข) ปริมาตร 567 ไมโครลิตร เติมสารละลาย SDS เข้มข้น 10% ปริมาตร 30 ไมโครลิตร ผสมโดยการกลับหลอดเบาๆ จนเห็นสารแขวนลอยเริ่มเหนียวและใสขึ้น เติมสารละลายโปรตีนเนสเค (Proteinase K) เข้มข้น 20 มก.ต่อมล. (ภาคผนวก ข) ปริมาตร 3 ไมโครลิตร (ความเข้มข้นสุดท้ายเป็น 100 ไมโครกรัมต่อมล. ของโปรตีนเนสเคใน 0.5 % SDS) ผสมให้เข้ากันโดยการกลับหลอด นำไปบ่มที่อุณหภูมิ 37 °ซ นาน 1 ชั่วโมง กลับหลอดเบาๆ ทุก 10 นาที แล้วเติมสารละลายเกลือโซเดียมคลอไรด์เข้มข้น 5 โมลาร์ ปริมาตร 100 ไมโครลิตร ผสมให้เข้ากันโดยการกลับหลอด จากนั้นเติมสารละลาย CTAB/NaCl (ภาคผนวก ข) ปริมาตร 80 ไมโครลิตร ผสมให้เข้ากันโดยการกลับหลอด นำไปบ่มที่อุณหภูมิ 65 °ซ เป็นเวลา 10 นาที จากนั้นเติมสารละลายคลอโรฟอร์ม/ไอโซเอมิลแอลกอฮอล์ (ภาคผนวก ข) (อัตราส่วนปริมาตรเท่ากับปริมาตรของสารละลายสุดท้าย) ปริมาตร 700 ไมโครลิตร ผสมให้เข้ากันจนกระทั่งกลายเป็นอิมัลชัน นำไปปั่นเหวี่ยงที่ความเร็ว 13,000 รอบต่อนาที ที่อุณหภูมิห้อง เป็นเวลา 5 นาที ถ่ายส่วนน้ำใสขึ้นบนใส่หลอดไมโครพิวจ์อันใหม่ เติมสารละลายฟีนอล/คลอโรฟอร์ม/ไอโซเอมิลแอลกอฮอล์ (ภาคผนวก ข) ปริมาตร 800 ไมโครลิตร ผสมให้เข้ากันจนกระทั่งกลายเป็นอิมัลชัน นำไปปั่นเหวี่ยงให้แยกชั้นด้วยเครื่องปั่นเหวี่ยงที่ความเร็ว 13,000 รอบต่อนาที นาน 5 นาที ถ่ายส่วนน้ำใสขึ้นบนใส่หลอดไมโครพิวจ์อันใหม่ เติมไอโซโพรพานอลปริมาตร 0.6 เท่าของน้ำส่วนใสที่ได้ ผสมให้เข้ากันโดยการกลับหลอดไปมาจนกระทั่งเห็นตะกอนสีขาวของดีเอ็นเอปรากฏ นำไปปั่นเหวี่ยงที่ความเร็ว 13,000 รอบต่อนาที นาน 15 นาที นำตะกอนดีเอ็นเอที่ได้มาล้างด้วยสารละลายเอทานอล 70 % ที่เย็นจัด ปริมาตร 1 มิลลิลิตร ทำซ้ำ 2 ครั้ง โดยการปั่นล้างเก็บตะกอนที่อุณหภูมิห้อง นาน 5 นาที เทส่วนน้ำใสทิ้ง สุดท้ายนำตะกอนดีเอ็นเอที่ได้ไประเหยให้แห้งที่อุณหภูมิห้อง แขนวลอยตะกอนดีเอ็นเอที่ได้ด้วยบัฟเฟอร์ TE ปริมาตร 50 ไมโครลิตร เติมสารละลาย RNase เข้มข้น 10 มก.ต่อมล. (ภาคผนวก ข) ปริมาตร 2 ไมโครลิตร เพื่อกำจัดอาร์เอ็นเอ เก็บที่อุณหภูมิ 4 °ซ

การวิเคราะห์ความบริสุทธิ์และความเข้มข้นของดีเอ็นเอ

นำสารละลายดีเอ็นเอไปวัดค่าการดูดกลืนแสง ที่ความยาวคลื่น 260 และ 280 นาโนเมตร (A_{260} และ A_{280}) คำนวณค่า A_{260} ต่อ A_{280} โดยหากอัตราส่วนที่ได้มีค่าน้อยกว่า 1.8 แสดงว่ามีโปรตีนปนเปื้อนสูง แต่ถ้าค่าสูงกว่า 2.0 แสดงว่ามีอาร์เอ็นเอปนเปื้อนสูง

คำนวณหาความเข้มข้นของดีเอ็นเอจากสมการ

ดีเอ็นเอสายคู่ (ไมโครกรัมต่อมิลลิลิตร) = $A_{260} \times 50 \times \text{dilution factor}$

3.3.2.2 การเพิ่มจำนวนดีเอ็นเอโดยปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอเรส (Polymerase Chain Reduction ,PCR)

นำดีเอ็นเอ ที่สกัดตามวิธีในข้อ 3.3.2.1 ไปทำปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอเรส โดยใช้ส่วนผสมของสารในปฏิกิริยา และโพลิโกนิวคลีโอไทด์ไพรเมอร์ที่ออกแบบตามวิธีของ Blackall (1999) โดยที่ความเข้มข้นสุดท้ายในปฏิกิริยาของสารแต่ละชนิดเป็นดังนี้

สารละลายแมกนีเซียมคลอไรด์ ($MgCl_2$) ความเข้มข้น 1.5 มิลลิโมลาร์ สารละลาย dNTP ความเข้มข้น 0.2 มิลลิโมลาร์ 1x *Taq* DNA polymerase buffer *Taq* DNA polymerase ปริมาณ 2.5 หน่วย สารละลายไพรเมอร์ที่จำเพาะกับบริเวณปลายทั้ง 2 ด้านของสายดีเอ็นเอแม่แบบ forward primer 27f 5'-CATTGTAGCACGTGTGTAGC-3' และ reverse primer 1492r 5'-TTTCCTTAGAGTGCCCAACC -3' ความเข้มข้น 200 นาโนกรัมต่อไมโครลิตร (ของแต่ละตัว) ดีเอ็นเอแม่แบบ ที่เตรียมไว้ในข้อ 3.3.2.1 ปริมาณ 1 พิโคกรัม - 1 ไมโครกรัม ปรับปริมาตรด้วยน้ำปลอดประจุปลอดเชื้อ รวมส่วนผสมทั้งหมดมีปริมาตรสุทธิ 50 ไมโครลิตร ผสมให้เข้ากัน ระวังอย่าให้เกิดฟองอากาศและควรเก็บส่วนผสมทั้งหมดในน้ำแข็ง หลังจากนั้นดำเนินปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอเรสด้วยเครื่องเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอ (DNA Thermol Cycler) (Perkin Elmer, USA) โดยตั้งโปรแกรมดังนี้

hot start	ที่อุณหภูมิ 95 °ซ เป็นเวลา 30 นาที	} 30 รอบ
denaturation	ที่อุณหภูมิ 94 °ซ เป็นเวลา 1 นาที	
annealing	ที่อุณหภูมิ 48 °ซ เป็นเวลา 1 นาที	
extension	ที่อุณหภูมิ 72 °ซ เป็นเวลา 2 นาที	
extension	ที่อุณหภูมิ 72 °ซ เป็นเวลา 2 นาที	} 1 รอบ
annealing	ที่อุณหภูมิ 48 °ซ เป็นเวลา 1 นาที	
final extension	ที่อุณหภูมิ 72 °ซ เป็นเวลา 5 นาที	

ตรวจสอบผลิตภัณฑ์ที่เกิดขึ้นโดยวิธีอะกาโรสเจลอิเล็กโตรโฟรีซิส ในขั้นต่อไป

3.3.2.3 การแยกดีเอ็นเอด้วยวิธีอะกาโรสเจลอิเล็กโตรโฟรีซิส

นำผลิตภัณฑ์ปฏิกิริยาถูกไซท์ได้จากข้อ 3.3.2.2 มาตรวจสอบความบริสุทธิ์ของสายดีเอ็นเอ ด้วยวิธีอะกาโรสเจลอิเล็กโตรโฟรีซิส โดยเตรียมอะกาโรสเจลเข้มข้น 1.0 % ที่หลอมในบัฟเฟอร์ TAE (ภาคผนวก ข) เทลงในแบบพิมพ์ซึ่งมีหัวเสียบอยู่ ระวังอย่าให้มีฟองอากาศ ปล่อยให้อะกาโรสเจลแข็งตัวประมาณ 20 นาที วางชิ้นอะกาโรสเจลที่ได้ลงในแชมเบอร์เทปฟเฟอร์ TAE ให้ท่วมเหนืออะกาโรสเจล 2-3 มม. ผสมสารละลายดีเอ็นเอกับสตีติดตามหยอดลงในช่องวิ่ง โดยช่องวิ่งแรกจะหยดด้วยดีเอ็นเอมาตรฐานที่ผสมกับสตีติดตามแล้วปริมาตร 3 ไมโครลิตร จากนั้นทำอิเล็กโตรโฟรีซิส โดยใช้ชุดทำอะกาโรสเจลอิเล็กโตรโฟรีซิสรุ่น Mini sub-cell GT ใช้ความต่างศักย์ 75 โวลต์ จนกระทั่งสีน้ำเงินของบรอมฟีนอลบลู เคลื่อนที่มาเกือบถึงขอบอะกาโรสเจลอีกด้าน ย้อมอะกาโรสเจลด้วยสารละลายเอธิเดียมโบรไมด์เข้มข้น 10 ไมโครกรัมต่อมิลลิลิตรในบัฟเฟอร์ TAE เป็นเวลา 10 นาที ตรวจสอบแถบดีเอ็นเอด้วยแสงอัลตราไวโอเล็ตความยาวคลื่น 312 นาโนเมตร

3.3.2.4 การหาลำดับนิวคลีโอไทด์ของ 16 เอสไรโบโซมัลดีเอ็นเอ

ส่งผลิตภัณฑ์ปฏิกิริยาถูกไซท์ได้จากข้อ 3.3.2.2 ไปหาลำดับนิวคลีโอไทด์ของ 16 เอส ไรโบโซมัลดีเอ็นเอ และสังเคราะห์โอลิโกนิวคลีโอไทด์ไพรเมอร์โดยเครื่องสังเคราะห์ดีเอ็นเออัตโนมัติ โดยหน่วยบริการชีวภาพ (BIOSERVICE UNIT, BSU) สำนักงานพัฒนาวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยีแห่งชาติ (สวทช.) ในการหาลำดับนิวคลีโอไทด์ของ 16 เอสไรโบโซมัลดีเอ็นเอ ของ

แบคทีเรียสายพันธุ์ SP2 ได้ใช้โพลิโนวคลีโอไทด์ไพรเมอร์ forward และ reverse ดังแสดงในตารางที่ 3.2 เพื่ออ่านลำดับเบสของ 16 เอสโรโบโซมัลดีเอ็นเอ จนครบ 1,500 คู่เบส

ตารางที่ 3.2 โอลิโนวคลีโอไทด์ไพรเมอร์ที่ใช้สำหรับหาลำดับนิวคลีโอไทด์ของ 16 เอสโรโบโซมัลดีเอ็นเอ ของแบคทีเรีย สายพันธุ์ SP2

โอลิโนวคลีโอไทด์ไพรเมอร์	ลำดับนิวคลีโอไทด์	เอกสารอ้างอิง
Reverse primer1492r	5'-TTTCCTTAGAGTGCCCAACC -3'	Blackall L.L.(1999)
Forward primer 27f	5'-CATTGTAGCACGTGTGTAGC -3'	Blackall L.L. (1999)
Reverse primer 340r1	5'-TTTCCTTAGAGTGCCCAACC -3'	สร้างในการทดลองนี้
Forward primer 250f1	5'-CATTGTAGCACGTGTGTAGC -3'	สร้างในการทดลองนี้
Reverse primer 320r2	5'-TCATCGTTTACGGCGTGGAC-3'	สร้างในการทดลองนี้
Forward primer 280f2	5'-CCACATGCTCCACCGCTTGT-3'	สร้างในการทดลองนี้

รวบรวมและวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ที่ได้ด้วยโปรแกรม Bioedit และนำไปเปรียบเทียบข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์ที่มีการรายงานไว้ใน Gen Bank. โดยใช้โปรแกรม Blast

3.4. การเจริญและความสามารถในการย่อยสลายอะซีแนพทินของแบคทีเรียที่คัดแยกได้

3.4.1 ศึกษารูปแบบการเจริญและความสามารถของแบคทีเรียที่คัดแยกได้ในการใช้อะซีแนพทินเป็นแหล่งคาร์บอนและพลังงาน

เตรียมหัวเชื้อแบคทีเรีย โดยเชื้อโคโคไนด์ของแบคทีเรียที่คัดแยกได้จากจานอาหารแข็ง CFMM ที่วางอะซีแนพทินบนฝาจานอาหารเลี้ยงเชื้อ นำมาถ่ายลงในอาหารเหลว CFMM ปริมาตร 50 มล. ที่มีโซเดียมซัคซิเนต (sodium succinate) เข้มข้น 1 กรัมต่อลิตร ในขวดรูปชมพูนขนาด 250 มล. เลี้ยงเชื้อบนเครื่องเขย่าที่มีความเร็ว 200 รอบต่อนาที ที่อุณหภูมิห้อง เป็นเวลา 24 ชม. หลังจากนั้น นำมาปั่นแยกเซลล์แบคทีเรียด้วยเครื่องปั่นเหวี่ยงที่มีความเร็ว 10,000 รอบต่อนาที ที่อุณหภูมิ 4 °ซ เป็นเวลา 10 นาที นำส่วนเซลล์แบคทีเรียมาล้างในสารละลาย 0.85% โซเดียมคลอไรด์ ทำการปั่นเหวี่ยงที่สภาวะเดิม โดยทำตามขั้นตอนนี้ 2 ครั้ง นำส่วนเซลล์มาแขวนลอยในสารละลาย 0.85% โซเดียมคลอไรด์ นำเซลล์แขวนลอยมาวัดความขุ่น (turbidity) ที่ความยาวคลื่น 600 นาโนเมตร และเจือจางให้มีค่าการดูดกลืนแสงเท่ากับ 1.0 นำเซลล์แขวนลอย

ที่ปรับความเข้มข้นแล้วมาเขย่าบนเครื่องเขย่าที่ความเร็ว 200 รอบต่อนาที ที่อุณหภูมิห้อง เป็นเวลา 24 ชม. เพื่อให้แบคทีเรียใช้อาหารสะสมที่เหลืออยู่ในเซลล์ให้หมดไป หลังจากนั้นนำหัวเชื้อ ปริมาตร 50 ไมโครลิตร ลงในหลอดอาหารเลี้ยงเชื้อเหลว CFMM ปริมาตร 5 มล. ที่มีอะซีแนพธินที่ ความเข้มข้น 100 300 500 700 และ 900 มก.ต่อลิตร เลี้ยงเชื้อบนเครื่องเขย่าที่ความเร็ว 200 รอบต่อนาที ที่อุณหภูมิห้อง เก็บตัวอย่างทุกวัน เป็นเวลา 7 วัน โดยแต่ละเวลามีชุดควบคุม 2 ชุด คือ ชุดควบคุมสำหรับศึกษาการเจริญของแบคทีเรียที่ไม่ได้เกิดการย่อยสลายอะซีแนพธิน ซึ่งเตรียมโดยการเติมหัวเชื้อลงในอาหารเหลว CFMM ที่ไม่มีอะซีแนพธิน และชุดควบคุมสำหรับ ตรวจการลดลงของอะซีแนพธินที่ไม่ได้เกิดจากการย่อยสลายของแบคทีเรีย ซึ่งเตรียมโดยการใช้อาหารเหลว CFMM ที่มีอะซีแนพธินแต่ไม่เติมหัวเชื้อ วัดการเจริญของแบคทีเรียด้วยวิธี viable plate count โดยนำอาหารมาเจือจางด้วยสารละลาย 0.85% โซเดียมคลอไรด์ ให้มีความเข้มข้นที่เหมาะสม นำมาเกลี่ยบนอาหารแข็ง LB ป่มเชื้อที่อุณหภูมิ 30 °ซ เป็นเวลา 2 วัน และวัดปริมาณอะซีแนพธินที่เหลืออยู่ โดยการสกัดด้วยเอทิลอะซีเตท ตามวิธีการของ Grifoll และคณะ (1992) นำสารสกัดที่ได้ไปวิเคราะห์ปริมาณอะซีแนพธินที่เหลือ และวิเคราะห์สารมัธยันตร์ที่เกิดจากการย่อยสลายอะซีแนพธินด้วยวิธี HPLC ควบคู่กับวิธี TLC

การสกัดสาร PAHs และสารมัธยันตร์ตามวิธีของ Grifoll และคณะ (1992)

นำอาหารเลี้ยงเชื้อเหลวมาปรับค่าความเป็นกรดเป็นด่างให้เท่ากับ 2.0-3.0 โดยการเติมกรดไฮโดรคลอริกเข้มข้น จากนั้นเติมเอทิลอะซีเตทปริมาตร 1 เท่าของน้ำเลี้ยงเชื้อ ผสมให้เข้ากันโดยใช้เครื่องปั่นผสมด้วยความเร็วสูงเป็นเวลา 1-2 นาที ตั้งทิ้งไว้ให้แยกชั้น แยกส่วนเอทิลอะซีเตทเก็บไว้ สกัดซ้ำด้วยเอทิลอะซีเตทปริมาตร 1 เท่าของน้ำเลี้ยงเชื้อตามวิธีเดิม รวมส่วนเอทิลอะซีเตทที่ได้ เติมแอนไฮดรัสโซเดียมซัลเฟตเพื่อกำจัดน้ำที่เหลืออยู่ จากนั้นแยกส่วนเอทิลอะซีเตท โดยนำไประเหยให้แห้งด้วยเครื่องระเหยแห้งสูญญากาศแบบหมุนจนได้สารที่แห้งสนิท เติมน้ำมันกลปริมาตร 1 มล. ลงไปละลายสารในขวดลดปริมาตร กรองสารละลายที่ได้ผ่านชุดกรองสำเร็จรูปชนิด PTFE ที่มีขนาดรูกรอง 0.20 ไมโครเมตร เก็บไว้ที่อุณหภูมิ -20 °ซ จนกว่าจะทำการวิเคราะห์

การวิเคราะห์สารมัธยันตร์ที่เกิดจากการย่อยสลายอะซีแนพทีนด้วยวิธี analytical Thin Layer Chromatography (TLC)

นำสารสกัดที่ละลายในเมทานอล ปริมาตร 5 ไมโครลิตร มาจุดบนแผ่น TLC กว้าง 8x8 ซม. โดยใช้ระบบตัวทำละลายประกอบด้วย โทลูอีน : 1,4-ไดออกเซน : กรดอะซีติกเข้มข้น ในอัตราส่วน 90 : 25 : 4 (ปริมาตรต่อปริมาตร) ตรวจสอบจุดเปกตรัมของอะซีแนพทีนและสารมัธยันตร์ที่เกิดขึ้นภายใต้แสงอุลตราไวโอเล็ตช่วงความยาวคลื่น 215-250 นาโนเมตร

การวิเคราะห์ปริมาณอะซีแนพทีน และสารมัธยันตร์โดยวิธี HPLC

เตรียมสร้างกราฟมาตรฐานของอะซีแนพทีน โดยเติมสารอะซีแนพทีนในไดเมทิลดีซัลไฟด์ลงในอาหารเลี้ยงเชื้อเหลว CFMM ให้มีความเข้มข้น 0 100 200 300 400 500 600 700 800 900 และ 1,000 มก.ต่อลิตร ของอาหารเลี้ยงเชื้อเหลว CFMM ตามลำดับ ทำการสกัดด้วยเอทิลอะซีเตท โดยใช้วิธีการเดียวกับการสกัดอะซีแนพทีนในชุดทดลอง และนำไปวิเคราะห์ปริมาณสารโดยใช้วิธี HPLC ซึ่งมีส่วนประกอบต่างๆดังนี้

เครื่องลิควิดโครมาโตกราฟี รุ่น LC-3A (Shimadzu, Japan) ใช้คอลัมน์ Senshu Pak Pegasil ODS ขนาด 4.6x150 มม. ตั้งอุณหภูมิคอลัมน์ที่ 40 °ซ ใช้สารละลาย 80% เมทานอล เป็นสารละลายตัวพา และใช้อัตราการไหลเท่ากับ 1.0 มล.ต่อนาที ตรวจสอบค่าการดูดกลืนแสงของอะซีแนพทีน และ PAHs ที่ความยาวคลื่น 275 นาโนเมตร ฉีดสารละลายที่ต้องการหาปริมาณสาร 60 ไมโครลิตร โดยใช้กระบอกฉีดขนาดเล็กรุ่น MS-R50 หาปริมาณอะซีแนพทีนที่เหลืออยู่จากการย่อยสลายของแบคทีเรียในชุดทดลอง โดยเปรียบเทียบพื้นที่ใต้กราฟที่ได้จากการวิเคราะห์กับกราฟมาตรฐานของอะซีแนพทีน

3.4.2 การวิเคราะห์สารมัธยันตร์ที่เกิดจากการย่อยสลายอะซีแนพทีน

3.4.2.1 เลือกระยะเวลาที่เหมาะสมสำหรับการสกัดสารมัธยันตร์

เติมหัวเชื้อแบคทีเรียที่เตรียมวิธีเช่นเดียวกับการทดลอง 3.4.1 ปริมาตร 100 ไมโครลิตร ลงในอาหารเลี้ยงเชื้อเหลว CFMM ปริมาตร 10 มล. อะซีแนพทีน ความเข้มข้น 500 มก.ต่อลิตร เลี้ยงเชื้อบนเครื่องเขย่าที่ความเร็ว 200 รอบต่อนาที ที่อุณหภูมิ 30 °ซ นาน 7 วัน โดยนำอาหารเลี้ยงเชื้อเหลวที่มีแบคทีเรียเจริญที่เวลา 0 12 24 30 36 42 48 54 60 66 72 78 84 90 96 108 120 132 144 และ 158 ชม. มาสกัดสารมัธยันตร์ที่เกิดจากการย่อยสลายอะซีแนพทีน

ตามวิธีการของ Grifoll และคณะ 1992 และนำสารสกัดที่ได้ไปวิเคราะห์สารมัธยันตร์ด้วยวิธี analytical TLC

3.4.2.2 การแยกสารมัธยันตร์ให้บริสุทธิ์

เติมหัวเชื้อแบคทีเรียที่เตรียมโดยวิธีเช่นเดียวกับการทดลอง 3.4.1 ปริมาตร 2.5 มล. ลงในขวดรูปชมพู่ขนาด 500 มล. ที่มีอาหารเลี้ยงเชื้อเหลว CFMM ปริมาตร 250 มล. อะซีแนพรีนความเข้มข้น 500 มก.ต่อลิตร จำนวน 4 ขวด เลี้ยงเชื้อบนเครื่องเขย่าที่ความเร็ว 200 รอบต่อนาที ที่อุณหภูมิห้อง ใช้ระยะเวลาที่เหมาะสมจากการทดลองในข้อ 3.4.2.1 เมื่อครบกำหนด แยกเซลล์แบคทีเรียออกจากอาหารเลี้ยงเชื้อเหลว โดยใช้เครื่องปั่นเหวี่ยงด้วยความเร็ว 10,000 รอบต่อนาที ที่อุณหภูมิ 4 °C เป็นเวลา 10 นาที นำส่วนใสที่ได้มาทำการสกัดสารมัธยันตร์ที่เกิดขึ้นจากการย่อยสลายอะซีแนพรีนด้วยเอทิลอะซีเตตตามวิธีของ Grifoll และคณะ 1992

การสกัดสารมัธยันตร์ตามวิธีของ Grifoll และคณะ (1992)

ใส่อาหารเลี้ยงเชื้อเหลวที่ปรับค่าความเป็นกรดเป็นด่างให้เท่ากับ 2.0-3.0 ด้วยกรดไฮโดรคลอริกเข้มข้น ลงในขวดรูปชมพู่ขนาด 5,000 มล. จากนั้นเติมเอทิลอะซีเตตปริมาณ 1,000 มล. โดยแบ่งสกัด 3 ครั้ง เขย่าผสมให้เข้ากัน นาน 5 นาที ตั้งทิ้งไว้ให้แยกชั้น แยกส่วนเอทิลอะซีเตตเก็บไว้ สกัดซ้ำจนครบ 3 ครั้ง รวมเอาส่วนเอทิลอะซีเตตเข้าด้วยกัน จากนั้นนำส่วนดังกล่าวมา สกัดด้วยสารละลายโซเดียมไฮดรอกไซด์ ที่ความเข้มข้น 1 มิลลิโมลาร์ ปริมาตร 1,000 มล. โดยแบ่งสกัด 3 ครั้ง เขย่าผสมให้เข้ากัน นาน 5 นาที ตั้งทิ้งไว้ให้แยกชั้น แยกส่วนเอทิลอะซีเตตเก็บไว้ สกัดซ้ำจนครบ 3 ครั้ง แยกส่วนน้ำและส่วนเอทิลอะซีเตตออกจากกันโดยนำส่วนเอทิลอะซีเตตไปเติมแอนไฮดรัสโซเดียมซัลเฟตเพื่อกำจัดน้ำที่เหลืออยู่ เรียกส่วนที่ได้นี้ว่า ส่วนสกัดที่เป็นกลาง (neutral extract) ส่วนน้ำที่ได้จะนำมาสกัดซ้ำด้วยเอทิลอะซีเตตอีกครั้ง โดยปรับค่าความเป็นกรดเป็นด่างให้เท่ากับ 2.0-3.0 โดยการเติมกรดไฮโดรคลอริกเข้มข้น จากนั้นเติมเอทิลอะซีเตตปริมาณ 1,000 มล. โดยแบ่งสกัด 3 ครั้ง เขย่าผสมให้เข้ากัน นาน 5 นาที ตั้งทิ้งไว้ให้แยกชั้น แยกส่วนเอทิลอะซีเตตเก็บไว้ สกัดซ้ำจนครบ 3 ครั้ง รวมเอาส่วนเอทิลอะซีเตตเข้าด้วยกัน เติมแอนไฮดรัสโซเดียมซัลเฟตเพื่อกำจัดน้ำที่เหลืออยู่ ซึ่งส่วนที่ได้นี้เรียกว่า ส่วนสกัดที่เป็นกรด (acidic extract) นำส่วนสกัดทั้ง 2 ชนิดไปลดปริมาณโดยใช้เครื่องระเหยแห้งสูญญากาศแบบหมุนจนได้สารปริมาณ 1 มล. จากนั้นนำแต่ละส่วน ปริมาตร 5 ไมโครลิตร มาจุดบนแผ่น TLC กว้าง 8x8 ซม. โดยใช้ระบบตัวทำละลายประกอบด้วย โทลูอีน : 1,4-ไดออกเซน : กรดอะซีติก

เข้มข้น ในอัตราส่วน 90 : 25 : 4 (ปริมาตรต่อปริมาตร) ตรวจสอบสารมัธยันตร์ในแต่ละส่วนที่เกิดขึ้น ภายใต้แสงอุลตราไวโอเลตช่วงความยาวคลื่น 215-250 นาโนเมตร คัดเลือกส่วนสกัดที่มีสารมัธยันตร์สะสมอยู่มากที่สุด มาทำให้บริสุทธิ์ต่อโดย preparative TLC

การทำสารมัธยันตร์ให้บริสุทธิ์ด้วยวิธี preparative TLC

นำส่วนสกัดที่พบการสะสมของสารมัธยันตร์อยู่มากที่สุด มาจุดให้เป็นแนวตรงบนแผ่นอลูมิเนียมที่แอลซี ที่เคลือบด้วยซิลิกาเจล ขนาด 20 x 20 ซม. หน้า 1 มม. โดยใช้กระบอกฉีดยาขนาดเล็ก รุ่น MS - 200 ใช้ระบบตัวทำละลายที่ประกอบด้วย เฮกเซน : เอทิลอะซีเตท : กรดอะซิติก ในอัตราส่วน 10:10:1 ปริมาตรต่อปริมาตร ตรวจสอบแถบของสารมัธยันตร์ภายใต้แสงอัลตราไวโอเลต และขีดซิลิกาเจลจากแถบดังกล่าว มาทำการสกัดด้วยเอทิลอะซีเตทที่อิ่มตัวด้วยน้ำปริมาตร 200 มล. เขย่าบนเครื่องเขย่าที่ความเร็ว 200 รอบต่อนาที นาน 10 นาที นำส่วนสกัดดังกล่าวมาผ่านคอลัมน์ของไซเดียมซัลเฟตแอนไฮดรัสเพื่อกำจัดน้ำ จากนั้นนำไปลดปริมาตรโดยใช้เครื่องระเหยแห้งสูญญากาศแบบหมุน จนกระทั่งเหลือผลึกของสารเกาะติดอยู่ ตรวจสอบความบริสุทธิ์ของสารซ้ำอีกครั้งโดยการนำสารละลายในเมทานอลของสารมัธยันตร์ที่ผ่านการทำให้บริสุทธิ์มาฉีด HPLC และตรวจโครมาโตแกรมที่เกิดขึ้น

การทำสารมัธยันตร์ให้บริสุทธิ์ด้วยวิธี HPLC

นำสารมัธยันตร์ที่ผ่านการแยกเบื้องต้นด้วยวิธี preparative TLC มาทำให้บริสุทธิ์ยิ่งขึ้นด้วยวิธี HPLC เก็บสารมัธยันตร์ที่แยกออกจากคอลัมน์ที่ค่า Retention time ต่างๆ ด้วยเครื่องลิควิดโครมาโตกราฟี รุ่น LC-10AD (Shimadzu, Japan) ใช้คอลัมน์ Inertsill PRER-ODS ขนาด 10x250 มม. ตั้งอุณหภูมิคอลัมน์ที่ 40 °ซ ใช้สารละลาย 80% เมทานอล เป็นสารละลายตัวพา และใช้อัตราการไหลเท่ากับ 3.0 มล.ต่อนาที ตรวจสอบค่าการดูดกลืนแสง ของสารมัธยันตร์ ที่ความยาวคลื่น 275 นาโนเมตร นำสารมัธยันตร์ที่ได้จาก HPLC มาผ่านคอลัมน์ของไซเดียมซัลเฟตแอนไฮดรัสเพื่อกำจัดน้ำ จากนั้นนำไปลดปริมาตรโดยใช้เครื่องระเหยแห้งสูญญากาศแบบหมุน จนกระทั่งเหลือผลึกของสารเกาะติดอยู่ ตรวจสอบความบริสุทธิ์ของสารซ้ำอีกครั้ง โดยการนำสารละลายในเมทานอลของสารมัธยันตร์ที่ผ่านการทำให้บริสุทธิ์มาฉีด HPLC และตรวจโครมาโตแกรมที่เกิดขึ้น

การตรวจสอบชนิดของสารมัธยันตร์ที่แยกได้

นำสารมัธยันตร์บริสุทธิ์ที่แยกได้ มาตรวจสอบชนิดของสารซึ่งจะตรวจสอบขั้นเบื้องต้น โดยนำสารมัธยันตร์ที่แยกได้มาวิเคราะห์ด้วยวิธี analytical TLC ทำการเปรียบเทียบกับสารมัธยันตร์มาตรฐานที่เกี่ยวข้องกับการย่อยสลายอะซีแนพทีน (Schocken และ Gibson, 1984) และสาร PAHs (Grund และคณะ, 1992) ที่มีอยู่ในห้องปฏิบัติการซึ่งได้แก่ อะซีแนพทีนควิโนน กรดแนพธาไลน์ 1,8-ไดคาร์บอกซิลิก กรดซาลิไซลิก กรด 2,5-ไดไฮดรอกซีเบนโซอิก กรดโปรโตคาทีคูอิก ความเข้มข้น 0.1 มก.ต่อมล. ที่ละลายในเมทานอล และตรวจสอบความบริสุทธิ์ของสารซ้ำอีกครั้งโดยการนำสารละลายในเมทานอลของสารมัธยันตร์ที่ผ่านการทำให้บริสุทธิ์มาฉีด HPLC และตรวจโครมาโตแกรมที่เกิดขึ้น

3.5 ศึกษาความสามารถของแบคทีเรียที่คัดแยกได้ในการย่อยสลายสาร PAHs ชนิดอื่น

เพื่อทดสอบความจำเพาะในการใช้สารตั้งต้นเพื่อการเจริญของแบคทีเรีย (substrate specificity) โดยนำหัวเชื้อแบคทีเรียที่เตรียมโดยใช้วิธีเช่นเดียวกับการทดลอง 3.4.1 ปริมาตร 50 ไมโครลิตร ใส่ลงในหลอดอาหารเลี้ยงเชื้อเหลว CFMM ปริมาตร 5 มล. เติมสาร PAHs ทดสอบ แนพธาไลน์ อะซีแนพทีน ไดเบนโซฟูแรน แอนทราซีน พีแนนทรีน ฟลูออรีน ฟลูออแรนทีน และไพรีน ความเข้มข้น 100 มก.ต่อลิตร ลงในหลอด ชนิดหลอด เลี้ยงเชื้อบนเครื่องเขย่าที่ความเร็ว 200 รอบต่อนาที ที่อุณหภูมิห้อง เตรียมชุดควบคุมเช่นเดียวกับข้อ 3.4.1 เก็บตัวอย่างทุก 2 วัน จนครบ 7 วัน วัดการเจริญของแบคทีเรียโดยดูจากความขุ่นที่เพิ่มขึ้นของอาหารเหลวและการเปลี่ยนสีของอาหารเหลว ร่วมกับวัดการเจริญของแบคทีเรียด้วยวิธี viable plate count และปริมาณสาร PAHs ที่เหลือ เช่นเดียวกับข้อ 3.4.1

3.6 ศึกษาการย่อยสลายแบบโคเมตาบอลิซึมของแบคทีเรียที่แยกได้

นำ PAHs ที่แบคทีเรียไม่สามารถย่อยสลายได้ ในข้อ 3.5 ทดสอบการย่อยสลายแบบโคเมตาบอลิซึมร่วมกับอะซีแนพทีน โดยนำแบคทีเรียที่เตรียมโดยใช้วิธีเช่นเดียวกับการทดลอง 3.4.1 ปริมาตร 50 ไมโครลิตร เติมลงในอาหารเลี้ยงเชื้อเหลว CFMM ปริมาตร 5 มล. ที่มี PAHs ที่แบคทีเรียไม่สามารถย่อยสลายได้ ความเข้มข้น 100 มก.ต่อลิตร และอะซีแนพทีนที่ความเข้มข้น 100 มก.ต่อลิตร ตามวิธีของ Juhasz และคณะ (1997) เลี้ยงบนเครื่องเขย่าที่ความเร็ว 200 รอบต่อนาที ที่อุณหภูมิห้อง เตรียมชุดควบคุม 4 ชุด (1) ชุดควบคุมสำหรับการเจริญของแบคทีเรีย

และการลดลงของอะซีแนพธินที่เกิดจากการย่อยสลายอะซีแนพธิน เตรียมโดยเติมหัวเชื้อลงในอาหารเลี้ยงเชื้อเหลว CFMM ที่มีอะซีแนพธิน (2) ชุดควบคุมสำหรับดูการเจริญของแบคทีเรียที่ไม่ได้เกิดจากการย่อยสลายอะซีแนพธินและ PAHs ทดสอบ เตรียมโดยเติมหัวเชื้อลงในอาหารเหลว CFMM ที่ไม่มีอะซีแนพธินและ PAHs ทดสอบ (3) ชุดควบคุมสำหรับตรวจการเจริญของแบคทีเรียและการลดลงของ PAHs ทดสอบที่ไม่ได้เกิดจากการย่อยสลายสาร PAHs ทดสอบ เตรียมโดยเติมหัวเชื้อลงในอาหารเลี้ยงเชื้อเหลว CFMM ที่มี PAHs ทดสอบ และ (4) ชุดควบคุมสำหรับตรวจการลดลงของอะซีแนพธินและ PAHs ทดสอบ ที่ไม่ได้เกิดจากการย่อยสลายของแบคทีเรีย ซึ่งเตรียมโดยการเติมอะซีแนพธินและ PAHs ทดสอบ ลงในอาหารเลี้ยงเชื้อเหลว CFMM เก็บตัวอย่างทุก 2 วัน จนครบ 7 วัน วัดการเจริญของแบคทีเรีย และปริมาณ PAHs ที่เหลือ เช่นเดียวกับข้อ 3.4.1

3.7 ศึกษาการย่อยสลาย แนพธาลีน, อะซีแนพธิน และไดเบนโซฟูแรน แบบโคเมตาบอลิสม โดยแบคทีเรีย *Sphingomonas* sp. สายพันธุ์ SP2

3.7.1 ศึกษาการเจริญของ *Sphingomonas* sp. สายพันธุ์ SP2 เมื่อย่อยสลาย แนพธาลีน, อะซีแนพธินและไดเบนโซฟูแรน แบบโคเมตาบอลิสม

เติมหัวเชื้อแบคทีเรียที่เตรียมโดยใช้วิธีเช่นเดียวกับการทดลอง 3.4.1 ปริมาตร 50 ไมโครลิตร ลงในอาหารเลี้ยงเชื้อเหลว CFMM ปริมาตร 5 มล.ที่มีอะซีแนพธินความเข้มข้น 100 มก.ต่อลิตร เติมแนพธาลีน ความเข้มข้น 300 มก.ต่อลิตร อะซีแนพธิน และไดเบนโซฟูแรน ความเข้มข้น 100 มก.ต่อลิตร ลงในหลอดอาหาร ชนิดละหลอด เลี้ยงเชื้อบนเครื่องเขย่าที่ความเร็ว 200 รอบต่อนาที ที่อุณหภูมิห้อง เป็นเวลา 4 วัน หลังจากนั้น เติมอะซีแนพธิน ที่ความเข้มข้น 100 มก.ต่อลิตร ลงในหลอดอาหารเลี้ยงเชื้อที่มีอะซีแนพธินและ PAHs ทดสอบ ปริมาณน้อยจนเกือบหมด นำแต่ละหลอดไปเลี้ยงเชื้อบนเครื่องเขย่าที่ความเร็ว 200 รอบต่อนาที ที่อุณหภูมิห้อง เตรียมชุดควบคุม 4 ชุด (1) ชุดควบคุมสำหรับตรวจการเจริญของแบคทีเรียและการลดลงของอะซีแนพธินที่เกิดจากการย่อยสลายอะซีแนพธิน เตรียมโดยการเติมหัวเชื้อลงในอาหารเหลว CFMM ที่มีอะซีแนพธิน (2) ชุดควบคุมสำหรับศึกษาการเจริญของแบคทีเรียที่ไม่ได้เกิดจากการย่อยสลายอะซีแนพธินและ PAHs ทดสอบ เตรียมโดยเติมหัวเชื้อลงในอาหารเหลว CFMM ที่ไม่มีอะซีแนพธินและ PAHs (3) ชุดควบคุมสำหรับตรวจดูการเจริญของแบคทีเรีย และการลดลงของอะซีแนพธินและ PAHs ทดสอบโดยไม่มีการเติมอะซีแนพธินในวันที่ 4 วันของการทดลอง เตรียมเหมือนชุดทดลองแต่ไม่มีการเติมอะซีแนพธินในวันที่ 4 วันของการทดลอง (4) ชุดควบคุมเพื่อดูการลดลงของอะซีแนพธินและ PAHs ทดสอบ ที่ไม่ได้เกิดจากการย่อยสลายของแบคทีเรีย เตรียม

โดยเติมอะซีแนพธินและ PAHs ทดสอบ ลงในอาหารเลี้ยงเชื้อเหลว CFMM เก็บตัวอย่างทุกวัน จนครบ 7 วัน วัดการเจริญของแบคทีเรีย และปริมาณสาร PAHs ที่เหลือ เช่นเดียวกับข้อ 3.4.1

3.7.2 ศึกษาการเจริญของ *Sphingomonas* sp. สายพันธุ์ SP2 เมื่อย่อยสลาย แนพธาลีน, อะซีแนพธิน และไดเบนโซฟูแรนที่แปรผันความเข้มข้น

นำหัวเชื้อแบคทีเรียที่เตรียมโดยใช้วิธีเช่นเดียวกับการทดลอง 3.4.1 ปริมาตร 50 ไมโครลิตรใส่ลงในอาหารเลี้ยงเชื้อเหลว CFMM ปริมาตร 5 มล. ที่มีอะซีแนพธินที่ความเข้มข้น 100 มก.ต่อลิตร เติมอะซีแนพธิน ที่ความเข้มข้น 25 50 และ 75 มก.ต่อลิตร ไดเบนโซฟูแรน ที่ความเข้มข้น 25 50 และ 75 มก.ต่อลิตร และแนพธาลีนที่ความเข้มข้น 100 150 200 และ 250 มก.ต่อลิตร ลงในหลอดอาหารเลี้ยงเชื้อ ชนิด, ความเข้มข้นละหลอด เลี้ยงเชื้อบนเครื่องเขย่าที่ความเร็ว 200 รอบต่อนาที ที่อุณหภูมิห้อง เตรียมชุดควบคุมเช่นเดียวกับข้อ 3.6 เก็บตัวอย่างทุกวัน จนครบ 7 วัน วัดการเจริญของแบคทีเรีย และปริมาณสาร PAHs ที่เหลือ เช่นเดียวกับข้อ 3.4.1

3.7.3 ศึกษาการยับยั้งการเจริญของ *Sphingomonas* sp. สายพันธุ์ SP2 เมื่อย่อยสลาย แนพธาลีน, อะซีแนพธิน และไดเบนโซฟูแรน แบบโคเมตาบอลิซึม

เติมหัวเชื้อแบคทีเรียที่เตรียมโดยใช้วิธีเช่นเดียวกับการทดลอง 3.4.1 ปริมาตร 50 ไมโครลิตร ลงในอาหารเลี้ยงเชื้อเหลว CFMM ปริมาตร 5 มล.ที่มีอะซีแนพธินความเข้มข้น 100 มก.ต่อลิตร เลี้ยงเชื้อบนเครื่องเขย่าที่ความเร็ว 200 รอบต่อนาที อุณหภูมิห้อง เป็นเวลา 24 ชม. จากนั้นเติมแนพธาลีน ความเข้มข้น 300 มก.ต่อลิตร อะซีแนพธิน และไดเบนโซฟูแรน ความเข้มข้น 100 มก.ต่อลิตร ลงในแต่ละหลอด ชนิดละหลอด นำแต่ละหลอดไปเลี้ยงเชื้อบนเครื่องเขย่าที่ความเร็ว 200 รอบต่อนาที ที่อุณหภูมิห้อง เตรียมชุดควบคุม 3 ชุด (1) ชุดควบคุมเพื่อศึกษาการเจริญของแบคทีเรีย และการลดลงของอะซีแนพธินที่เกิดจากการย่อยสลายอะซีแนพธิน โดยไม่มีการเติมสาร PAHs ชนิดอื่นที่ใช้ทดสอบ เตรียมเหมือนชุดทดลองแต่ไม่มีการเติม PAHs ชนิดอื่นที่ใช้ทดสอบ (2) ชุดควบคุมเพื่อดูการเจริญของแบคทีเรียที่ไม่ได้เกิดจากการย่อยสลายสารชนิดใดเตรียมโดยการเติมหัวเชื้อลงในอาหารเหลว CFMM ที่ไม่มีสาร PAHs ชนิดใด (3) ชุดควบคุมเพื่อตรวจการลดลงของอะซีแนพธิน และสาร PAHs ทดสอบ ที่เติมลงไป ในหลอดอาหารเลี้ยงเชื้อ ภายหลังจาก 24 ชม. เตรียมโดยเติมอะซีแนพธินลงในอาหารเหลว CFMM นำไปเลี้ยงบนเครื่องเขย่า เป็นเวลา 24 ชม. แล้วจึงเติมสาร PAHs ทดสอบลงไป เก็บตัวอย่างทุกวัน จนครบ 7 วัน วัดการเจริญของแบคทีเรีย และปริมาณสาร PAHs ที่เหลือ เช่นเดียวกับข้อ 3.4.1

บทที่ 4










ผลการทดลอง

4.1 การคัดแยกเชื้อแบคทีเรียสายพันธุ์บริสุทธิ์ที่สามารถย่อยสลายสารประกอบพอลิไซคลิกอะโรมาติกไฮโดรคาร์บอน

4.1.1 การเพิ่มจำนวนแบคทีเรียที่สามารถย่อยสลายสารพอลิไซคลิกอะโรมาติกไฮโดรคาร์บอนจากตัวอย่างน้ำ

จากการนำตัวอย่างน้ำทั้ง 7 แหล่ง ซึ่งมีการปนเปื้อนของสารปิโตรเคมี น้ำมัน น้ำมันเครื่อง เป็นเวลานาน มาคัดแยกและทดสอบความสามารถของแบคทีเรียในการย่อยสลายสาร PAHs ทั้ง 9 ชนิด ได้แก่ แนพทาซีน อะซีแนพทีน อะซีแนพทีลีน แอนทราซีน ฟิแนนทรีน ไดเบนโซฟูแรน ฟลูออรีน ฟลูออแรนทีน และไพรีน โดยนำมาเลี้ยงในอาหารเลี้ยงเชื้อเหลว CFMM ที่เติมสาร PAHs ความเข้มข้น 100 มก.ต่อลิตร ชนิดละหลอด ทำการถ่ายเชื้อและสังเกตการเจริญ โดยดูจากความขุ่นที่เพิ่มขึ้นและการเปลี่ยนสีของอาหารเหลว เทียบกับหลอดควบคุม หลังจากถ่ายเชื้อในครั้งแรก พบว่าในหลอดอาหารเลี้ยงเชื้อเหลวที่มีตัวอย่างน้ำที่ 1 2 3 6 และ 7 มีการเจริญของแบคทีเรีย โดยพบความขุ่นและการเปลี่ยนสีของอาหารแตกต่างกันตามชนิดของสาร PAHs ดังแสดงผลการทดลองในตารางที่ 4.1

ตารางที่ 4.1 การย่อยสลายสาร PAHs ของจุลินทรีย์ในตัวอย่างน้ำ

ตัว อย่าง น้ำ	สารพอลิไซคลิกอะโรมาติกไฮโดรคาร์บอน (PAHs)								
	 แนพธาซีน	 อะซีแนพทีน	 อะซีแนพทีลีน	 ฟิแนทรีน	 แอนทราซีน	 โดเบนโซเพอเรน	 ฟลูออรีน	 ฟลูออแรนทีน	 ไพรีน
1	-	-	-	+	-	-	-	-	-
2	-	-	-	+	-	-	-	-	-
3	-	-	-	+	-	-	-	-	-
4	-	-	-	-	-	-	-	-	-
5	-	-	-	-	-	-	-	-	-
6	-	+	-	+	-	-	+	+	-
7	-	+	-	+	-	-	-	-	-

หมายเหตุ

- + หมายถึง มีการเจริญในอาหารเหลวโดยมีการเปลี่ยนสีของอาหาร
- หมายถึง ไม่มีการเจริญในอาหารเหลว

กลุ่มแบคทีเรียจากตัวอย่างน้ำที่ 1 2 3 6 และ 7 สามารถย่อยสลายฟิแนทรีน โดยเปลี่ยนสีของอาหารเลี้ยงเชื้อเหลว CFMM จากไม่มีสีเป็นสีส้มอ่อน ภายใน 24 ชม. หลังจากการถ่ายเชื้อ 5 ครั้ง กลุ่มแบคทีเรียในตัวอย่างน้ำที่ 6 บ่อซ่อมบำรุงเรือ (บ่อลอย 1) มีความสามารถในการย่อยสลายสาร PAHs ได้ 4 ชนิด ได้แก่ ฟิแนทรีน อะซีแนพทีน ฟลูออรีน และฟลูออแรนทีน ดังจะเห็นการเปลี่ยนสีของอาหารเลี้ยงเชื้อเหลว ได้ภายใน 24 ชม. หลังจากการถ่ายเชื้อ 5 ครั้ง ดังแสดงในตารางที่ 4.2 และรูปที่ 4.1 มีรายงานว่า การเพิ่มจำนวนของมวลชีวภาพและการเปลี่ยนสีของอาหารนั้น แสดงให้เห็นว่าแบคทีเรานั้นมีการเจริญ (Bouchez และคณะ, 1995) และการเปลี่ยนสีของอาหารเลี้ยงเชื้อไปเป็นสีเหลือง หรือสีส้มนั้น อาจเกิดจากการสะสมของสารมัธยันตร์ ชนิด catechol - like compounds และ meta - ring cleavage compounds ที่เกิดจากการย่อยสลายสาร PAHs โดยจุลินทรีย์ (Mueller และคณะ, 1989)

ตารางที่ 4.2 ลักษณะของอาหารเลี้ยงเชื้อเมื่อเติมกลุ่มแบคทีเรียจากตัวอย่างน้ำที่ 6 หลังการถ่ายเชื้อ 5 ครั้ง

สาร PAHs	ลักษณะของอาหารเลี้ยงเชื้อ
ฟลูออแรนธิน	อาหารขุ่น เปลี่ยนสีเป็นสีแดงอิฐ
อะซีแนพทีน	อาหารขุ่น เปลี่ยนสีเป็นสีเหลืองอ่อน
พีแนนทีน	อาหารขุ่น เปลี่ยนสีเป็นสีส้มเข้ม
ฟลูออรีน	อาหารขุ่น เปลี่ยนสีเป็นสีเหลือง



ชุดควบคุม

1

2

3

4

รูปที่ 4.1 ลักษณะของอาหารเลี้ยงเชื้อเหลว CFMM ที่มีฟลูออแรนธิน (1), อะซีแนพทีน (2), พีแนนทีน (3) และฟลูออรีน (4) หลังการเลี้ยงเชื้อแบคทีเรียจากตัวอย่างน้ำที่ 6 เป็นเวลา 7 วัน หลังจากการถ่ายเชื้อ 5 ครั้ง เปรียบเทียบกับชุดควบคุม

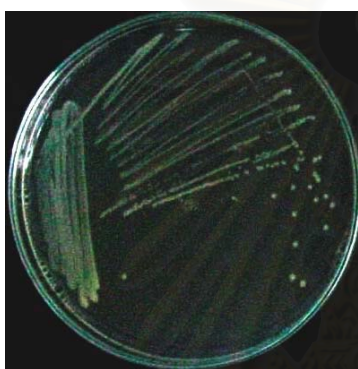
จากผลที่ได้ กลุ่มแบคทีเรียจากตัวอย่างน้ำที่ 6 มีความสามารถในการย่อยสลายสาร PAHs ได้มากชนิดกว่ากลุ่มแบคทีเรียในตัวอย่างน้ำแหล่งอื่น โดยเฉพาะมีความสามารถย่อยสลายฟลูออแรนธิน ซึ่งเป็นสาร PAHs ที่มีน้ำหนักโมเลกุลสูง มีโครงสร้างประกอบด้วยวงเบนซีน 3 วงเชื่อมกับวงไซโคลเพนเทน 1 วง จัดเป็นสารที่ยากต่อการย่อยสลายด้วยจุลินทรีย์ (Kanaly และ Harayama, 2000) จึงได้เพิ่มจำนวนแบคทีเรียในอาหารเลี้ยงเชื้อเหลว CFMM ที่เติมฟลูออแรนธิน เพื่อให้แบคทีเรียได้คุ้นเคยในการที่จะใช้ฟลูออแรนธินเป็นแหล่งคาร์บอน และพลังงาน

4.1.2 การคัดแยกแบคทีเรียสายพันธุ์บริสุทธิ์ที่สามารถย่อยสลายสาร PAHs

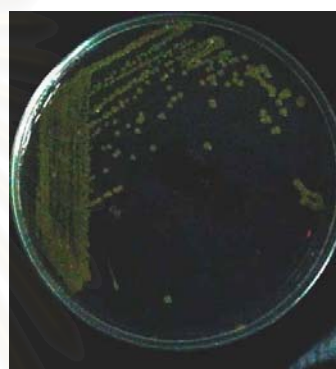
จากการนำเชื้อในน้ำตัวอย่างน้ำที่ 6 ที่ผ่านการถ่ายเชื้อในอาหารเลี้ยงเชื้อเหลว CFMM ที่มีฟลูออแรนธินมาแล้ว 5 ครั้ง มาแยกเชื้อแบคทีเรียบริสุทธิ์ที่มีความสามารถในการย่อยสลายสาร PAHs โดยนำมาเจือจางในสารละลาย 0.85% โซเดียมคลอไรด์ ให้ได้ค่าความเข้มข้นที่เหมาะสม แล้วนำมาเกลี่ยบนอาหารแข็ง CFMM ที่มีฟลูออแรนธินวางบนฝาจานอาหาร โดยให้แบคทีเรียใช้ฟลูออแรนธินในรูปสารระเหยในการเจริญ พบการเจริญของแบคทีเรียโดยเกิดโคโลนีสีขาวบนจานอาหารแข็ง CFMM ภายหลังจากการเลี้ยงเชื้อที่อุณหภูมิ 30° ซ เป็นเวลา 3 วัน เนื่องจากการแยกแบคทีเรียให้ได้สายพันธุ์บริสุทธิ์ อาจทำให้แบคทีเรียไม่สามารถย่อยสลายสารหรือมีความสามารถย่อยสลายสารได้ลดลง (Mlynarz และ Ward, 1995) จึงนำโคโลนีเดี่ยวดังกล่าวมาทดสอบความสามารถในการย่อยสลายฟลูออแรนธินอีกครั้ง โดยเลี้ยงเชื้อในอาหารเลี้ยงเชื้อเหลว CFMM ที่มีฟลูออแรนธินในรูปสารละลายฟลูออแรนธินในไดเมทิลซัลฟอกไซด์ที่ความเข้มข้น 100 มก.ต่อลิตร พบว่าอาหารเลี้ยงเชื้อเหลวขุ่นและเปลี่ยนสี หลังจากการเลี้ยงเชื้อ 2 วัน ส่วนใหญ่จุลินทรีย์ในสิ่งแวดล้อมจะอยู่รวมกันแบบพึ่งพาอาศัย และร่วมกันย่อยสลายสารที่มีโครงสร้างซับซ้อน (Alexander, 1994) จึงทดสอบความบริสุทธิ์ของเชื้ออีกครั้ง โดยนำอาหารเลี้ยงเชื้อที่มีการเจริญและการย่อยสลายฟลูออแรนธินของแบคทีเรียจากโคโลนีเดี่ยว มาเจือจางในสารละลาย 0.85% โซเดียมคลอไรด์ ให้ได้ค่าความเข้มข้นที่เหมาะสม แล้วนำมาเกลี่ยบนอาหารแข็ง LB หลังจากการเลี้ยงเชื้อ 3 วัน พบโคโลนีแบคทีเรียที่มีลักษณะที่แตกต่างกัน 3 ชนิด ซึ่งเจริญบนผิวหน้าอาหารเลี้ยงเชื้อ โดยเชื้อแบคทีเรียทั้ง 3 ชนิด มีลักษณะโคโลนีที่แตกต่างกันชัดเจน จึงให้ชื่อแต่ละโคโลนีว่า SP1 SP2 และ SP3 ดังแสดงรายละเอียดในตารางที่ 4.3 และรูปที่ 4.2

ตารางที่ 4.3 ลักษณะโคโลนีของแบคทีเรียซึ่งคัดแยกได้จากตัวอย่างน้ำที่ 6

สายพันธุ์แบคทีเรีย	ลักษณะโคโลนียบนอาหารแข็ง LB
SP1	โคโลนีกลมเล็ก ขอบเรียบ โปร่งแสง สีเหลืองอ่อน
SP2	โคโลนีกลม ขอบเรียบ โปร่งแสง สีเหลืองเข้ม
SP3	โคโลนีกลมใหญ่ ขอบเรียบ โปร่งแสง สีครีม



ก. แบคทีเรีย สายพันธุ์ SP1



ข. แบคทีเรีย สายพันธุ์ SP2



ค. แบคทีเรีย สายพันธุ์ SP3

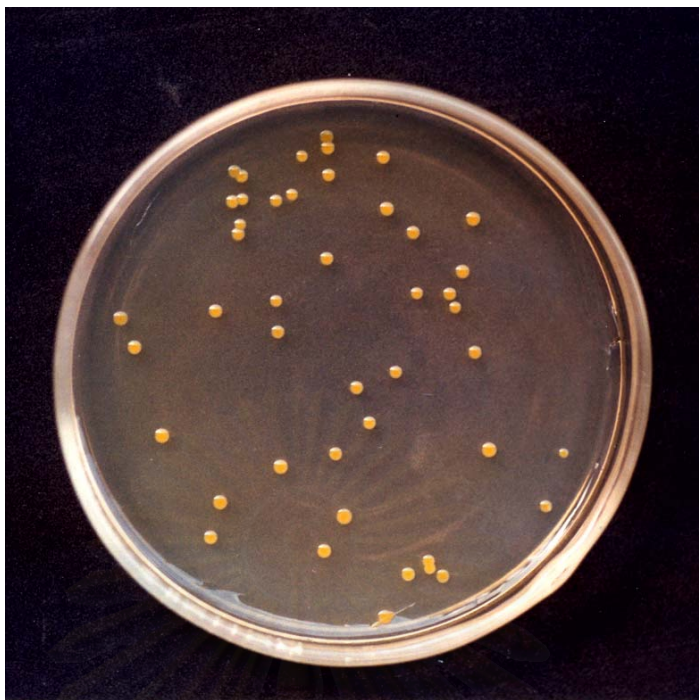
รูปที่ 4.2 ลักษณะโคโลนีแบคทีเรียสายพันธุ์ SP1 SP2 และ SP3 ที่เจริญบนอาหารแข็ง LB เป็นเวลา 3 วัน ที่อุณหภูมิ 30 °ซ

การแยกแยะที่เรียสสายพันธุ์บริสุทธิ์ อาจทำให้ความสามารถในการย่อยสลายสาร PAHs ของแบคทีเรียที่เรี่ยน้นลดลง (Weissenfels และคณะ, 1990) จึงทดสอบความสามารถในการย่อยสลายสาร PAHs ของแบคทีเรียสายพันธุ์บริสุทธิ์ ทั้ง 3 สายพันธุ์ ที่คัดแยกได้ โดยนำแบคทีเรียแต่ละสายพันธุ์ มาเลี้ยงในอาหารเลี้ยงเชื้อแข็ง CFMM ที่มีอะซีแนพธิน พีแนนทริน ฟลูออรีน และ ฟลูออแรนธิน วางบนฝาจานอาหาร ชนิดละจาน ซึ่งสารทั้ง 4 ชนิดเป็น PAHs ที่แบคทีเรียทั้ง 3 สายพันธุ์สามารถย่อยสลายได้เมื่ออยู่ร่วมกัน หลังจากการเลี้ยงเชื้อ 7 วัน พบเฉพาะการเจริญของแบคทีเรียสายพันธุ์ SP2 บนอาหารเลี้ยงเชื้อแข็ง CFMM ที่มีอะซีแนพธินบนฝาจานอาหารเท่านั้น โดยไม่พบการเจริญของแบคทีเรียสายพันธุ์ SP1 และ SP3 บนจานอาหารเลี้ยงเชื้อที่มีสาร PAHs ทดสอบ ชนิดใด จึงได้นำโคโลนีของแบคทีเรียสายพันธุ์ SP2 ที่ได้ เชื้อลงอาหารเลี้ยงเชื้อเหลวที่มีอะซีแนพธิน ความเข้มข้น 100 มก.ต่อลิตร เพื่อทดสอบความสามารถของแบคทีเรียสายพันธุ์ SP2 พบว่าแบคทีเรียสายพันธุ์ SP2 สามารถย่อยสลายสารอะซีแนพธินได้โดยเปลี่ยนสีของอาหารเลี้ยงเชื้อเหลวจากไม่มีสีเป็นสีเหลืองได้ภายใน 48 ชั่วโมง

เนื่องจากยังมีการศึกษาการย่อยสลายอะซีแนพธิน เพียงเล็กน้อย ทั้งในประเทศไทยและต่างประเทศ อีกทั้งในไทยพบการปนเปื้อนอะซีแนพธิน ในอากาศ (กรมควบคุมมลพิษ, 2541) และน้ำทะเล (พรศรี, 2533) จึงเป็นประโยชน์ที่จะศึกษาการย่อยสลายอะซีแนพธินของแบคทีเรียสายพันธุ์ SP2 ดังนั้นจึงได้เลือกแบคทีเรียสายพันธุ์ SP2 ไปจำแนกชนิดทางอนุกรมวิธาน และศึกษาการย่อยสลายอะซีแนพธินในขั้นต่อไป

4.2. การจำแนกชนิดทางอนุกรมวิธานของแบคทีเรียสายพันธุ์ SP2

จากการสังเกตลักษณะโคโลนีของแบคทีเรียสายพันธุ์ SP2 ที่เจริญบนอาหารแข็ง LB มีลักษณะโคโลนีกลม ขอบเรียบ โปร่งแสง สีเหลืองเข้ม และสร้างเมือกเหนียว ดังแสดงในรูปที่ 4.3 และเมื่อศึกษาได้กล้องจุลทรรศน์พบว่าเซลล์ของแบคทีเรียสายพันธุ์ SP2 มีลักษณะเป็นแท่ง เมื่อเซลล์มีอายุมากจะมีลักษณะเป็นแท่งยาว ติดสีแกรมลบ ดังแสดงในรูปที่ 4.4 และ 4.5 ส่วนลักษณะต่างๆ ที่ใช้ในการจำแนกชนิดทางอนุกรมวิธาน คือ ลักษณะทางสัณฐานวิทยา และชีวเคมี ดังแสดงไว้ในตารางที่ 4.4 และ 4.5 ตามลำดับ



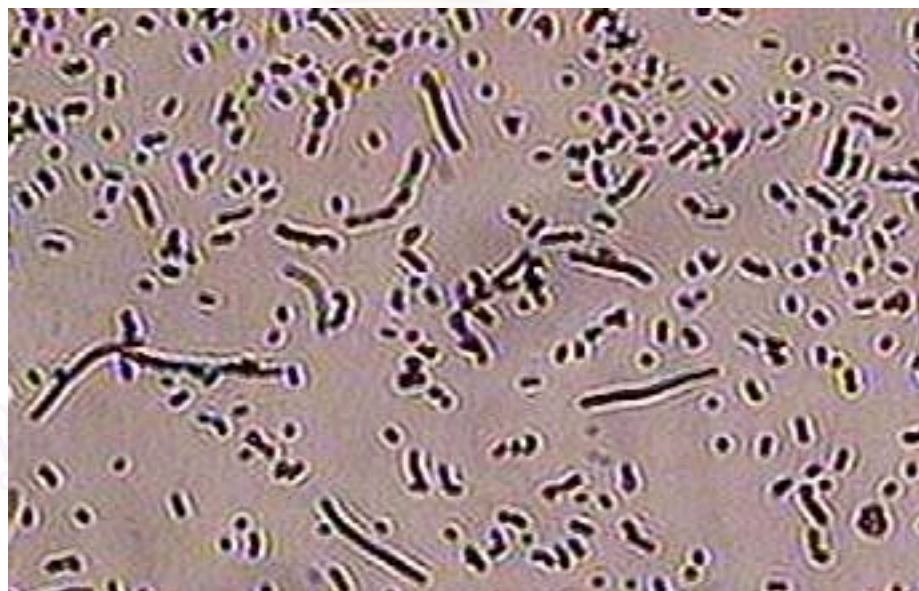
รูปที่ 4.3 ลักษณะโคโลนีของแบคทีเรียสายพันธุ์ SP2 ที่เจริญบนอาหารแข็ง LB เป็นเวลา 3 วัน ที่อุณหภูมิ 30 °ซ

ตารางที่ 4.4 ลักษณะทางสัณฐานวิทยาของแบคทีเรียสายพันธุ์ SP2

ลักษณะที่ศึกษา	ลักษณะที่สังเกตเห็น
ลักษณะของเซลล์	
การติดสีแกรม	แกรมลบ
รูปร่างของเซลล์	แท่ง
การติดสี acid-fast	ไม่ติดสี
ลักษณะของโคโลนีบนอาหารแข็ง LB	
รูปร่าง	กลม
สี	เหลืองเข้ม
ขนาด	เส้นผ่าศูนย์กลางประมาณ 1-2 มม.
การผ่านของแสง	โปร่งแสง
ลักษณะขอบ	ขอบเรียบ



รูปที่ 4.4 ลักษณะการติดสีย้อมแกรมของแบคทีเรียสายพันธุ์ SP2 ภายใต้กล้องจุลทรรศน์



รูปที่ 4.5 ลักษณะรูปร่างของแบคทีเรียสายพันธุ์ SP2 ภายใต้กล้องจุลทรรศน์สเตอริโอ

ตารางที่ 4.5 ลักษณะทางชีวเคมีของแบคทีเรียสายพันธุ์ SP2

ลักษณะที่ศึกษา	ลักษณะทางสรีรวิทยา
1. การสร้างเอนไซม์ออกซิเดส	+
2. การสร้างเอนไซม์คาตาเลส	+
3. การรีดิวซ์ไนเตรต	-
4. การไฮโดรไลซ์ เอสคูลิน	-
5. การสร้างเอนไซม์ยูรีเอส	+
6. การเกิดปฏิกิริยาบนอาหารแข็งทริปเปิลไอรอน	K/-
7. การเจริญบนอาหารแข็งแมกคองกี	-
8. การไฮโดรไลซ์เจลาติน	-
9. การสร้างไฮโดรเจนซัลไฟด์	-
10. ปฏิกิริยาออกซิเดทีฟ/เฟอร์เมนเตชัน	ออกซิเดทีฟ
11. การสร้างอินโดล	-
12. การดีคาร์บอกซิเลชันของไลซีน	-
13. การเคลื่อนที่	-
14. การทดสอบเมทิลเรด	-
15. การทดสอบ Vogas-Proskauer reaction	-
16. การใช้แหล่งคาร์บอน	
ดี - กลูโคส	-
ดี - กาแลคโตส	-
ดี - ฟรุกโตส	-
ดี - แมนนิทอล	-
ดี - มอลโตส	-
ดี - ซูโครส	-
ซิมมอน ชิเตรต	+

หมายเหตุ

+ : เชื้อมีเอนไซม์ชนิดที่ทดสอบ หรือเจริญได้ในแหล่งคาร์บอนนั้น

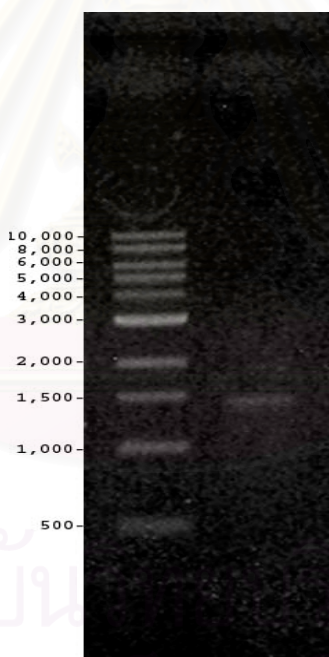
- : เชื้อไม่มีเอนไซม์ชนิดที่ทดสอบ หรือไม่มีการเจริญได้ในแหล่งคาร์บอนนั้น

K : อาหารแข็ง TSI ที่กั้นหลอด (butt) มีสมบัติเป็นเบสหรือเป็นกลาง

จากลักษณะทางสัณฐานวิทยาและลักษณะทางชีวเคมี ที่แสดงไว้ในตารางที่ 4 และ 5 เมื่อทำการเปรียบเทียบกับลักษณะที่รายงานไว้ใน Bergey's Manual of Systematic Bacteriology ซึ่งรายงานไว้โดย Palleroni (1984) พบว่าลักษณะทั้งสัณฐานวิทยาและชีวเคมีของแบคทีเรียสายพันธุ์ SP2 ตรงกับแบคทีเรียในสกุล *Sphingomonas*

การวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ 16 เอสไรโบโซมัลดีเอ็นเอ (16S ribosomal DNA)

เมื่อนำสารละลายดีเอ็นเอที่เพิ่มจำนวนด้วยวิธีปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอเรส มาตรวจทดสอบความบริสุทธิ์ด้วยวิธีอะกาโรสเจลอิเล็กโทรโฟเรซิสพบชิ้น 16 เอสไรโบโซมัลดีเอ็นเอ ของแบคทีเรียสายพันธุ์ SP2 มีขนาดประมาณ 1.5 กิโลเบส โดยการเปรียบเทียบกับ ชิ้นดีเอ็นเอมาตรฐาน (1 Kb ladder) ดังแสดงในรูปที่ 4.6



รูปที่ 4.6 ขนาดชิ้น 16 เอสไรโบโซมัลดีเอ็นเอ ของแบคทีเรียสายพันธุ์ SP2

นำผลิตภัณฑ์ของปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอไรเซชันที่ได้ ไปหาลำดับนิวคลีโอไทด์โดยหน่วยบริการชีวภาพ (BSU) สำนักงานพัฒนาวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยีแห่งชาติ (สวทช.) และนำข้อมูลลำดับนิวคลีโอไทด์ของ 16 เอส ไรโบโซมัลดีเอ็นเอ ของแบคทีเรียสายพันธุ์ SP2 ที่ได้ มาวิเคราะห์ด้วยโปรแกรม Bioedit แล้วจึงนำไปเปรียบเทียบกับข้อมูลที่มีอยู่ใน Gen Bank ด้วยโปรแกรม BLAST พบว่าแบคทีเรียสายพันธุ์ SP2 มีลำดับนิวคลีโอไทด์ของ 16 เอส ไรโบโซมัลดีเอ็นเอ คล้ายกับลำดับนิวคลีโอไทด์ 16 เอส ไรโบโซมัลดีเอ็นเอของแบคทีเรีย *Sphingomonas* sp. สายพันธุ์ D16 (Accession number AFO 25352) โดยมีความคล้ายคลึง (% homology) เท่ากับ 99 % ดังแสดงในรูปที่ 4.7 ดังนั้นจากผลการทดสอบทางสรีรวิทยาและชีวเคมีร่วมกับการวิเคราะห์ลำดับเบสของ 16 เอส ไรโบโซมัลดีเอ็นเอ สามารถยืนยันได้ว่าแบคทีเรียสายพันธุ์ SP2 เป็นแบคทีเรียในสกุล *Sphingomonas*



สถาบันวิทยบริการ
จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

SP2 : ACGATTACCCCAGTCGCTGATCCCACCGTGGTTAGCTGCCTCCGTTGCCGGTTAGCGCACTACCTTCGGGTGAAACCAACTCCCAT-110
D16 : ACGATTACCCCAGTCGCTGATCCCACCGTGGTTAGCTGCCTCCGTTGCCGGTTAGCGCACTACCTTCGGGTGAAACCAACTCCCAT

SP2 : GGTGTGACGGGCGGTGTGTACAAGGCCTGGGAACGATTACCACGGCATGCTGATCCGCGATTACTAGCGATTCCGCCTTCATGCTCTC-200
D16 : GGTGTGACGGGCGGTGTGTACAAGGCCTGGGAACGATTACCACGGCATGCTGATCCGCGATTACTAGCGATTCCGCCTTCATGCTCTC

SP2 : GAGTTGCAGAGAACAATCCGAAGTACGACGGCTTTGGAGATTAGCTTGTGCTCGCGCACTTGTGCCCACTGTCACCGCCATTGTAGCA-290
D16 : GAGTTGCAGAGAACAATCCGAAGTACGACGGCTTTGGAGATTAGCTTGTGCTCGCGCACTTGTGCCCACTGTCACCGCCATTGTAGCA

SP2 : CGTGTGTAGCCAGCGTGTAAAGGCCATGAGGACTTGACGTATCCCCACCTTCCTCCGGCTTATACCAGGCACTTTCCTTAGAGTGC-380
D16 : CGTGTGTAGCCAGCGTGTAAAGGCCATGAGGACTTGACGTATCCCCACCTTCCTCCGGCTTATACCAGGCACTTTCCTTAGAGTGC

SP2 : CAACCAAATGATGGAACTAAGGACGAGGTTGCGCTCGTTCGGTACTTAACCAACATCTCAGCACGAGCTGACGACAGCCATGCA-470
D16 : CAACCAAATGATGGAACTAAGGACGAGGTTGCGCTCGTTCGGTACTTAACCAACATCTCAGCACGAGCTGACGACAGCCATGCA

SP2 : GCACCTGCTACTGATCCAGCCGAAGGAAAAGATCTCTAATCCGCGATCAGGATGTCAAACGCTGTAAGGTTCTGCGCGTTGC-560
D16 : GCACCTGCTACTGATCCAGCCGAAGGAAAAGATCTCTAATCCGCGATCAGGATGTCAAACGCTGTAAGGTTCTGCGCGTTGC

SP2 : TTCGAATTAACCACATGCTCCACCGCTTGTGCAAGGCCCGTCAATTCCTTTGAGTTTAAATCTTGCACCGTACTCCCCAGCGGATA-650
D16 : TTCGAATTAACCACATGCTCCACCGCTTGTGCAAGGCCCGTCAATTCCTTTGAGTTTAAATCTTGCACCGTACTCCCCAGCGGATA

SP2 : ACTTAATGCGTTAGCTG CGCCACCCAAACACCATGTGCCCGGACAGCTAGTTATCATCGTTTACGCGTGGACTACCAGGGTATCTAAT-740
D16 : ACTTAATGCGTTAGCTGCGCCACCCAAACACCATGTGCCCGGACAGCTAGTTATCATCGTTTACGCGTGGACTACCAGGGTATCTAAT

SP2 : CCTGTTTCTCCACGCTTTCCGACCTCAGCGTCAATACTTGTCCAGTCAGTCGCTTCGCGCACTGGTGTCTTCCGAATATCTACGAA-830
D16 : CCTGTTTCTCCACGCTTTCCGACCTCAGCGTCAATACTTGTCCAGTCAGTCGCTTCGCGCACTGGTGTCTTCCGAATATCTACGAA

SP2 : TTTACCTCTACACTCGGAATCCACTGACCTCTCCAAGATTCTAGTACCTAGTTTCAAAGGCAGTTCGGGGTTGAGCCCCGGGCTT-920
D16 : TTTACCTCTACACTCGGAATCCACTGACCTCTCCAAGATTCTAGTACCTAGTTTCAAAGGCAGTTCGGGGTTGAGCCCCGGGCTT

SP2 : CACCTCTGACTTGAGTAACCGCTACGCGCGCTTACGCCAGTAATCCGAACAACGCTAGCTCCCTCCGTATTACCAGCGCTGCTGGC-1010
D16 : CACCTCTGACTTGAGTAACCGCTACGCGCGCTTACGCCAGTAATCCGAACAACGCTAGCTCCCTCCGTATTACCAGCGCTGCTGGC

SP2 : ACGGAGTTAGCCGGAGCTTATTCTCCAGTACTGTCATTATCATCCCTGGTAAAAGAGCTTACAACCCTAAGGCCTTACACTCACGC-1200
D16 : ACGGAGTTAGCCGGAGCTTATTCTCCAGTACTGTCATTATCATCCCTGGTAAAAGAGCTTACAACCCTAAGGCCTTACACTCACGC

SP2 : GGCAT-GCTGGATCAGGCTTTGCCATTGTCCAATATCCCACTGCTGCCCGTAGGAGTCTGGCCGTGTCTCAGTCCCAGTGTG-1290
D16 : GGCATGCTGGATCAGGCTTTGCCATTGT-CCAATATCCCACTGCTGCCCGTAGGAGTCTGGCCGTGTCTCAGTCCCAGTGTG

SP2 : GCTGATCATCTCTCAGACCAGCTAAGGATCGTCGCTTGGTAGGCCATTACCCACCAACTAGCTAATCTACGCGGGCTCATCCCTTG-1380
D16 : GCTGATCATCTCTCAGACCAGCTAAGGATCGTCGCTTGGTAGGCCATTACCCACCAACTAGCTAATCTACGCGGGCTCATCCCTTG

SP2 : CCGATAA-TCTTTGGTCCGAAGACATCATCCGGTATAGCAGTAATTTCTCACTGTTATTCCGAAGCAAAGGGCAGATCCCACGCGTT-1470
D16 : CCGATAATCTTTGGTCCGAAGACATCATCCGGTAT-TAGCAGTAATTTCTCACTGTTATTCCGAAGCAAAGGGCAGATCCCACGCGTT

SP2 : ACGCACCCGTGCGCCACTAGACCCGAAGGTCTCGTTCGACTTGCATGTGTTAGGCATGCCGCCAGCGTTCGTT-1452
D16 : ACGCACCCGTGCGCCACTAGACCCGAAGGTCTCGTTCGACTTGCATGTGTTAGGCATGCCGCCAGCGTTCGTT

รูปที่ 4.7 ลำดับนิวคลีโอไทด์ของ 16 เอส ไรโบโซมัลดีเอ็นเอ ของแบคทีเรียสายพันธุ์ SP2 เปรียบเทียบกับ *Sphigomonas* sp. สายพันธุ์ D16

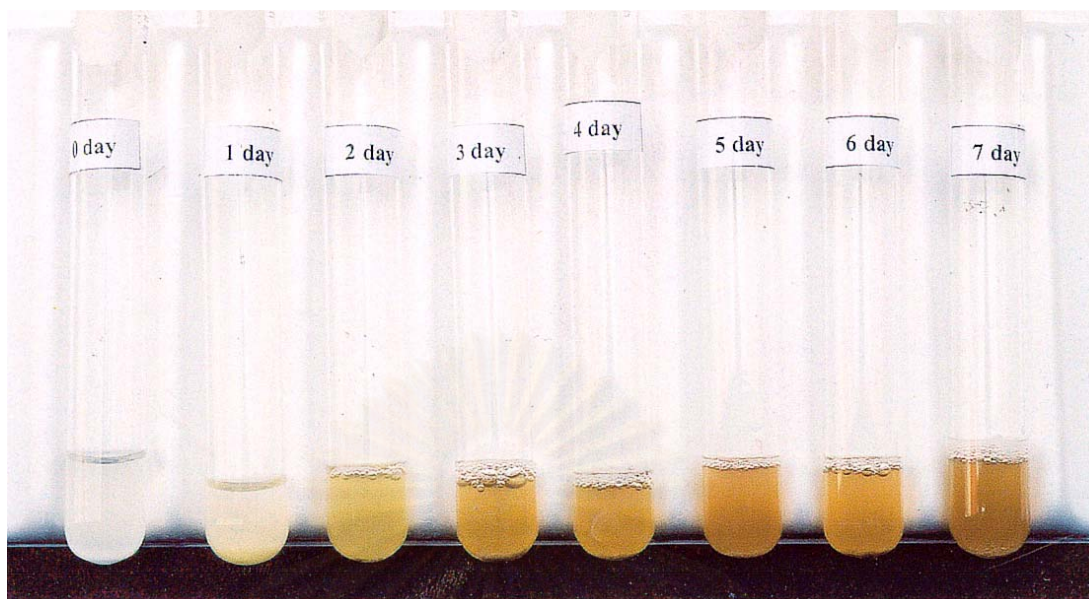
4.3. การเจริญและความสามารถในการย่อยสลายอะซีแนพทินของแบคทีเรีย

Sphingomonas sp. สายพันธุ์ SP2

4.3.1 รูปแบบการเจริญและความสามารถของแบคทีเรีย

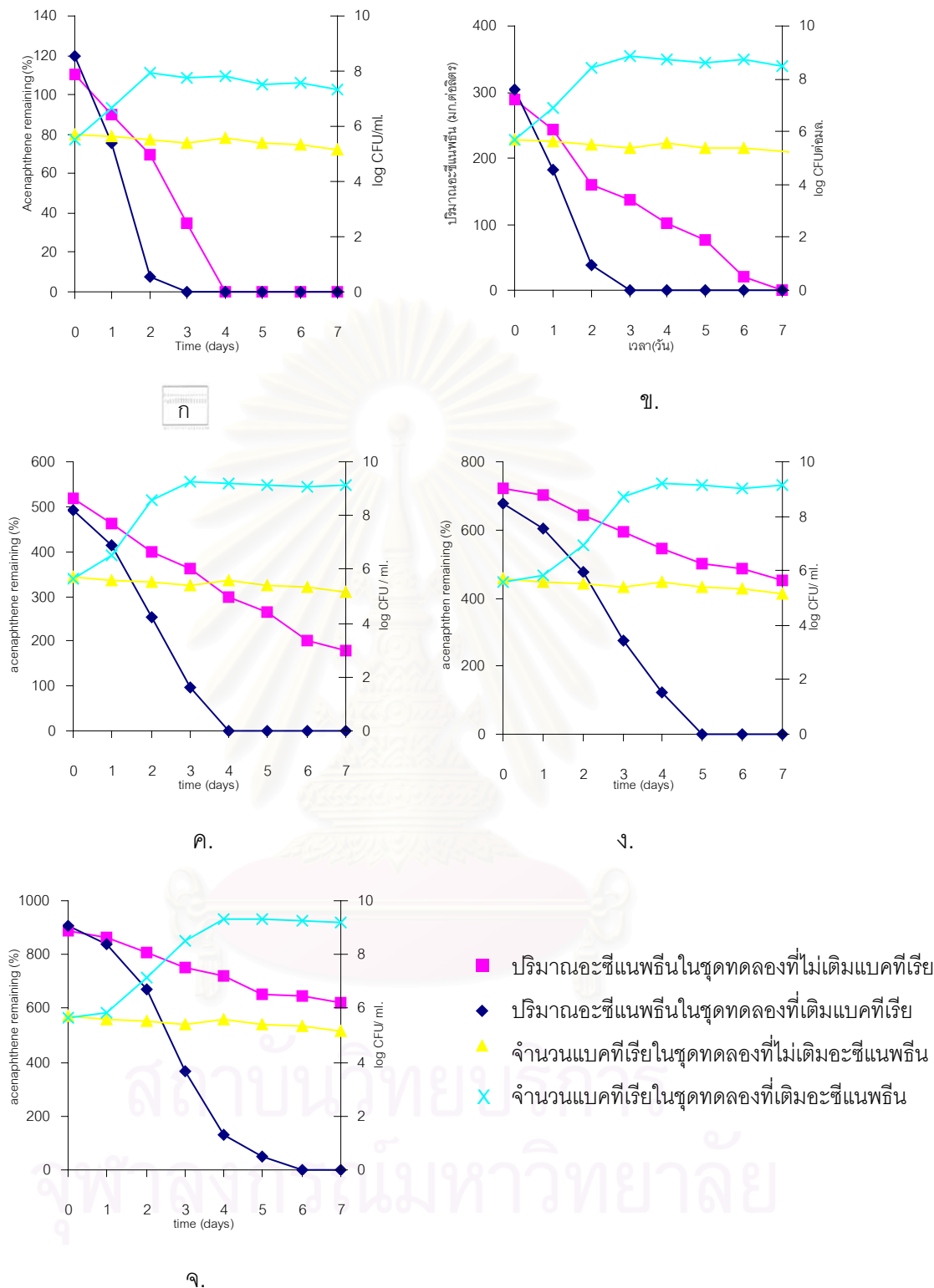
Sphingomonas sp. สายพันธุ์ SP2 ในการใช้อะซีแนพทินเป็นแหล่งคาร์บอนและพลังงาน

รูปแบบการเจริญของแบคทีเรีย *Sphingomonas* sp. สายพันธุ์ SP2 โดยการแปรผันความเข้มข้นของอะซีแนพทิน 100 300 500 700 และ 900 มก.ต่อลิตร ซึ่งแบคทีเรียใช้เป็นแหล่งคาร์บอนและพลังงาน ติดตามการเจริญของแบคทีเรีย และวิเคราะห์ปริมาณอะซีแนพทินที่เหลือทุกวันด้วยวิธี HPLC ได้ผลการทดลองดังแสดงในรูปที่ 4.9 *Sphingomonas* sp. สายพันธุ์ SP2 สามารถย่อยสลายอะซีแนพทิน หมดภายในเวลา 3 3 4 5 และ 6 วัน ตามลำดับ และมีการเปลี่ยนสีอาหารจากไม่มีสีเป็นสีเหลือง ดังแสดงในรูปที่ 4.8 แบคทีเรียมีการเจริญและเพิ่มจำนวนอย่างรวดเร็วจากจำนวนเซลล์เริ่มต้น 3.5×10^5 CFU ต่อมล. ไปเป็น 8.7×10^7 CFU ต่อมล., จำนวนเริ่มต้น 5.3×10^5 CFU ต่อมล. เป็น 6.9×10^8 CFU ต่อมล. และ จาก 4.4×10^5 CFU ต่อมล. เป็น 1.75×10^9 CFU ต่อมล. ที่ความเข้มข้นของอะซีแนพทิน 100 300 และ 500 มก.ต่อลิตร ตามลำดับ แต่ที่ความเข้มข้น 700 และ 900 มก.ต่อลิตร พบว่าแบคทีเรียมีการปรับตัวให้เข้ากับสภาวะที่มีปริมาณของสับเสลดมาก ส่งผลให้แบคทีเรียมีช่วงการเจริญ lag phase หลังจากนั้นแบคทีเรียมีการเพิ่มจำนวนจากจำนวนเริ่มต้น 3.7×10^5 CFU ต่อมล. เป็น 1.65×10^9 CFU ต่อมล. และ จาก 4.3×10^5 CFU ต่อมล. เป็น 2.00×10^9 CFU ต่อมล. เมื่อพิจารณาจากผลที่ได้พบว่า อะซีแนพทินที่ความเข้มข้น 300 มก.ต่อลิตร เป็นความเข้มข้นที่เหมาะสมต่อการเจริญของแบคทีเรีย โดยสามารถย่อยสลายอะซีแนพทิน และเพิ่มจำนวนแบคทีเรียได้อย่างรวดเร็ว โดยไม่มีการเจริญในช่วง lag phase



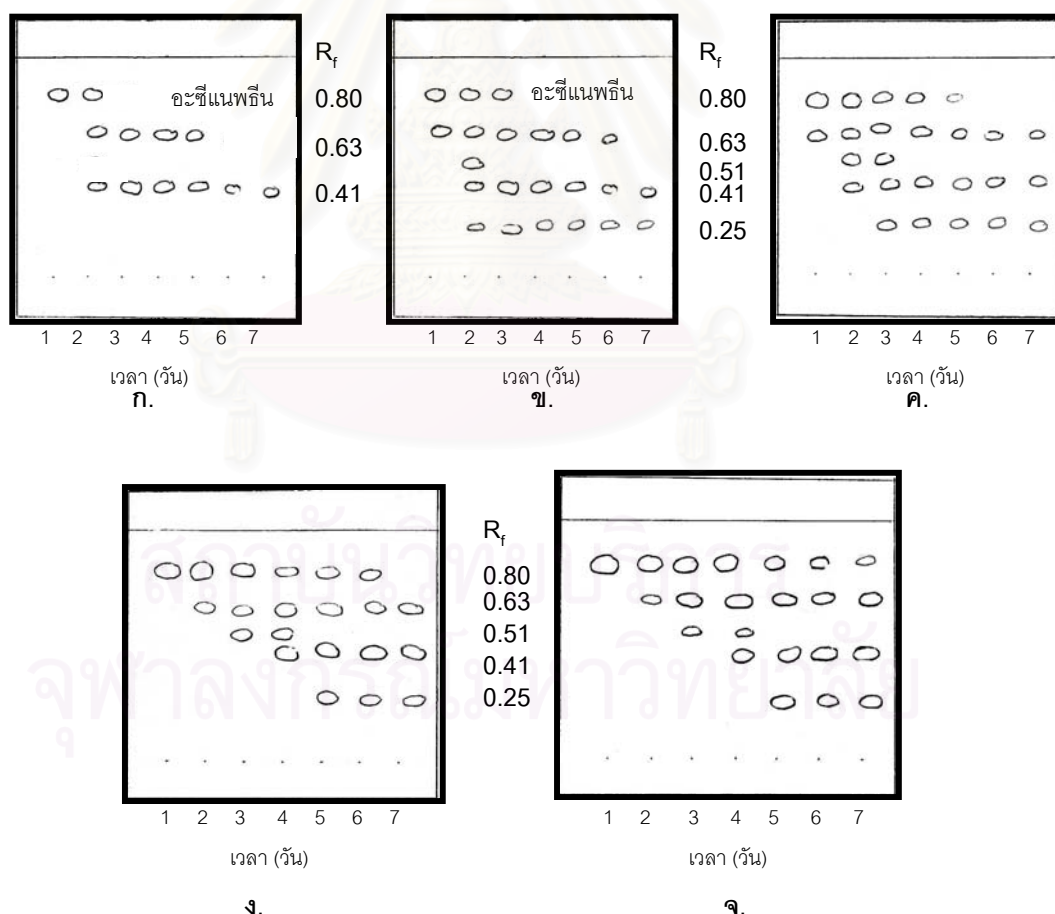
รูปที่ 4.8 ลักษณะอาหารเลี้ยงเชื้อ CFMM ที่เกิดจากการย่อยสลายอะซีแนพรีนความเข้มข้น 100 มก.ต่อ ลิตรโดย *Sphingomonas* sp. สายพันธุ์ SP2 เป็นเวลา 7 วัน

สถาบันวิทยบริการ
จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

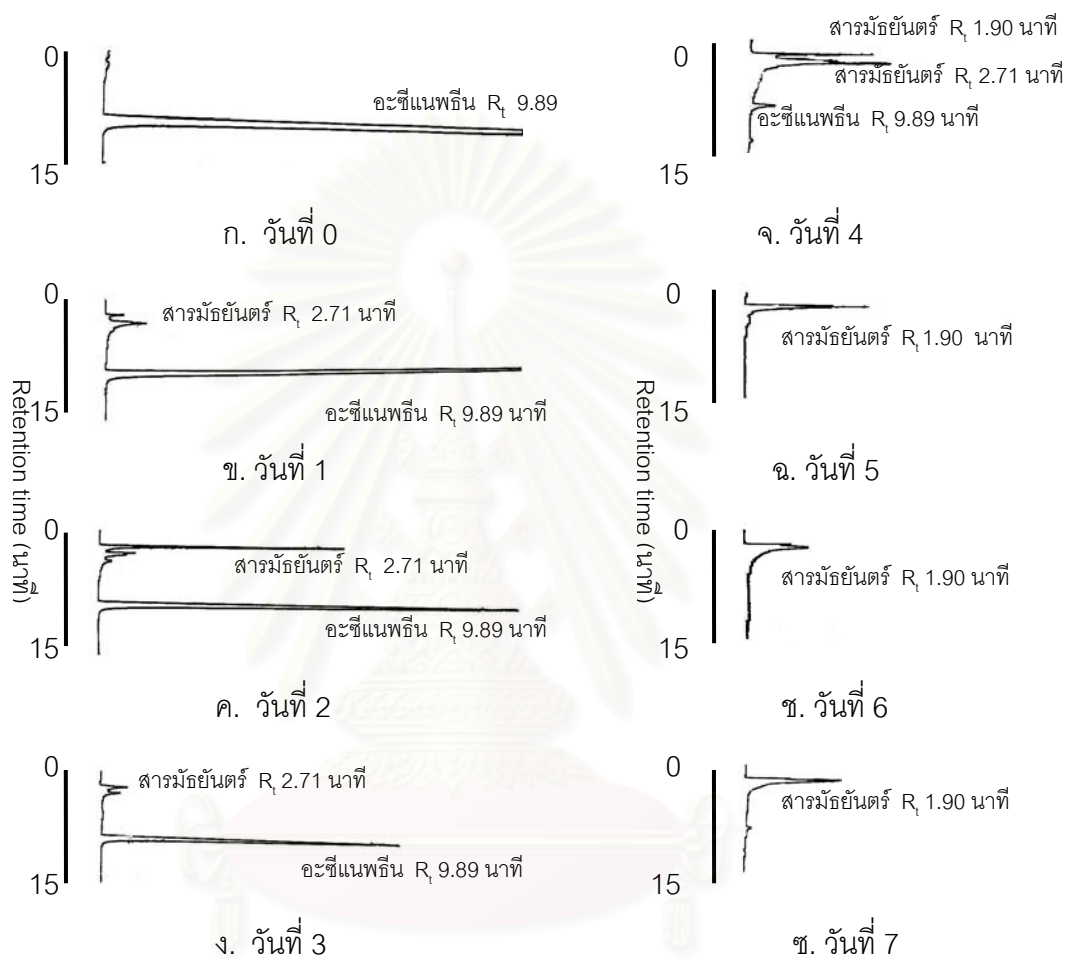


รูปที่ 4.9 การเจริญของ *Sphingomonas* sp. สายพันธุ์ SP2 และการย่อยสลายอะซีแนฟทีน ที่ความเข้มข้น 100 (ก.), 300 (ข.), 500 (ค.), 700 (ง.) และ 900(จ.) มก.ต่อลิตร

เมื่อนำสารสกัดที่ได้จากการย่อยสลายอะซีแนพธินที่แปรผันความเข้มข้น ในอาหารเลี้ยงเชื้อ ปริมาตร 5 มล. ไปวิเคราะห์สารมัธยันตร์ที่เกิดขึ้นจากการย่อยสลายอะซีแนพธินด้วยวิธี TLC และ HPLC ดังแสดงในรูปที่ 4.10 และ 4.11 ตามลำดับ พบแถบสารที่เรืองแสงอัลตราไวโอเล็ต 5 แถบ ประกอบด้วยอะซีแนพธินมีค่า R_f เท่ากับ 0.8 และ มีสารมัธยันตร์หลัก 4 ชนิด ซึ่งมีค่า R_f เท่ากับ 0.63 0.51 0.41 และ 0.25 ในวันที่ 2 ของการย่อยสลายอะซีแนพธินความเข้มข้น 300 มก.ต่อ ลิตร สารมัธยันตร์ที่ตรวจพบนั้นเกิดจากการย่อยสลายอะซีแนพธินของ *Sphingomonas* sp. สาย พันธุ์ SP2 เมื่อเทียบกับชุดควบคุมการลดลงของอะซีแนพธินที่ไม่ได้เกิดจากการย่อยสลายของ แบคทีเรีย (ภาคผนวก ง.) เมื่อพิจารณาจากผลที่ได้ อะซีแนพธินที่ความเข้มข้น 500 มก.ต่อ ลิตร จะพบสารมัธยันตร์ครบทั้ง 4 ชนิด หลังจากการเลี้ยงเชื้อ 3 วัน โดยมีแถบของสารมัธยันตร์กว้าง และเรืองแสงอัลตราไวโอเล็ตเข้ม จึงได้ใช้อะซีแนพธินที่ความเข้มข้นนี้ มาศึกษารูปแบบการ เจริญและการย่อยสลายอะซีแนพธินเป็นแหล่งคาร์บอน และพลังงานของแบคทีเรีย *Sphingomonas* sp. สายพันธุ์ SP2 ในขั้นตอนต่อไป



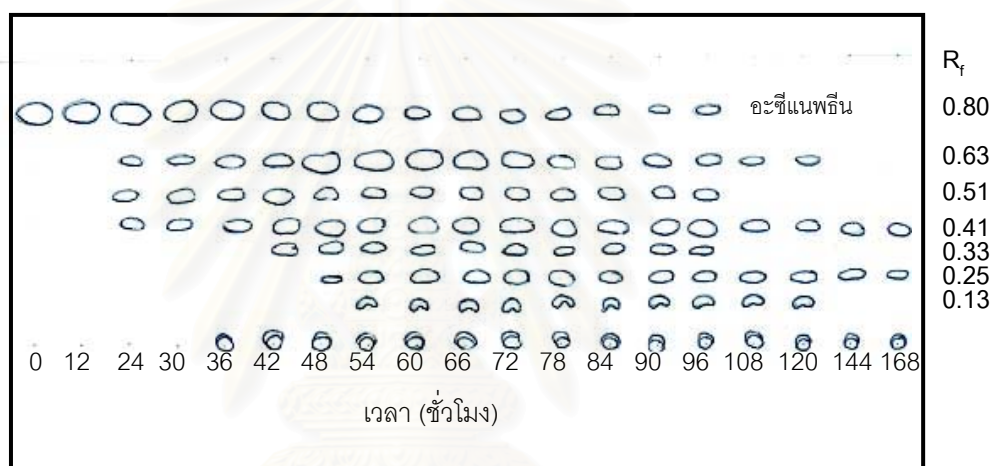
รูปที่ 4.10 TLC โครมาโตแกรมแสดงสารมัธยันตร์ที่เกิดขึ้นจากการย่อยสลายอะซีแนพธินที่แปรผันความเข้มข้น 100 (ก.), 300 (ข.), 500 (ค.), 700 (ง.) และ 900 (จ.) มก.ต่อลิตร เป็นเวลา 7 วัน



รูปที่ 4.11 HPLC โคโรมาโตแกรม แสดงชนิดและปริมาณของสารมัธยันตร์ที่เกิดจากการย่อยสลายอะซีแนพทรีนเข้มข้น 500 มก.ต่อลิตร เป็นเวลา 7 วัน

4.3.2 การวิเคราะห์สารมัธยันตร์ที่เกิดจากการย่อยสลายอะซีแนพทิน

ผลการศึกษารูปแบบในการเจริญใช้อะซีแนพทินเป็นแหล่งคาร์บอน และพลังงานของแบคทีเรีย *Sphingomonas* sp. สายพันธุ์ SP2 โดยการนำหัวเชื้อแบคทีเรียมาเลี้ยงในอาหารเลี้ยงเชื้อเหลว CFMM ปริมาตร 10 มล. ที่มีอะซีแนพทินเข้มข้น 500 มก.ต่อลิตร และติดตามการเจริญของแบคทีเรีย *Sphingomonas* sp. สายพันธุ์ SP2 และวิเคราะห์สารมัธยันตร์ที่เกิดขึ้นตามเวลาที่กำหนด นำมาวิเคราะห์ด้วยวิธี analytical TLC ที่มีระบบตัวทำละลายประกอบด้วย โทลูอีน : 1,4-ไดออกเซน : กรดอะซีติก พบสารมัธยันตร์ดังแสดงในรูปที่ 4.12



รูปที่ 4.12 TLC โครมาโตแกรม แสดงสารมัธยันตร์ที่เกิดจากการย่อยสลายอะซีแนพทิน ความเข้มข้น 500 มก.ต่อลิตร เป็นเวลา 7 วัน

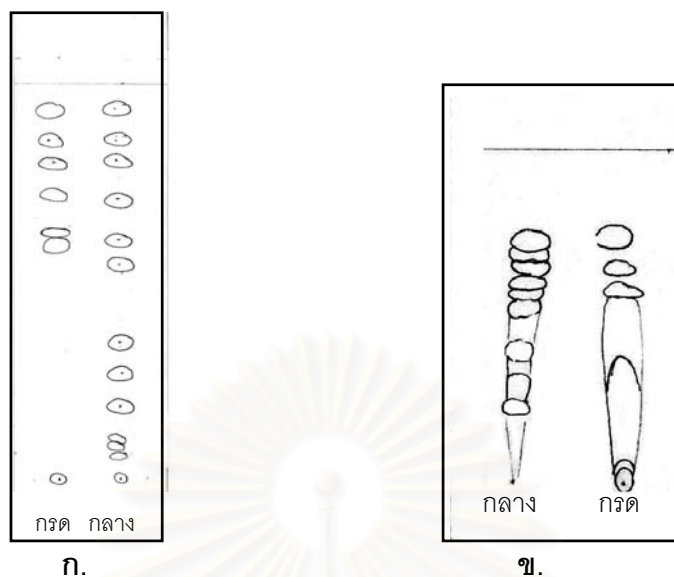
เมื่อเพิ่มปริมาณของอาหารเลี้ยงเชื้อเหลวเป็น 10 มล. สามารถทำให้พบสารมัธยันตร์เพิ่มขึ้นจาก 4 ชนิดเป็น 6 ชนิดแต่ละชนิดมีค่า R_f เท่ากับ 0.63 0.51 0.41 0.33 0.25 และ 0.13 สารมัธยันตร์แต่ละชนิดจะเรืองแสงอัลตราไวโอเล็ตแตกต่างกัน ดังแสดงในตาราง ที่ 4.6

ตารางที่ 4.6 ลักษณะการเรืองแสงอัลตราไวโอเล็ตของสารมัธยันตร์ที่เกิดจากการย่อยสลายอะซีแนพธินโดย *Sphingomonas* sp. สายพันธุ์ SP2

สารมัธยันตร์ (R_f)	ลักษณะการเรืองแสงอัลตราไวโอเล็ต
0.63	สีม่วง
0.51	สีม่วง
0.41	สีเหลือง
0.33	สีม่วง
0.25	สีน้ำตาลเหลือง
0.13	สีม่วง

ช่วงเวลา 24 ชม.แรกของการย่อยสลายอะซีแนพธินจะพบสารมัธยันตร์ที่ค่า R_f เท่ากับ 0.63 0.51 และ 0.41 แต่ที่เวลา 54 ชม. ของการเลี้ยงเชื้อ จะพบสารมัธยันตร์ครบทั้ง 6 ชนิด และพบรูปแบบการเกิดสารมัธยันตร์เช่นนี้จนถึงเวลา 96 ชม. และจะลดลงเหลือเพียงสารมัธยันตร์ 2 ชนิด คือ สารที่ค่า R_f เท่ากับ 0.41 และ 0.25 หลังจากการเลี้ยงเชื้อ 7 วัน

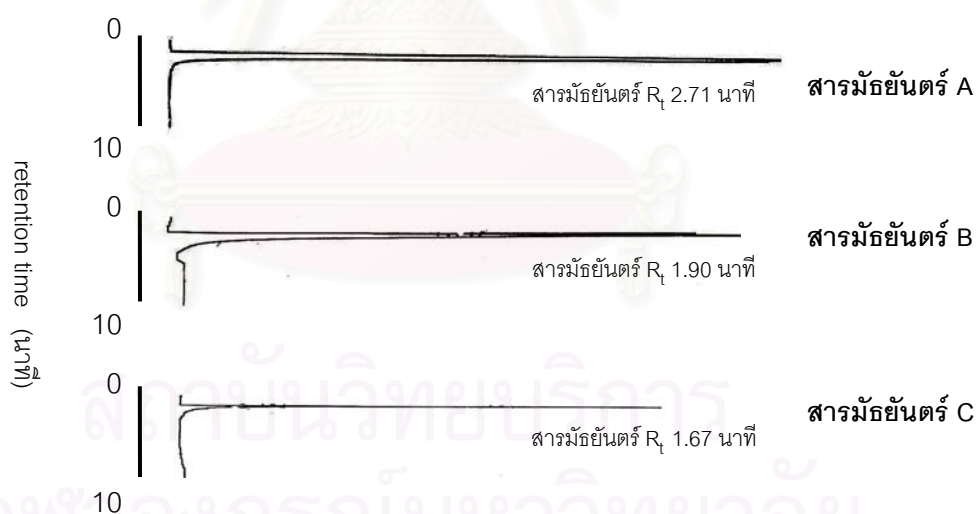
การย่อยสลายอะซีแนพธินโดย *Sphingomonas* sp. สายพันธุ์ SP2 จะพบสารมัธยันตร์หลัก 3 ชนิด ได้แก่ สารมัธยันตร์ที่ค่า R_f เท่ากับ 0.63 0.41 และ 0.25 ซึ่งมีแถบสารมัธยันตร์กว้างและเรืองแสงอัลตราไวโอเล็ตเข้ม น่าจะเป็นสารมัธยันตร์ที่เกี่ยวข้องกับการย่อยสลายอะซีแนพธิน จึงได้แยกสารทั้ง 3 ชนิดให้บริสุทธิ์ โดยเพิ่มขนาดของการทดลอง โดยเลี้ยงเชื้อในอาหารเหลว CFMM ปริมาตร 1,000 มล. ที่มีอะซีแนพธินความเข้มข้น 500 มก.ต่อลิตร เป็นระยะเวลา 54 ชม. ซึ่งเป็นเวลาที่มีปริมาณสารมัธยันตร์ทั้ง 3 ชนิดสูง นำมาสกัดตามวิธีของ Grifoll และคณะ (1992) ดังแสดงในวิธีการทดลองข้อ 4.2.2 ซึ่งจะได้สารสกัด 2 ชนิด คือ สารสกัดที่เป็นกลาง และสารสกัดที่เป็นกรด และนำสารสกัดทั้ง 2 ชนิดมาวิเคราะห์ด้วยวิธี analytical TLC และ preparative TLC เปรียบเทียบแถบของสารสกัดทั้ง 2 ชนิด ดังแสดงในรูปที่ 4.13 พบว่าสารสกัดที่เป็นกลางจะพบแถบสารมัธยันตร์มากกว่าสารสกัดที่เป็นกรด และพบสารมัธยันตร์ที่สนใจ ทั้ง 3 ชนิด ได้แก่ สารมัธยันตร์ที่มีค่า R_f เท่ากับ 0.63 0.41 และ 0.25 ในสารสกัดส่วนที่เป็นกลาง จึงนำสารสกัดที่เป็นกลางมาแยกสารมัธยันตร์ให้บริสุทธิ์ด้วยวิธี preparative TLC และ HPLC ซึ่งได้สารมัธยันตร์บริสุทธิ์ โดยสารมัธยันตร์ที่มีค่า R_f เท่ากับ 0.63 0.41 และ 0.25 จะมีค่ารีเทนชันไทม์เท่ากับ 2.71 1.90 และ 1.67 นาที ตามลำดับ เมื่อวิเคราะห์ด้วย HPLC ดังแสดงในรูปที่ 4.14 จึงให้ชื่อสารมัธยันตร์ทั้ง 3 ชนิดว่า สารมัธยันตร์ A B และ C ตามลำดับ นำสารมัธยันตร์บริสุทธิ์ที่ได้ไปตรวจสอบชนิดของสารในขั้นต่อไป



รูปที่ 4.13 TLC โครมาโตแกรมแสดงสารมัธยันตร์ในสารสกัดที่เป็นกลางและกรวดที่ได้จากการย่อยสลายอะซีแนพทีน เป็นเวลา 54 ชม.

ก. วิเคราะห์ด้วยวิธี preparative TLC

ข. วิเคราะห์ด้วยวิธี analytical TLC



รูปที่ 4.14 HPLC โครมาโตแกรม แสดงสารมัธยันตร์หลัก 3 ชนิดจากการย่อยสลายอะซีแนพทีน ที่ได้จากการวิเคราะห์ด้วยวิธี preparative TLC

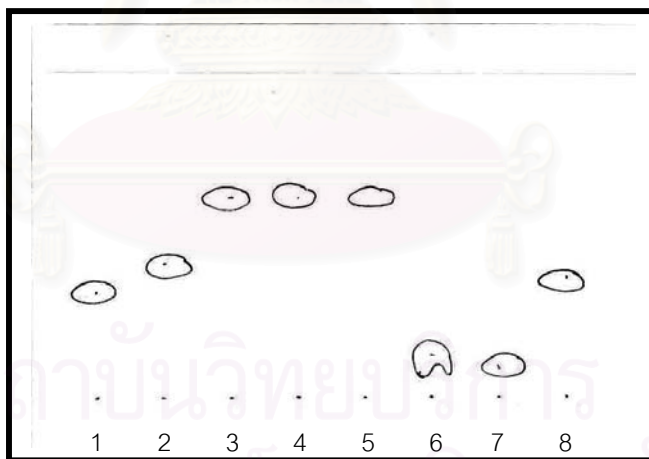
สารมัธยันตร์ A มีค่า R_f เท่ากับ 0.63 เมื่อวิเคราะห์ด้วยวิธี analytical TLC

สารมัธยันตร์ B มีค่า R_f เท่ากับ 0.41 เมื่อวิเคราะห์ด้วยวิธี analytical TLC

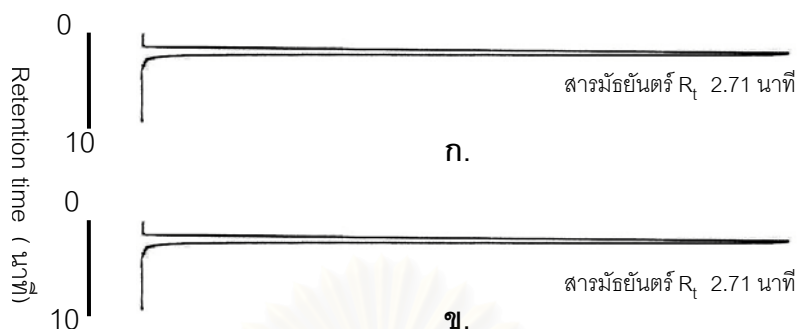
สารมัธยันตร์ C มีค่า R_f เท่ากับ 0.25 เมื่อวิเคราะห์ด้วยวิธี analytical TLC

4.3.3 การตรวจสอบชนิดของสารมัยันตร์

นำสารมัยันตร์บริสุทธิ์ A B และ C มาตรวจสอบชนิดของสาร ซึ่งจะตรวจสอบด้วยชั้นเบื้องต้น โดยนำสารมัยันตร์ที่แยกได้มาวิเคราะห์ด้วยวิธี analytical TLC และเปรียบเทียบกับแถบของสารมัยันตร์มาตรฐานที่เกี่ยวข้องกับการย่อยสลายอะซีแนพทีน (Schocken และ Gibson ,1984 และ Selifonov และคณะ, 1993) และสาร PAHs (Grund และคณะ, 1992) ซึ่งมีในห้องปฏิบัติการ ได้แก่ อะซีแนพทีนควิโนน กรดแนพธาซีน 1,8-ไดคาร์บอกซิลิก กรดซาลิไซลิก กรด 2,5-ไดไฮดรอกซีเบนโซอิก กรดโปรโตคาทีคูอิก ที่ละลายในเมทานอล ความเข้มข้น 0.1 มก. ต่อมล. พบว่าแถบของสารมัยันตร์ A เรืองแสงสีม่วง และมีค่า R_f เท่ากับ 0.63 ซึ่งมีลักษณะตรงกับแถบของอะซีแนพทีนควิโนน และกรดแนพธาซีน 1,8-ไดคาร์บอกซิลิก ดังแสดงในรูปที่ 4.15 และเมื่อนำสารมัยันตร์ A รวมกับอะซีแนพทีนควิโนน และกรดแนพธาซีน 1,8-ไดคาร์บอกซิลิก ไปวิเคราะห์ด้วยวิธี HPLC และเปรียบเทียบค่า รีเทนชันไทม์ (R_t) ของสารมัยันตร์ พบว่า สารทั้ง 3 ชนิด มีค่ารีเทนชัน ไทม์ เท่ากับ 2.71 นาที เหมือนกันทั้ง 3 ชนิด ดังแสดงในรูปที่ 4.16 จากผลที่ได้เป็นข้อมูลเบื้องต้น ยังไม่สามารถบอกได้ว่าสารมัยันตร์ A คือ สารชนิดใดจนกว่าจะตรวจสอบโครงสร้างอย่างละเอียดด้วยวิธี NMR



รูปที่ 4.15 TLC โครมาโตแกรม แสดงสารมัยันตร์ A (3), B (2) และ C (1) เปรียบเทียบอะซีแนพทีนควิโนน (4), กรดแนพธาซีน 1,8-ไดคาร์บอกซิลิก (5), กรด 2,5-ไดไฮดรอกซีเบนโซอิก (6), กรดโปรโตคาทีคูอิก (7), กรดซาลิไซลิก (8)



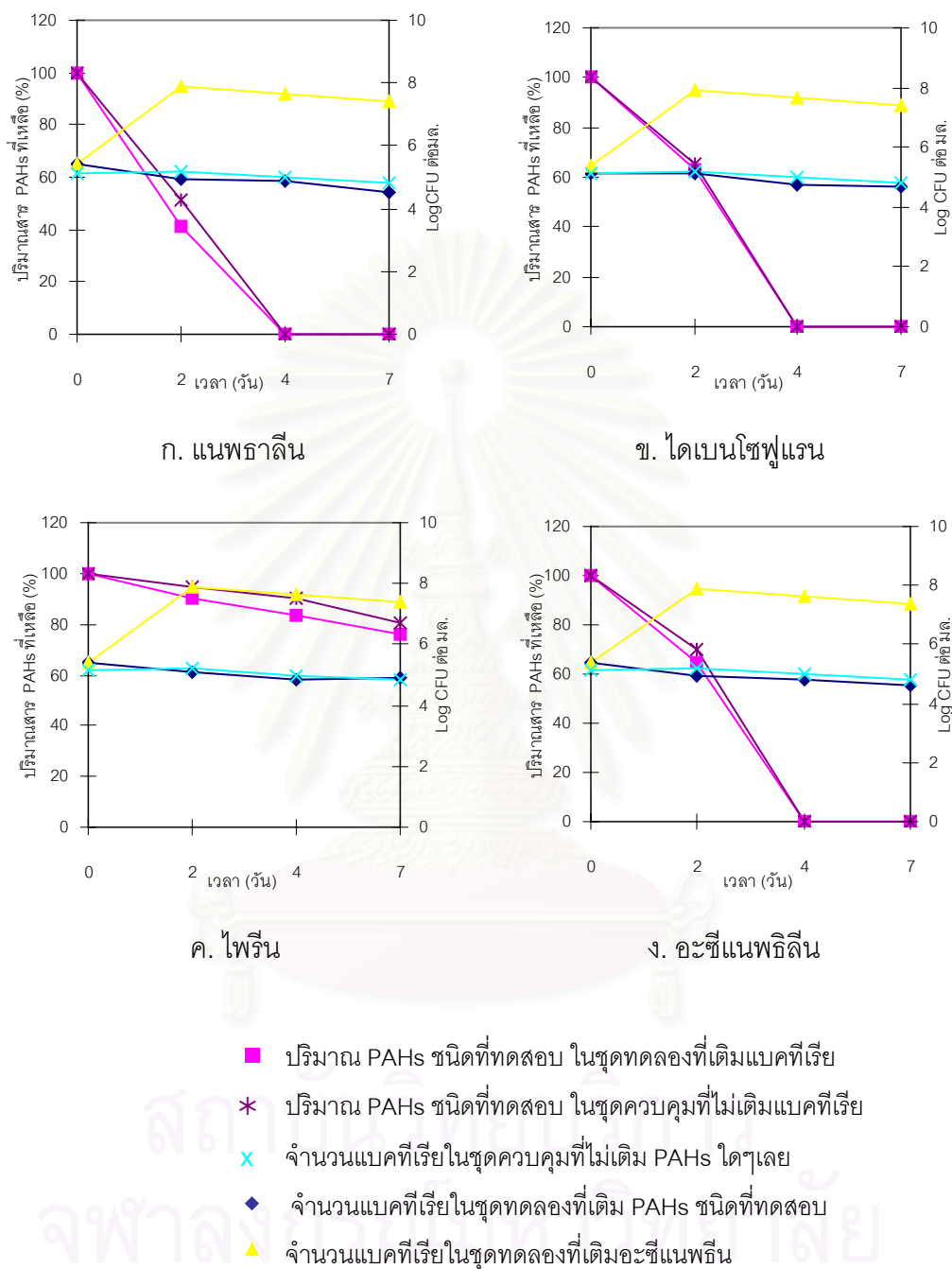
รูปที่ 4.16 HPLC โครมาโตแกรม สารมัตยันตร์ A เปรียบเทียบกับอะซีแนพทีน คิวโนนและกรดแนพธาซีน1,8-ไดคาร์บอกซิลิก

ก. สารมัตยันตร์ A รวมกับอะซีแนพทีนคิวโนน

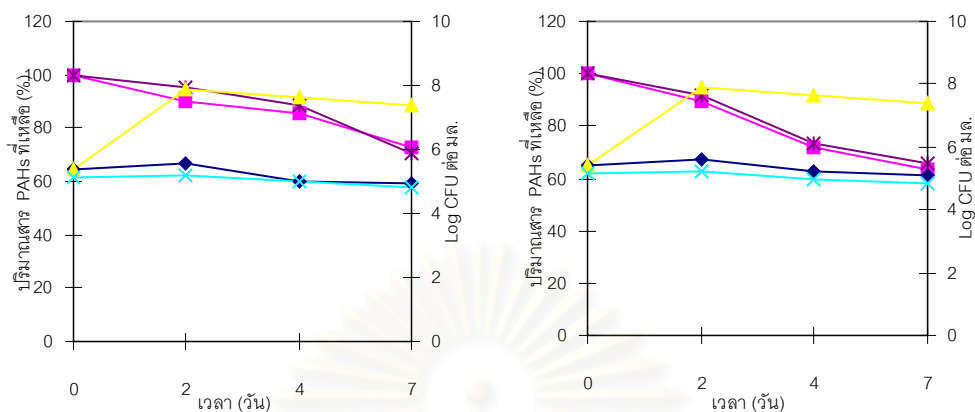
ข. สารมัตยันตร์ A รวมกับกรดแนพธาซีน1,8-ไดคาร์บอกซิลิก

4.4 ศึกษาความสามารถของ *Sphingomonas* sp. สายพันธุ์ SP2 ในการย่อยสลายสาร PAHs ชนิดอื่น

การทดสอบความจำเพาะในการใช้สารตั้งต้นเพื่อการเจริญของ *Sphingomonas* sp. สายพันธุ์ SP2 ในการย่อยสลาย PAHs ชนิดอื่นนอกเหนือจากอะซีแนพทีนเพื่อใช้เป็นแหล่งคาร์บอนและพลังงานของแบคทีเรีย PAHs ที่ใช้ในการทดสอบได้แก่ แนพธาซีน ฟลูออรีน อะซีแนพทีน ฟีนทรีน ไดเบนโซฟูแรน แอนทราซีน ฟลูออแรนธิน และไพรีน พบว่า *Sphingomonas* sp. สายพันธุ์ SP2 ไม่สามารถย่อยสลายสาร PAHs ชนิดใดได้เลย โดยไม่มีการเปลี่ยนแปลงทั้งสีและความขุ่นของอาหารเลี้ยงเชื้อ หลังจากการเลี้ยงเชื้อเป็นเวลา 7 วัน ดังแสดงในรูปที่ 4.17

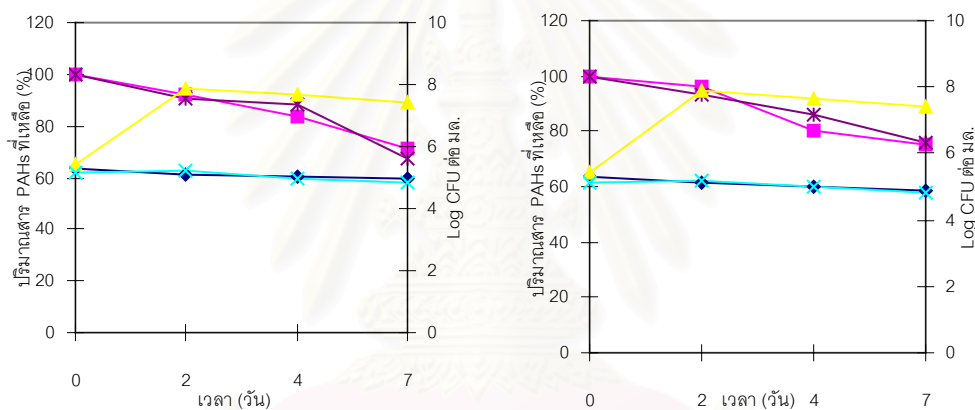


รูปที่ 4.17 การเจริญของ *Spingomonas* sp.สายพันธุ์ SP2 ในการย่อยสลายสาร PAHs ชนิดอื่น



จ. แอนทราซีน

ฉ. พีแนนทรีน



ช. ฟลูออรีน

ช. ฟลูออเรนธรีน

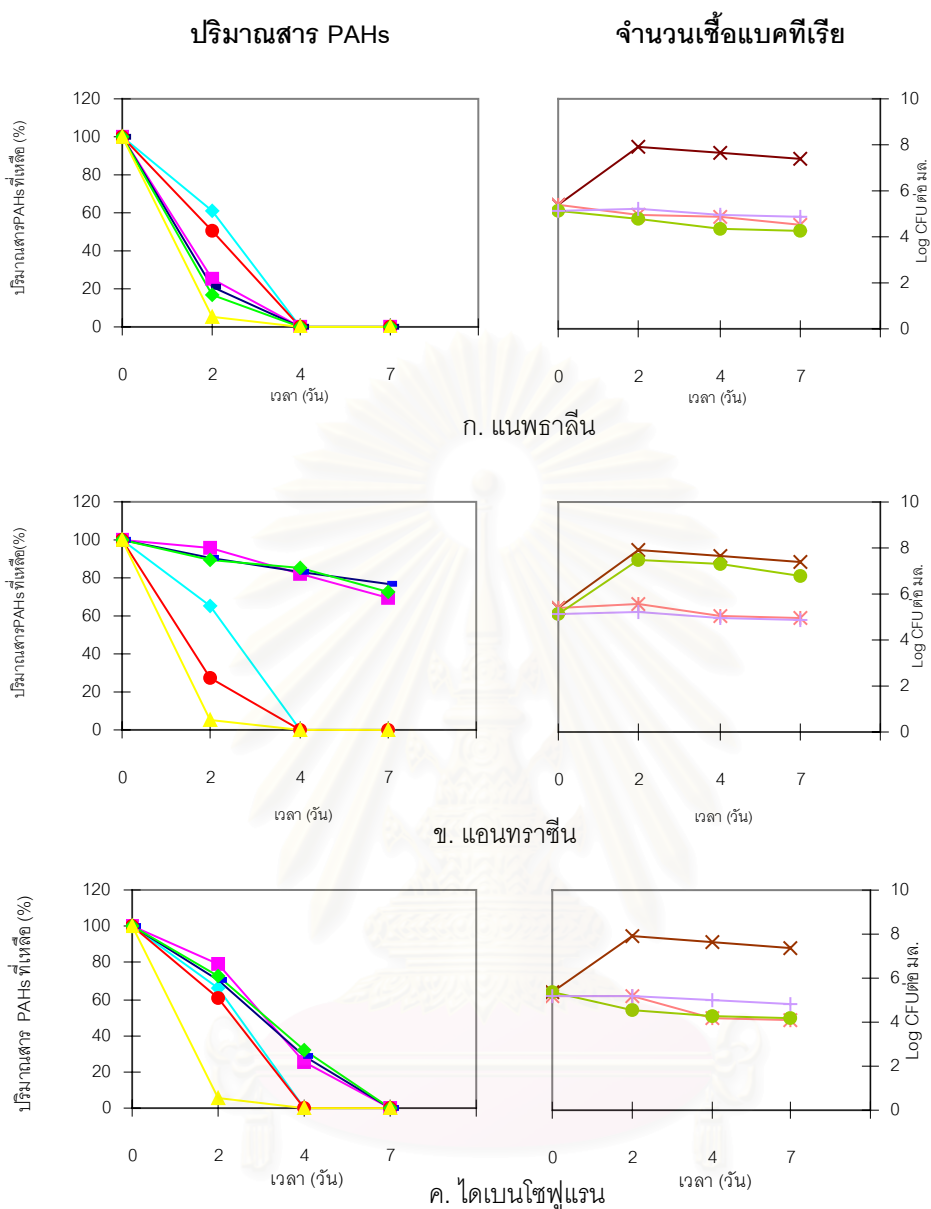
- ปริมาณ PAHs ชนิดที่ทดสอบ ในชุดทดลองที่เติมแบคทีเรีย
- * ปริมาณ PAHs ชนิดที่ทดสอบ ในชุดควบคุมที่ไม่เติมแบคทีเรีย
- × จำนวนแบคทีเรียในชุดควบคุมที่ไม่เติม PAHs ใดๆเลย
- ◆ จำนวนแบคทีเรียในชุดทดลองที่เติม PAHs ชนิดที่ทดสอบ
- ▲ จำนวนแบคทีเรียในชุดทดลองที่เติมอะซีแนพรีน

รูปที่ 4.17 (ต่อ) การเจริญของ *Sphingomonas* sp. สายพันธุ์ SP2 ในการย่อยสลายสาร PAHs ชนิดอื่น

4.5 การย่อยสลายแบบโคเมตาบอลิซึมของ *Sphingomonas* sp. สายพันธุ์ SP2

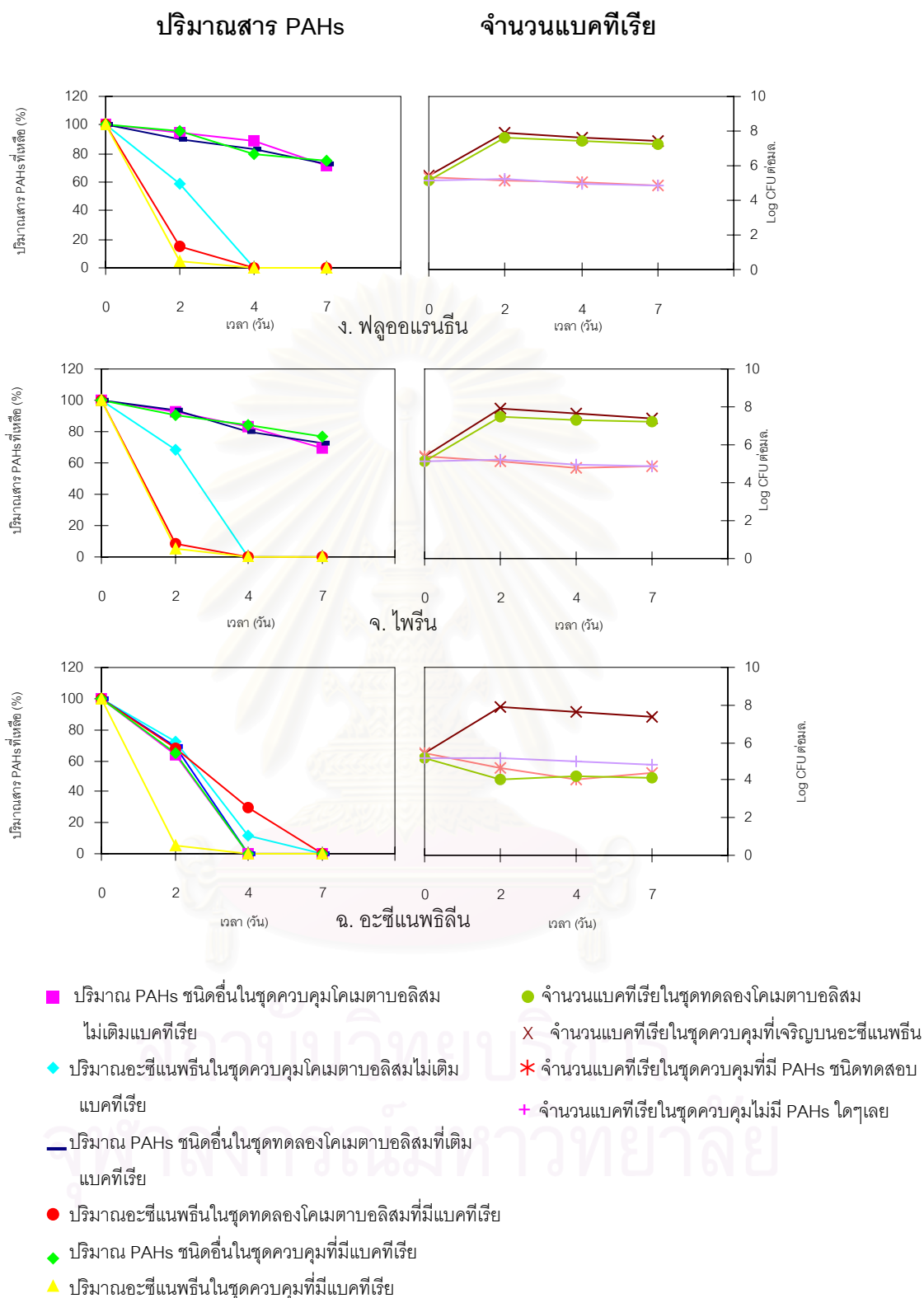
เนื่องจาก *Sphingomonas* สายพันธุ์ SP2 ไม่สามารถย่อยสลายเนฟทาลีน อะซีแนฟทิลีน ฟีนานทรีน แอนทราซีน ไดเบนโซฟูแรน ฟลูออรีน ฟลูออแรนธิน และไพรีน จึงนำสาร PAHs เหล่านี้ มาทดสอบการย่อยสลายแบบโคเมตาบอลิซึมโดย *Sphingomonas* sp. สายพันธุ์ SP2 ที่ใช้อะซีแนฟทิลีนในการเจริญ ในการทดลองเบื้องต้น พบว่า *Sphingomonas* สายพันธุ์ SP2 เจริญในอาหารที่มีอะซีแนฟทิลีนความเข้มข้น 100 มก.ต่อ ลิตร ภายใน 2 วัน และสามารถเปลี่ยนสีของอาหารเลี้ยงเชื้อเหลวไปเป็นสีเหลือง เมื่อทดสอบการย่อยสลายแบบโคเมตาบอลิซึม พบว่า *Sphingomonas* sp. สายพันธุ์ SP2 ไม่สามารถเกิดการย่อยสลายสาร PAHs ชนิดอื่น แบบโคเมตาบอลิซึม เมื่อเวลาผ่านไป 7 วัน โดยปริมาณสาร PAHs ชนิดทดสอบ ในชุดการทดลองที่มีแบคทีเรีย มีปริมาณลดลงไม่แตกต่างจากชุดควบคุมการลดลงของปริมาณสาร PAHs ชนิดทดสอบ ที่ไม่มีแบคทีเรีย ดังแสดงในรูปที่ 4.18 *Sphingomonas* สายพันธุ์ SP2 สามารถเจริญและย่อยสลายอะซีแนฟทิลีนได้ โดยอาหารเลี้ยงเชื้อขุ่นและเปลี่ยนสีเป็นสีเหลืองภายใน 2 วัน ในชุดทดลองการย่อยสลายแบบโคเมตาบอลิซึมที่มี ฟีนานทรีน แอนทราซีน ฟลูออรีน ฟลูออแรนธิน และไพรีน ร่วม ชนิดละหลอด แต่ชุดทดลองการย่อยสลายแบบโคเมตาบอลิซึมที่มี เนฟทาลีน อะซีแนฟทิลีน และ ไดเบนโซฟูแรน ร่วม ชนิดละหลอด *Sphingomonas* สายพันธุ์ SP2 ไม่สามารถเจริญและย่อยสลายอะซีแนฟทิลีนได้ โดยแบคทีเรียมีจำนวนลดลงจากจำนวนเริ่มต้น 1.43×10^5 CFU ต่อมล. เป็น 1.75×10^4 CFU ต่อมล., จากจำนวนเริ่มต้น 1.46×10^5 CFU ต่อมล. เป็น 1.27×10^4 CFU ต่อมล. และ จากจำนวนเริ่มต้น 1.50×10^5 CFU ต่อมล. เป็น 6.8×10^4 CFU ต่อมล. ตามลำดับ จากผลที่ได้ จึงศึกษาผลของเนฟทาลีน อะซีแนฟทิลีน และ ไดเบนโซฟูแรน ต่อการย่อยสลายแบบโคเมตาบอลิซึมของแบคทีเรีย *Sphingomonas* sp. สายพันธุ์ SP2 อย่างไรก็ตาม ในการทดลองขั้นตอนต่อไป

สถาบันวิทยบริการ
จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

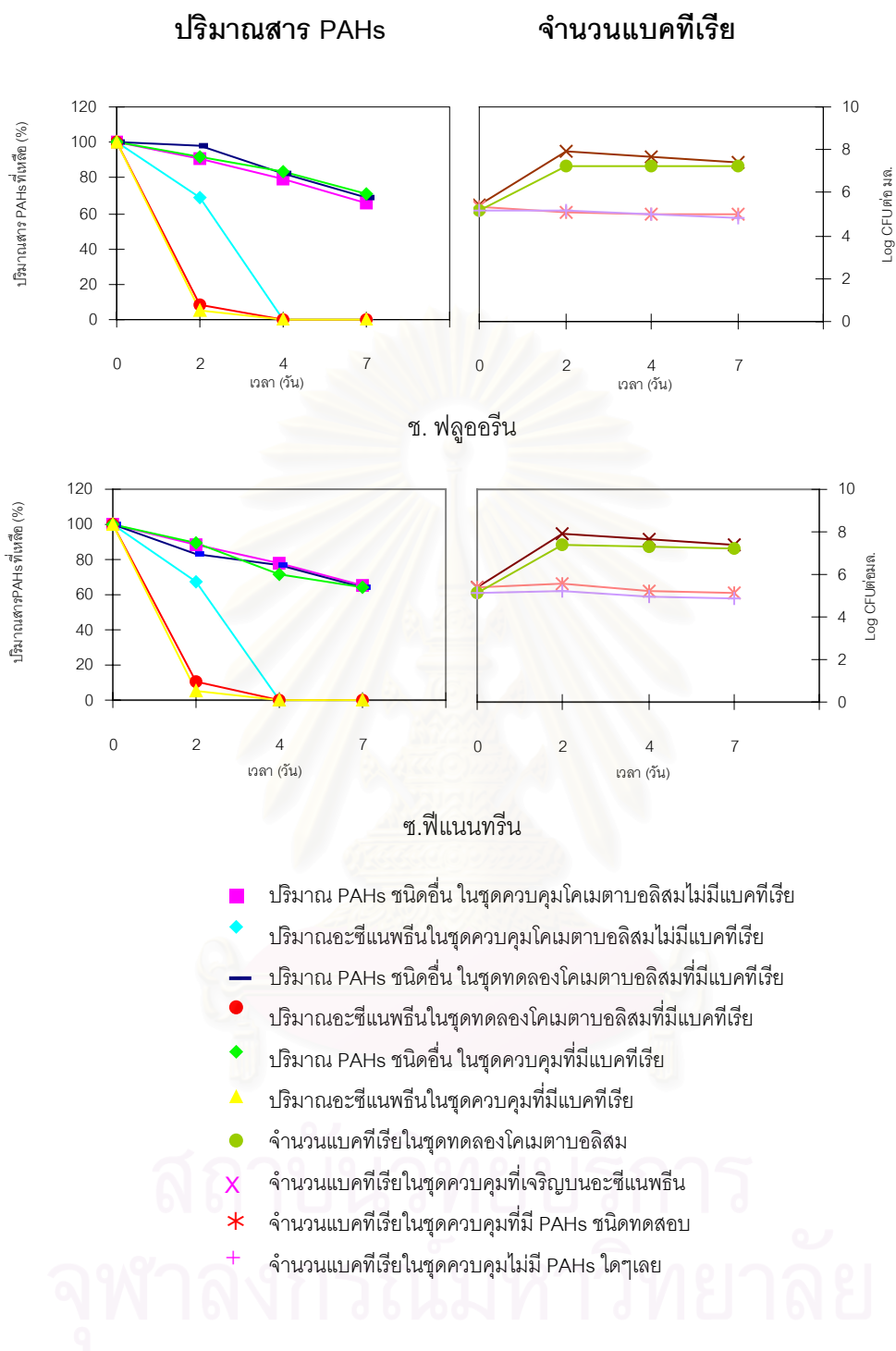


- ปริมาณ PAHs ชนิดอื่นในชุดควบคุมโคเมตาบอลิสมไม่เติมแบคทีเรีย
- ◆ ปริมาณอะซีแนพทีนในชุดควบคุมโคเมตาบอลิสมไม่เติมแบคทีเรีย
- ปริมาณ PAHs ชนิดอื่นในชุดทดลองโคเมตาบอลิสมที่เติมแบคทีเรีย
- ปริมาณอะซีแนพทีนในชุดทดลองโคเมตาบอลิสมที่มีแบคทีเรีย
- ◆ ปริมาณ PAHs ชนิดอื่นในชุดควบคุมที่มีแบคทีเรีย
- ▲ ปริมาณอะซีแนพทีนในชุดควบคุมที่มีแบคทีเรีย
- จำนวนแบคทีเรียในชุดทดลองโคเมตาบอลิสม
- × จำนวนแบคทีเรียในชุดควบคุมที่เจริญบนอะซีแนพทีน
- * จำนวนแบคทีเรียในชุดควบคุมที่มี PAHs ชนิดทดสอบ
- + จำนวนแบคทีเรียในชุดควบคุมไม่มี PAHs ใดๆเลย

รูปที่ 4.18 การย่อยสลายสาร PAHs แบบโคเมตาบอลิสมของ *Sphingomonas* sp. สายพันธุ์ SP2



รูปที่ 4.18(ต่อ) การย่อยสลายสาร PAHs แบบโคเมตาบอลิสมของ *Sphingomonas sp.* สายพันธุ์ SP2

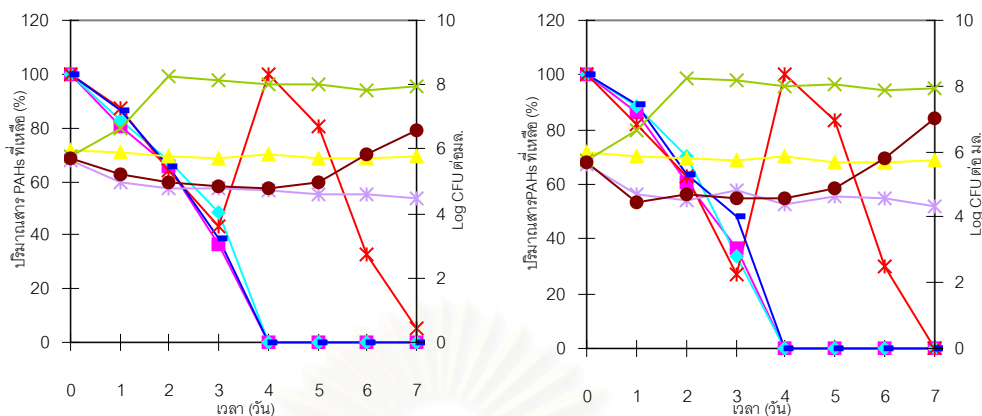


รูปที่ 4.18(ต่อ) การย่อยสลายสาร PAHs แบบโคเมตาบอลิสมของ *Sphingomonas* sp. สายพันธุ์ SP2

4.6 การย่อยสลายแนพธาลีน, อะซีแนพธาลีน และไดเบนโซฟูแรน แบบโคเมตาบอลิซึม โดย *Sphingomonas* sp. สายพันธุ์ SP2

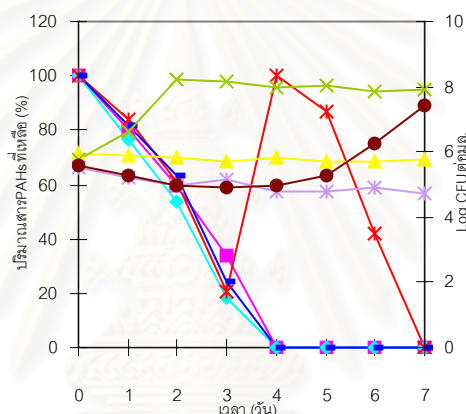
4.6.1 การเจริญของ *Sphingomonas* sp. สายพันธุ์ SP2 เมื่อย่อยสลายแนพธาลีน, อะซีแนพธาลีน และไดเบนโซฟูแรนแบบโคเมตาบอลิซึม

จากผลการทดลองในข้อ 4.5 แนพธาลีน อะซีแนพธาลีน และไดเบนโซฟูแรน มีผลทำให้ *Sphingomonas* sp. สายพันธุ์ SP2 ไม่สามารถเจริญและย่อยสลายอะซีแนพธาลีนได้เมื่อย่อยสลายแบบโคเมตาบอลิซึม สาเหตุของปรากฏการณ์นี้อาจเกิดเนื่องจาก สารเหล่านี้มีความเป็นพิษต่อเซลล์ หรือมีผลยับยั้งต่อเซลล์ จึงนำแบคทีเรียที่เลี้ยงใน สาร PAHs กลุ่มนี้ (แนพธาลีน, อะซีแนพธาลีน และ ไดเบนโซฟูแรน) จากข้อ 4.5 ที่เลี้ยงไว้จนถึงวันที่ 4 ซึ่งไม่ปรากฏการเจริญของเชื้อ และ สาร PAHs เหล่านี้ จะลดลงเองจนเกือบหมด มาทดสอบต่อ โดยเติมเพิ่มอะซีแนพธาลีนที่ความเข้มข้น 100 มก.ต่อลิตร ลงในหลอดทดลอง พบว่าแบคทีเรียมีการเจริญอย่างช้าๆ โดยมีการปรับตัวในช่วง 24 ชม.แรกของการเติมซ้ำ และแบคทีเรียจะมีการเจริญสูงสุดในวันที่ 3 หลังจากการเติมซ้ำ โดยเพิ่มจำนวนขึ้นจาก 1.00×10^5 CFU ต่อมล. เป็น 2.55×10^7 CFU ต่อมล. ในหลอดที่มีแนพธาลีน ส่วนในหลอดที่มี อะซีแนพธาลีน และไดเบนโซฟูแรน ชนิดละหลอด แบคทีเรียเพิ่มจำนวนขึ้นจาก 6.4×10^4 CFU ต่อมล. เป็น 4.00×10^6 CFU ต่อมล. และ จาก 4.0×10^4 CFU ต่อมล. เป็น 1.00×10^7 CFU ต่อมล. ตามลำดับ ดังแสดงในรูปที่ 4.19 จากผลที่ได้แสดงให้เห็นว่า เมื่อปราศจากกลุ่มสาร PAHs 3 ชนิดนี้ แต่มีอะซีแนพธาลีน *Sphingomonas* sp. สายพันธุ์ SP2 สามารถกลับมาเจริญได้ แสดงว่า แนพธาลีน อะซีแนพธาลีน และไดเบนโซฟูแรน มีผลต่อการยับยั้งการเจริญการเจริญของแบคทีเรียนี้



ก. อะซีแนพธิดีน

ข. ไดเบนโซฟูแรน



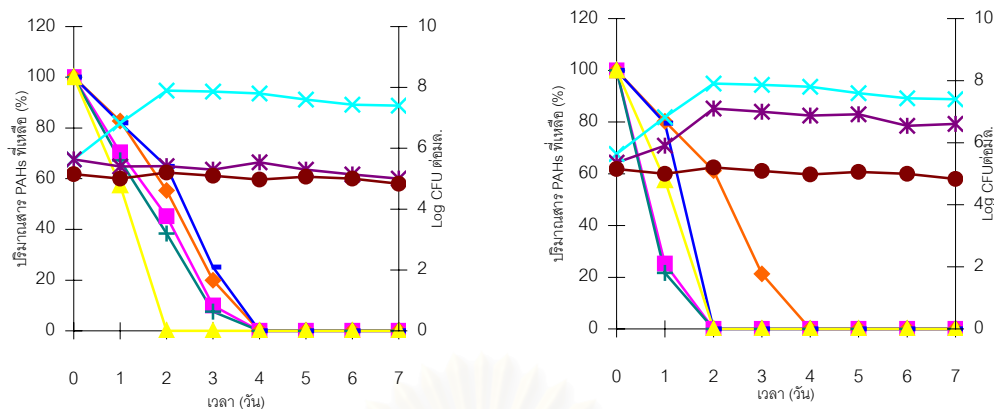
ค. แนพธาลีน

- ปริมาณอะซีแนพธิดีน ในชุดควบคุมโคเมตาบอลิสมมีแบคทีเรียไม่เติมอะซีแนพธิดีนซ้ำ
- ◆ ปริมาณ PAHs ชนิดทดสอบ ในชุดควบคุมโคเมตาบอลิสมมีแบคทีเรียไม่เติมอะซีแนพธิดีนซ้ำ
- * ปริมาณอะซีแนพธิดีนในชุดทดลองโคเมตาบอลิสมมีแบคทีเรีย เติมาซีแนพธิดีนซ้ำ
- ปริมาณ PAHs ชนิดทดสอบ ในชุดทดลองโคเมตาบอลิสมมีแบคทีเรีย เติมาซีแนพธิดีนซ้ำ
- จำนวนแบคทีเรียในชุดทดลองโคเมตาบอลิสม เติมาซีแนพธิดีนซ้ำ
- ▲ จำนวนแบคทีเรียในชุดควบคุมที่ไม่มี PAHs ใดๆ
- × จำนวนแบคทีเรียในชุดควบคุมที่มีอะซีแนพธิดีน
- * จำนวนแบคทีเรียในชุดควบคุมโคเมตาบอลิสมไม่เติมอะซีแนพธิดีนซ้ำ

รูปที่ 4.19 การเจริญของ *Sphingomonas* sp. สายพันธุ์ SP2 เมื่อย่อยสลาย แนพธาลีน, ไดเบนโซฟูแรน และ อะซีแนพธิดีน แบบโคเมตาบอลิสม

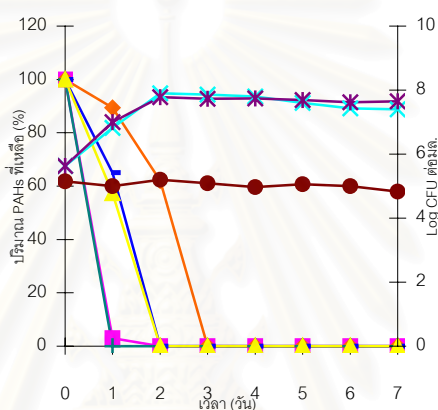
4.6.2 การเจริญของ *Sphingomonas* sp. สายพันธุ์ SP2 เมื่อย่อยสลาย แนพธาซีน, อะซีแนพธาซีน และไดเบนโซฟูแรน ที่แปรผันความเข้มข้น

จากผลการทดลองในข้อ 4.6.1 แนพธาซีน, อะซีแนพธาซีน และไดเบนโซฟูแรน ที่ความเข้มข้นเดิม 300 100 และ 100 มก.ต่อลิตร ตามลำดับ มีผลยับยั้งการเจริญของ *Sphingomonas* sp. สายพันธุ์ SP2 เมื่อย่อยสลายแบบโคเมตาบอลิซึม จึงได้ทดสอบความเข้มข้นของสาร PAHs ทั้ง 3 ชนิด ต่อการยับยั้งการย่อยสลายอะซีแนพธาซีนของ *Sphingomonas* sp. สายพันธุ์ SP2 โดยการแปรผันความเข้มข้นของแนพธาซีน, อะซีแนพธาซีน และไดเบนโซฟูแรน พบว่าแนพธาซีนที่ความเข้มข้น 250 และ 200 มก.ต่อลิตร, อะซีแนพธาซีน และ ไดเบนโซฟูแรน ที่ความเข้มข้น 75 มก.ต่อลิตร มีผลยับยั้งการเจริญ และการย่อยสลายอะซีแนพธาซีน เมื่อย่อยสลายแบบโคเมตาบอลิซึม ดังแสดงในรูป 4.20-22 โดยแนพธาซีนที่ความเข้มข้น 150 และ 100 มก.ต่อลิตร, อะซีแนพธาซีน และไดเบนโซฟูแรน ที่ความเข้มข้น 50 และ 25 มก.ต่อลิตร ไม่มีผลต่อการย่อยสลายอะซีแนพธาซีนของ *Sphingomonas* sp. สายพันธุ์ SP2 เมื่อย่อยสลายแบบโคเมตาบอลิซึม โดยมีรูปแบบการเจริญของแบคทีเรียเหมือนกับการเจริญของแบคทีเรียในชุดควบคุม



ก. ความเข้มข้น 75 มก.ต่อลิตร

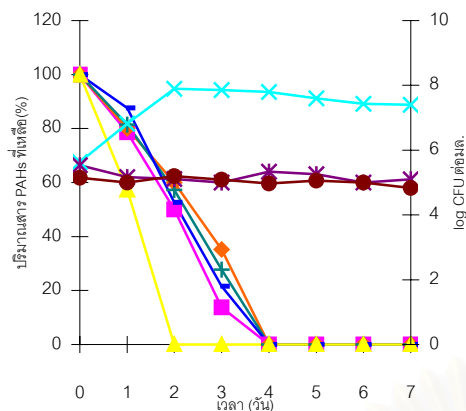
ข. ความเข้มข้น 50 มก.ต่อลิตร



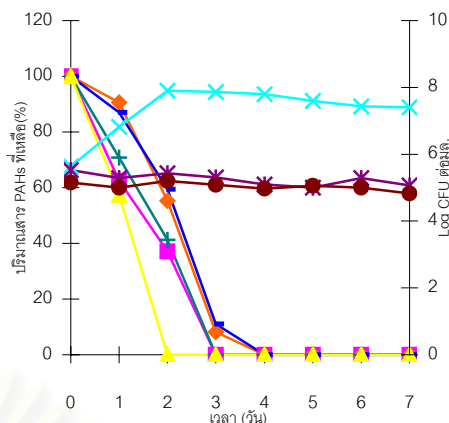
ค. ความเข้มข้น 25 มก.ต่อลิตร

- ปริมาณ PAHs ชนิดทดสอบ ในชุดควบคุมโคเมตาบอลิสมไม่มีแบคทีเรีย
- ◆ ปริมาณอะซีแนพธิน ในชุดควบคุมโคเมตาบอลิสมไม่มีแบคทีเรีย
- + ปริมาณ PAHs ชนิดทดสอบ ในชุดทดลองโคเมตาบอลิสมที่มีแบคทีเรีย
- ปริมาณอะซีแนพธินในชุดทดลองโคเมตาบอลิสมที่มีแบคทีเรีย
- ▲ ปริมาณอะซีแนพธินในชุดควบคุมที่มีแบคทีเรีย
- × จำนวนแบคทีเรียในชุดควบคุมที่มีอะซีแนพธิน
- * จำนวนแบคทีเรียในชุดทดลองโคเมตาบอลิสม
- จำนวนแบคทีเรียในชุดควบคุมไม่มี PAHs ใดๆ

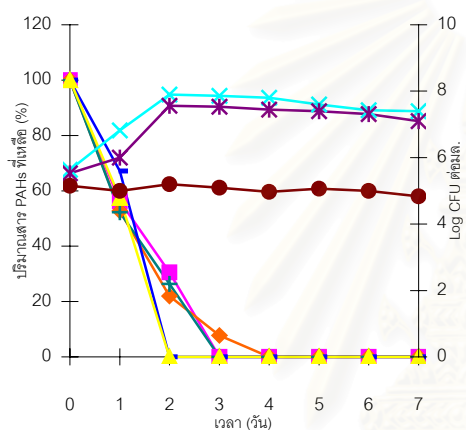
รูปที่ 4.20 การเจริญของ *Sphingomonas* sp. สายพันธุ์ SP2 เมื่อย่อยสลาย อะซีแนพธินที่แปรผันความเข้มข้น แบบโคเมตาบอลิสม



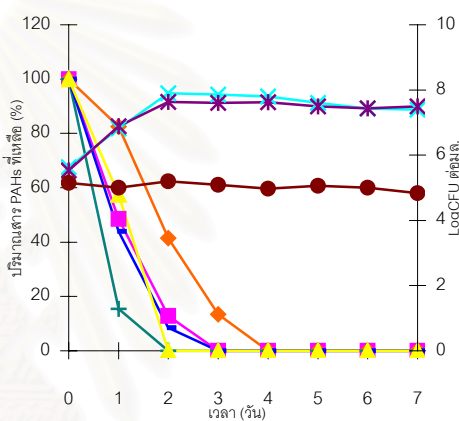
ก. ความเข้มข้น 250 มก.ต่อลิตร



ข. ความเข้มข้น 200 มก.ต่อลิตร



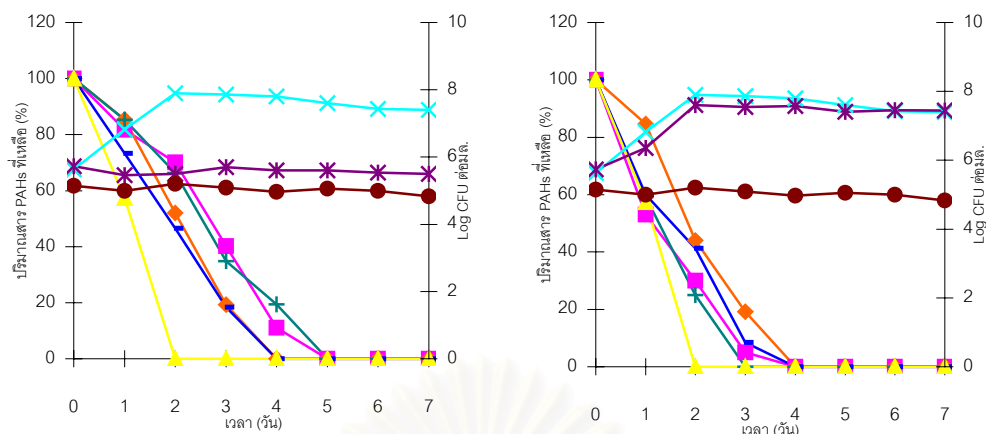
ค. ความเข้มข้น 150 มก.ต่อลิตร



ง. ความเข้มข้น 100 มก.ต่อลิตร

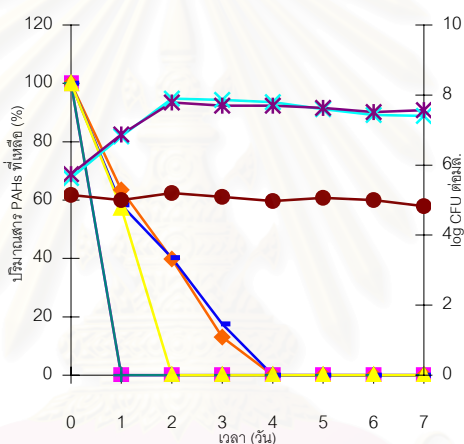
- ปริมาณ PAHs ชนิดทดสอบ ในชุดควบคุมโคเมตาบอลิสมไม่มีแบคทีเรีย
- ◆ ปริมาณอะซีแนพธินในชุดควบคุมโคเมตาบอลิสมไม่มีแบคทีเรีย
- + ปริมาณ PAHs ชนิดทดสอบ ในชุดทดลองโคเมตาบอลิสมที่มีแบคทีเรีย
- ปริมาณอะซีแนพธินในชุดทดลองโคเมตาบอลิสมที่มีแบคทีเรีย
- ▲ ปริมาณอะซีแนพธินในชุดควบคุมที่มีแบคทีเรีย
- × จำนวนแบคทีเรียในชุดควบคุมที่มีอะซีแนพธิน
- * จำนวนแบคทีเรียในชุดทดลองโคเมตาบอลิสม
- จำนวนแบคทีเรียในชุดควบคุม ไม่มี PAHs ใดๆ

รูปที่ 4.21 การเจริญของ *Sphingomonas* sp. สายพันธุ์ SP2 เมื่อย่อยสลาย
 แนพธาลีนที่แปรผันความเข้มข้น แบบโคเมตาบอลิสม



ก. ความเข้มข้น 75 มก. ต่อดิตร

ข. ความเข้มข้น 50 มก. ต่อดิตร



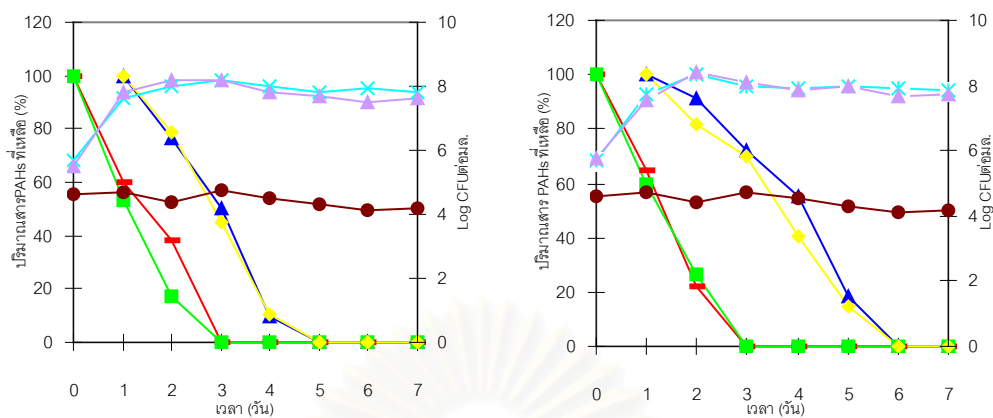
ค. ความเข้มข้น 25 มก. ต่อดิตร

- ปริมาณ PAHs ชนิดทดสอบในชุดควบคุมโคเมตาบอลิสมไม่มีแบคทีเรีย
- ◆ ปริมาณอะซีแนพธิน ในชุดควบคุมโคเมตาบอลิสมไม่มีแบคทีเรีย
- + ปริมาณ PAHs ชนิดทดสอบ ในชุดทดลองโคเมตาบอลิสมที่มีแบคทีเรีย
- ปริมาณอะซีแนพธิน ในชุดทดลองโคเมตาบอลิสมที่มีแบคทีเรีย
- ▲ ปริมาณอะซีแนพธิน ในชุดควบคุมที่มีแบคทีเรีย
- × จำนวนแบคทีเรียในชุดควบคุมที่มีอะซีแนพธิน
- * จำนวนแบคทีเรียในชุดทดลองโคเมตาบอลิสม
- จำนวนแบคทีเรียในชุดควบคุม ไม่มี PAHs ใดๆ

รูปที่ 4.22 การเจริญของ *Sphingomonas* sp. สายพันธุ์ SP2 เมื่อย่อยสลาย ไดเบนโซฟูแรนที่แปรผันความเข้มข้น แบบโคเมตาบอลิสม

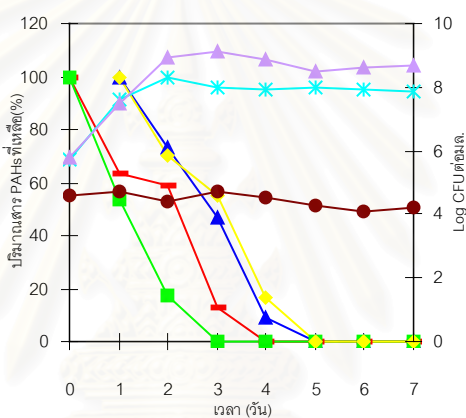
4.6.3 การยับยั้งการเจริญของ *Sphingomonas* sp. สายพันธุ์ SP2 เมื่อย่อย สลายเนพธาลีน อะซีแนพธิตินและไดเบนโซฟูแรน แบบโคเมตาบอลิสม

จากผลการทดลองข้อ 4.6.2 เนพธาลีน, อะซีแนพธิติน และไดเบนโซฟูแรน ยับยั้งการใช้
อะซีแนพธิตินสำหรับการเจริญ ของ *Sphingomonas* sp. สายพันธุ์ SP2 นั้น เพื่อให้ได้ข้อมูลมากยิ่งขึ้น
ขึ้น ว่าการยับยั้งเกิดในช่วงใด จึงทดลองโดยเลี้ยง *Sphingomonas* sp. สายพันธุ์ SP2 ที่มีอะซี
แนพธิตินอยู่ด้วย เป็นเวลา 24 ชม. ซึ่งเป็นช่วง mid log การเจริญของ *Sphingomonas* sp. สาย
พันธุ์ SP2 ที่มีการสร้างเอนไซม์ที่จำเป็นต่อการเจริญ (Schocken และ Gibson, 1984) จากนั้น
เติม เนพธาลีน อะซีแนพธิติน และไดเบนโซฟูแรน ความเข้มข้น 100 มก.ต่อลิตร แต่ละค่าลงไป
และดูการเจริญของเชื้อควบคู่กับการใช้อะซีแนพธิติน พบว่าหากเชื้อ *Sphingomonas* sp. สาย
พันธุ์ SP2 เจริญถึงช่วง mid log ซึ่งมีการสร้างเอนไซม์ต่างๆ ที่จำเป็นแล้ว PAHs ทั้ง 3 ชนิด (เนพ
ธาลีน อะซีแนพธิติน และ ไดเบนโซฟูแรน) จะไม่สามารถยับยั้งการเจริญและการใช้อะซีแนพธิติน
ได้ ดังนั้นกลไกการยับยั้งจึงน่าจะอยู่ในระยะต้นของการเจริญ โดยอาจยับยั้งเอนไซม์หลักในช่วง
ต้นของการย่อยสลายอะซีแนพธิติน



ก. แนนพธาลีน

ข. ไดเบนโซฟูแรน



ค. อะซีแนพทิลีน

- ▲ ปริมาณ PAHs ชนิดทดสอบ ในชุดทดลองโคเมตาบอลิซึม ที่เติมหลังเลี้ยงเชื้อ 24 ชม.
- ปริมาณอะซีแนพทิลีน ในชุดทดลองโคเมตาบอลิซึม
- ปริมาณอะซีแนพทิลีน ในชุดควบคุม ที่มีแบคทีเรีย 'ไม่เติม PAHs ชนิดทดสอบ
- ปริมาณ PAHs ชนิดทดสอบ ในชุดควบคุมที่ไม่มีแบคทีเรีย
- ▲ จำนวนแบคทีเรีย ในชุดควบคุม 'ไม่เติม PAHs ชนิดทดสอบ
- × จำนวนแบคทีเรีย ในชุดทดลอง 'เติม PAHs ชนิดทดสอบ หลังเลี้ยงเชื้อ 24 ชม.
- จำนวนแบคทีเรีย ในชุดควบคุม 'ไม่มี PAHs ใดๆ

รูปที่ 4.23 การเจริญของ *Sphingomonas* sp. สายพันธุ์ SP2 แบบโคเมตาบอลิซึม โดยเติมแนนพธาลีน, ไดเบนโซฟูแรน และ อะซีแนพทิลีน ภายหลังการเจริญของแบคทีเรีย

บทที่ 5

สรุปและวิจารณ์ผลการทดลอง

สาร PAHs เป็นสารประกอบอินทรีย์ที่โครงสร้างซับซ้อน ละลายน้ำได้น้อย จุลินทรีย์ทั่วไปจึงไม่สามารถย่อยสลายหรือนำสารดังกล่าวมาเป็นแหล่งคาร์บอนและพลังงาน ดังนั้นการคัดเลือกแบคทีเรียที่สามารถย่อยสลายสาร PAHs ได้ จึงจำเป็นต้องนำแบคทีเรียที่เคยอยู่ในสิ่งแวดล้อมที่มีการปนเปื้อนสารประกอบอินทรีย์ในกลุ่มนี้เป็นเวลานาน ซึ่งแบคทีเรียที่อาศัยอยู่ในบริเวณนั้นจะมีการปรับตัวเพื่ออยู่รอดและมีกิจกรรมต่าง ๆ โดยเฉพาะการพัฒนากระบวนการเมแทบอลิซึมเพื่อย่อยสลายสาร PAHs (Cemiglia, 1992) การคัดเลือกเพื่อให้ได้แบคทีเรียที่มีความสามารถสูงในการย่อยสลายสาร PAHs จำต้องมีขั้นตอนการเพิ่มจำนวนแบคทีเรีย (enrichment) (Stringfellow และ Michael, 1995) โดยให้แบคทีเรียมีการปรับตัว (adaptation) หรือสร้างความคุ้นเคย (acclimatisation) ในการย่อยสลายสาร PAHs และใช้เป็นแหล่งคาร์บอนและพลังงานเพียงแหล่งเดียว (Wilson และ Jones, 1993) การถ่ายเชื้อ 5 ครั้งติดต่อกันเป็นวิธีที่ใช้ในการเพิ่มจำนวนแบคทีเรีย ดังจะเห็นได้จากระยะเวลาการเพิ่มจำนวนของแบคทีเรียและการเปลี่ยนสีของอาหารเลี้ยงเชื้อเหลว CFMM ในการถ่ายเชื้อแต่ละครั้งจะใช้ระยะเวลาสั้นลงตามลำดับครั้งของการถ่ายเชื้อ

จากการคัดเลือกแบคทีเรียที่สามารถย่อยสลายสาร PAHs จากน้ำเสียที่มีการปนเปื้อนสารปิโตรเคมี น้ำมัน น้ำมันเครื่อง ในอุตสาหกรรมเรือพระจุลจอมเกล้า จ. สมุทรปราการ กลุ่มแบคทีเรียจากตัวอย่างน้ำทั้ง 7 แหล่ง ส่วนใหญ่สามารถย่อยสลายพีแนทรีนได้ เนื่องจากพีแนทรีนเป็นสาร PAHs ที่มีน้ำหนักโมเลกุลต่ำ มีความสามารถในการละลายได้ดี มีโครงสร้างโมเลกุลเป็นมุมงอ ที่มีทั้งบริเวณเบย์ (Bay region) และบริเวณเค (K region) (Narro และคณะ, 1992) ซึ่งเป็นบริเวณที่ออกซิเจนเข้าไปจับและเร่งให้เกิดกระบวนการย่อยสลาย จากโครงสร้างดังกล่าวจึงเอื้อต่อการถูกย่อยสลายโดยจุลินทรีย์

กลุ่มแบคทีเรียที่ได้จากน้ำเสียในบ่อซ่อมบำรุงเรือ (บ่อลอย 1) มีความสามารถในการย่อยสลายสาร PAHs ได้ 4 ชนิด ได้แก่ อะซีแนพทีน พีแนทรีน ฟลูออรีนและฟลูออเรนทีน กลุ่มแบคทีเรียดังกล่าวประกอบด้วยแบคทีเรีย 3 สายพันธุ์ SP1 SP2 และ SP3 เป็นแบคทีเรียแกรมลบ รูปร่างแท่ง ทั้ง 3 สายพันธุ์ เมื่อนำแบคทีเรียแต่ละสายพันธุ์ ทดสอบการย่อยสลายสาร PAHs อีกครั้ง มีเพียงแบคทีเรียสายพันธุ์ SP2 เท่านั้น ที่สามารถย่อยสลายสาร PAHs ได้ โดยสามารถย่อยสลายอะซีแนพทีนได้เพียงชนิดเดียว ในปี 1996 Tongpim และ Pickard สามารถคัดเลือกแบคทีเรีย *Rhodococcus* sp. สายพันธุ์ S1 จากดินที่ปนเปื้อนจากครีโอสต ซึ่งสามารถย่อยสลายแอนทราซีน

ได้เพียงชนิดเดียว ซึ่งแสดงว่าแบคทีเรียสายพันธุ์ SP2 สามารถสร้างเอนไซม์เริ่มต้นที่ใช้ในกระบวนการย่อยสลายมีความจำเพาะต่ออะซีแนฟทีน (narrow substrate specificity enzyme) ซึ่งแตกต่างจากออกซิจีเนสทั่วไป ที่สามารถย่อยสลายสับสเตรตได้หลายชนิด (broad specificity enzyme) (Grifoll และคณะ, 1995) เนื่องจากยังมีการศึกษาการย่อยสลายอะซีแนฟทีน เพียงเล็กน้อย ทั้งในประเทศไทยและต่างประเทศ อีกทั้งในไทยพบการปนเปื้อนอะซีแนฟทีน ในอากาศ (กรมควบคุมมลพิษ, 2541) และน้ำทะเล (พรศรี, 2533) จึงเป็นประโยชน์ที่จะศึกษาการย่อยสลายอะซีแนฟทีนของแบคทีเรียสายพันธุ์ SP2 ดังนั้นจึงได้เลือกแบคทีเรียสายพันธุ์ SP2 ไปจำแนกชนิดทางอนุกรมวิธาน และใช้ในการศึกษาการย่อยสลายอะซีแนฟทีน

แบคทีเรียสายพันธุ์ SP2 จัดอยู่ในกลุ่ม *Sphingomonas* เมื่อจำแนกอนุกรมวิธานโดยใช้ลักษณะทางสัณฐานวิทยาและการทดสอบทางชีวเคมี ร่วมกับการวิเคราะห์ลำดับนิวคลีโอไทด์ 16 เอส ไรโบไซม์ดีเอ็นเอ จากผลการทดสอบทางชีวเคมี *Sphingomonas* sp. สายพันธุ์ SP2 ไม่สามารถเจริญและใช้น้ำตาลชนิดใดเลย Grifoll และคณะ (1994) คัดแยก *Pseudomonas* sp. สายพันธุ์ F274 จากดินที่มีการปนเปื้อน ครีโอสต์ สามารถย่อยสลายฟลูออรีน และใช้เป็นแหล่งคาร์บอนและพลังงาน แบคทีเรียดังกล่าวไม่สามารถเจริญและใช้น้ำตาล กลูโคส อะราบิโนส แมนนิทอล มอลโตส และ ฟรุคโตสได้

งานวิจัยมากมายที่รายงานว่แบคทีเรียสายพันธุ์ *Sphingomonas* สามารถย่อยสลายสาร PAHs ได้หลายชนิด เช่น

Shi และคณะ (2001) รายงานว่า *Sphingomonas aromaticivorans* B0695 สามารถย่อยสลาย อะซีแนฟทีน แอนทราซีน พีแนนทรีน ฟลูออแรนทีน 2, 3-เบนโซฟลูออรีน 2-เมทิลไดเบนโซลีนและ 2,3-ไดเมทิลไดเบนโซลีน เป็นแหล่งคาร์บอนและพลังงานในการเจริญ

ณัฐพันธุ์ (2542) รายงานว่า *Sphingomonas* sp. สายพันธุ์ P2 สามารถย่อยสลายแอนทราซีน พีแนนทรีน ฟลูออแรนทีน อะซีแนฟทีน ฟลูออรีน ไดเบนโซฟูแรน และแนพทาลีน เป็นแหล่งคาร์บอนและพลังงานในการเจริญ

พจนีย์ (2542) รายงานว่า *Sphingomonas* sp. สายพันธุ์ ANT1 สามารถย่อยสลายแอนทราซีน พีแนนทรีน ไดเบนโซฟูแรน ฟลูออรีน และแนพทาลีน เป็นแหล่งคาร์บอนและพลังงานในการเจริญ

Kim และZylstra (1999) รายงานว่า *Sphingomonas yanoikuyae* B1 สามารถย่อยสลาย ไบฟีนิล เอม-ไซลีน แอนทราซีน พีแนนทรีน และแนพทาลีน เป็นแหล่งคาร์บอนและพลังงานในการเจริญ

Ye และคณะ (1996)) รายงานว่า *Sphingomonas paucimobilis* EPA 505 สามารถย่อยสลายสาร PAHs ได้หลายชนิดคือ แอนทราซีน พีแนนทรีน และแนพทาลีน โดยเฉพาะอย่างยิ่ง

สามารถย่อยสลาย PAHs ที่มีน้ำหนักโมเลกุลสูง ฟลูออแรนทีน และไพรีนเป็นแหล่งคาร์บอนและพลังงานได้โดยตรง

Bunz และ Cook (1993) รายงานว่า *Sphingomonas* sp. สายพันธุ์ RW1 สามารถย่อยสลายไดเบนโซฟลูออแรน และไดเบนโซพาราไดออกซิน (dibenzo(p)dioxin) เป็นแหล่งคาร์บอน และพลังงานได้โดยตรง

จากการรายงานข้างต้นสามารถกล่าวได้ว่าเชื้อแบคทีเรียสกุล *Sphingomonas* ที่พบได้ในสิ่งแวดล้อม มีบทบาทสำคัญอย่างยิ่งในการย่อยสลายสารพิษอันตรายต่างๆ ในธรรมชาติ แบคทีเรียสกุลนี้สามารถย่อยสลายสารพิษอันตรายต่างๆ ได้ดีกว่าแบคทีเรียกลุ่มอื่น อาจมีสาเหตุมาจากแบคทีเรียเป็นแกรมลบ มีผนังเซลล์ (cell wall) 2 ชั้น ชั้นนอก (outer membrane) และ ชั้นใน (inner membrane) ที่ประกอบด้วยไขมัน ไลโปโปรตีน ไลโปพอลิแซคคาไรด์ ฟอสโฟไลปิด ซึ่งเป็นส่วนที่ไม่ชอบน้ำ (hydrophobic) และมีสฟิงโกไลปิด (sphingolipid) ซึ่งมีโครงสร้างประกอบด้วยน้ำตาลกรดกลูคูโรนิก (glucuronic acid) และกรดไขมัน 2 -ไฮดรอกซีไมริสติก (2-hydroxymyristic) อยู่ในส่วนไขมันของชั้นเซลล์เมมเบรน (cell membrane) ทำให้แบคทีเรียสามารถจับและดูดซับสารพิษอันตรายที่ไม่ละลายน้ำให้เข้าสู่เซลล์ได้ดีกว่าแบคทีเรียสกุลอื่น (Harayama, 1997) นอกจากนี้ยังสามารถสร้าง bioemulsifer ซึ่งจะเพิ่มพื้นที่ผิวของสาร PAHs ให้แบคทีเรียสัมผัสได้ดีขึ้น (Tiehm และคณะ, 1994)

เมื่อเลี้ยงเชื้อ *Sphingomonas* sp. สายพันธุ์ SP2 ในอาหารเหลว CFMM ที่มีอะซีแนพทีนพบว่าแบคทีเรียนี้สามารถเปลี่ยนสีอาหารเหลวจากไม่มีสีไปเป็นสีเหลืองได้อย่างรวดเร็ว การเปลี่ยนสีของอาหารเลี้ยงเชื้อไปเป็นสีเหลือง แสดงให้เห็นว่าแบคทีเรียสายพันธุ์นี้อาจใช้กระบวนการย่อยสลายอะซีแนพทีนโดยอาศัยกิจกรรมของออกซีจีเนสในการเปลี่ยนอะซีแนพทีนไปเป็นสารมัธยันตร์ที่มีโครงสร้างคล้ายคลึงกับคาทีคอล (catechol, like compounds) หรือสารมัธยันตร์แบบ meta-ring clavage ซึ่งการสะสมของสารมัธยันตร์ทั้ง 2 แบบนี้มักเป็นสาเหตุที่ทำให้อาหารเลี้ยงเชื้อเปลี่ยนไปเป็นสีเหลือง (Mueller และคณะ, 1989)

Sphingomonas sp. สายพันธุ์ SP2 สามารถย่อยสลายอะซีแนพทีนที่ความเข้มข้น 100 300 500 700 และ 900 มก.ต่อลิตร ได้ภายใน 3 3 4 5 และ 6 วัน ตามลำดับ โดยพบว่า การเจริญที่ความเข้มข้น 500 – 900 มก.ต่อลิตร จำนวนเซลล์ไม่แตกต่างกัน แต่จะพบการเจริญในช่วง lag phase เมื่อเจริญด้วยอะซีแนพทีนที่ความเข้มข้น 700 และ 900 มก.ต่อลิตร

Keuth และ Rehm (1991) รายงานว่า เมื่อเพิ่มปริมาณพีแนทรีนในอาหารทำให้เชื้อ *Arthobacter polychromogenes* มีการเจริญและการย่อยสลายเพิ่มขึ้น เนื่องจากปริมาณพีแนทรีนในอาหารสูงขึ้น ทำให้มีพื้นที่ผิวมากขึ้นและนำไปใช้ได้ง่าย แต่ Juhasz และคณะ (1997) พบว่าแบคทีเรียที่ย่อยสลายไพรีนสายพันธุ์ VUN 10001 VUN 10002 และ VUN 10003

สามารถเจริญได้ เมื่อความเข้มข้นของไพรินสูงขึ้น จาก 250-1,000 มก.ต่อลิตร ขณะที่การย่อยสลายไพรินลดลง โดยเชื้อจะหยุดใช้ไพรินที่ความเข้มข้นเริ่มต้นประมาณ 400 มก.ต่อลิตร อาจเกิดจากสารมัธยันตร์ที่สะสมอยู่เป็นพิษ สำหรับ *Sphingomonas* sp. สายพันธุ์ SP2 สารมัธยันตร์ที่เกิดจากการย่อยสลายอะซีแนพธินนั้น ไม่มีความเป็นพิษต่อเซลล์ ทำให้สามารถย่อยสลายอะซีแนพธินต่อได้จนหมด และไม่พบการลดลงของเซลล์ในระหว่างการย่อยสลาย

ส่วนการที่พบว่าปริมาณอะซีแนพธินในชุดควบคุมที่ไม่เติมเชื้อลดลงไปในระหว่างการทดลองนั้นมีผลมาจากการระเหิดกลายเป็นไอได้ โดย Bossert และ Bartha (1986) รายงานว่าอะซีแนพธินและสาร PAHs ที่มีวงเบนซีน 3 วง จะสูญหายได้อย่างรวดเร็วภายในดินซึ่งจะไม่สามารถวัดปริมาณอะซีแนพธินในชุดควบคุมที่ไม่เติมเชื้อได้ หลังจากการเลี้ยงเชื้อเป็นเวลา 16 เดือน

การย่อยสลายอะซีแนพธินที่ความเข้มข้นต่ำ (100 มก.ต่อลิตร) จะพบสารมัธยันตร์เพียง 2 ชนิด แต่เมื่อเพิ่มปริมาตรเป็น 300 และ 500 มก.ต่อลิตร จะพบสารมัธยันตร์เพิ่มขึ้นเป็น 4 ชนิด แสดงว่าการเพิ่มปริมาตรของสับสเตรต มีผลทำให้สามารถพบทั้งปริมาณและชนิดของสารมัธยันตร์เพิ่มมากขึ้น แต่ถ้ามากเกินไป (700 -900 มก.ต่อลิตร) จะทำให้เชื้อใช้สับสเตรตเพียงบางส่วน ดังจะเห็นจากโครมาโตแกรม TLC จะยังพบแถบอะซีแนพธินในวันที่ 7 ของการเจริญ และเชื้อจะสร้างสารมัธยันตร์หลักที่จำเป็นต่อการเจริญเท่านั้น นอกจากนี้ ถ้าเพิ่มปริมาณของอาหารเลี้ยงเชื้อ (up scale) จาก 5 มล. จากการทดลองข้อ 3.4.1 เป็น 10 มล. ในการทดลองข้อ 3.4.2 จะพบสารมัธยันตร์เพิ่มขึ้น เป็น 6 ชนิด โดยตลอดระยะเวลาของการทดลอง จะพบสารมัธยันตร์หลัก 3 ชนิดเสมอ ไม่ว่าจะเพิ่มความเข้มข้นของสับสเตรต หรือเพิ่มปริมาณของอาหารเลี้ยงเชื้อ และจะมีปริมาณมากกว่า สารมัธยันตร์ 3 ชนิดที่เหลือ สารมัธยันตร์หลักทั้ง 3 ชนิด ได้แก่ A B และ C ที่มีค่า R_f เท่ากับ 0.63 0.41 และ 0.25 ตามลำดับ จากการวิเคราะห์ด้วย analytical TLC และมีค่ารีเทนชันไทม์ (R_t) เท่ากับ 2.71, 1.98 และ 1.63 นาที ตามลำดับ จากการวิเคราะห์ด้วย HPLC

การย่อยสลายอะซีแนพธิน โดยวิธีทางชีวภาพ จุลินทรีย์จะมีวิธีการย่อยสลายคล้ายคลึงกัน โดยอาศัยโมโนออกซีจีเนส เดิมออกซิเจน 1 โมเลกุลเข้าที่คาร์บอนตำแหน่งที่ 1 บนวงไซโคลเพนเทน ได้แอลกอฮอล์และคีโตน ตามลำดับ จากการศึกษาในอดีตแบคทีเรียจะย่อยสลายอะซีแนพธินได้สารมัธยันตร์ที่ไม่สามารถย่อยสลายได้ต่อ (dead end metabolite) เช่น อะซีแนพธินควิโนน (Schocken และ Gibson, 1984) หรือ กรดแนพธาลิน 1, 8- ไดคาร์บอกซิลิก (Selifonov และคณะ, 1996) การคัดแยกสารมัธยันตร์ที่เกิดขึ้นระหว่างการย่อยสลายอะซีแนพธินโดย *Sphingomonas* sp. สายพันธุ์ SP2 นั้น พบสารมัธยันตร์ที่มีค่า R_f และ R_t ตรงกับ อะซีแนพธินควิโนน และกรดแนพธาลิน 1,8- ไดคาร์บอกซิลิก แต่ถึงแม้ว่าจะยังไม่สามารถบอกชนิดของสาร

มัยยัณตร์ดังกล่าวได้ แต่ข้อมูลที่ได้นี้พอจะบอกได้ว่า แบคทีเรีย *Sphingomonas* sp. สายพันธุ์ SP2 มีวิธีการย่อยสลายเหมือนกับการรายงานในในอดีต (Selifonov และคณะ, 1996) และมีความเป็นไปได้ที่ *Sphingomonas* sp. สายพันธุ์ SP2 สามารถย่อยสลายและใช้อะซีแนฟทีนเป็นแหล่งคาร์บอนและพลังงานในการเจริญ ซึ่งจำเป็นต้องมีการศึกษาวิธีการย่อยสลายอะซีแนฟทีน อย่างละเอียดในอนาคตต่อไป โดยมีข้อมูลเบื้องต้นจากการวิเคราะห์สารมัยยัณตร์ที่กล่าวมาในช่วงต้น ที่พบสารมัยยัณตร์ 6 ชนิด แต่สามารถแยกได้เพียง 3 ชนิด แต่ไม่สามารถบอกชนิดของสารได้ ส่วนสารมัยยัณตร์อีก 3 ชนิดที่เหลือ มีปริมาณน้อยมาก จนไม่สามารถคัดแยกออกมาได้ แต่ถ้าจะต้องศึกษาอาจจะเพิ่มปริมาณของอาหารเลี้ยงเชื้อเหลวมากขึ้น

การย่อยสลายสาร PAHs แบบโคเมตาบอลิซึม เป็นกลไกสำคัญที่ช่วยในการย่อยสลายสารได้มากขึ้นหรือสามารถย่อยสลายสารที่มีน้ำหนักโมเลกุลสูง ซึ่งเชื้อไม่สามารถย่อยสลายเพื่อใช้เป็นแหล่งคาร์บอนและพลังงานได้โดยตรง โดยมีรายงานที่พบว่าการเติมสารตั้งต้นที่จุลินทรีย์ใช้ในการเจริญได้โดยตรงร่วมกับสารที่จุลินทรีย์นั้นย่อยสลายไม่ได้ จะเพิ่มประสิทธิภาพให้จุลินทรีย์นั้นย่อยสลายสาร PAHs ดังกล่าวได้ (Weissenfels และคณะ, 1991)

Jahasz และคณะ (1996) รายงานว่าเชื้อ *Burkholderia cepacia* ที่ปกติไม่สามารถย่อยสลายสารที่มีน้ำหนักโมเลกุลสูง แต่สามารถย่อยสลายไดเบนซ์ [เอ,เอช]แอนทราซีน และไดเบนโซ [เอ]ไพรีน ได้ เมื่อเติมพีแนนทรีนลงไปในการเลี้ยงเชื้อร่วมกับสารทั้ง 2 ชนิด

Weissenfels และคณะ (1991) รายงานว่าเชื้อ *Alcaligenes denitrificans* สายพันธุ์ WW1 สามารถย่อยสลายฟลูออแรนทีน แนพทาลีน พีแนนทรีน และแอนทราซีน เป็นแหล่งคาร์บอนและพลังงานได้ และสามารถย่อยสลายไพรีน ฟลูออรีน และเบนโซ [เอ]แอนทราซีน เมื่อย่อยสลายแบบโคเมตาบอลิซึม โดยมีฟลูออแรนทีนเป็นแหล่งคาร์บอนและพลังงาน

แต่อย่างไรก็ตาม การย่อยสลายแบบโคเมตาบอลิซึมระหว่างสารประกอบในกลุ่ม PAHs อาจไม่ได้ผลดีเสมอไป Bouchez และคณะ (1995) ได้สรุปการย่อยสลาย PAHs ของแบคทีเรียโดยที่มี PAHs 2 ชนิดผสมกันว่าอาจเป็นไปได้ในรูปแบบของการย่อยสลายดังต่อไปนี้

1. การย่อยสลายแบบโคเมตาบอลิซึมแบบพึ่งพากัน (synergistic co-metabolism)
2. การย่อยสลายที่ไม่ได้เกิดจากโคเมตาบอลิซึม (no co-metabolism)
3. การย่อยสลาย PAHs ทีละชนิด (preferential substrate utilization)
4. การยับยั้งการย่อยสลาย PAHs ชนิดอื่น (inhibition of PAH degradation)

การย่อยสลายแบบโคเมตาบอลิซึมทั้ง 4 แบบจะแตกต่างกันไปโดยขึ้นอยู่กับสายพันธุ์ของจุลินทรีย์และชนิดของ PAHs ที่ใช้เป็นสารทดสอบร่วมกัน

Bouchez และคณะ (1995) ได้รายงานความสามารถในการย่อยสลายฟลูออแรนทีนและไพรีนของ *Rhodococcus* sp. จะถูกยับยั้งเมื่อมีการเติมพีแนนทรีนลงไปในการเลี้ยงเชื้อร่วม

กับฟลูออแรนธินและไพรีน ซึ่งลักษณะดังกล่าวอาจเป็นผลมาจากการที่พีแนทรีนไปขัดขวางการชักนำกระบวนการสร้างเอนไซม์ที่ใช้ในการย่อยสลายฟลูออแรนธินหรือไพรีนของแบคทีเรียสายพันธุ์นี้

Tiehm และ Fritzsche (1995) รายงานว่าเชื้อ *Mycobacterium* sp. จะถูกยับยั้งการย่อยสลายไพรีนเมื่อมีฟลูออรีนผสมอยู่ในอาหารเลี้ยงเชื้อและอัตราการย่อยสลายพีแนทรีนจะลดลงเมื่อมีฟลูออรีน ไพรีน และ ฟลูออแรนธิน แต่ละชนิด ในอาหารเลี้ยงเชื้อ

Sphingomonas sp. สายพันธุ์ SP2 ถูกยับยั้งการเจริญโดย อะซีแนพทีลิน, แนพทาลีน และ ไดเบนโซฟูแรน ที่ความเข้มข้น 75 200 และ 75 มก.ต่อลิตร ตามลำดับ เมื่อย่อยสลายแบบโคเมตาบอลิสมที่มีอะซีแนพทีลินเป็นแหล่งคาร์บอนและพลังงาน โดยอะซีแนพทีลิน แนพทาลีน และไดเบนโซฟูแรน จะยับยั้งหรือขัดขวางการสร้างเอนไซม์เริ่มต้นที่จำเป็นต่อการย่อยสลายอะซีแนพทีลิน ดังจะเห็นได้จากผลการทดลองในข้อที่ 4.6.3 เมื่อปล่อยให้ *Sphingomonas* sp. สายพันธุ์ SP2 ย่อยสลายและใช้อะซีแนพทีลินในการเจริญ นาน 24 ชม. ซึ่งเป็นช่วงการเจริญ mid log phase ของ *Sphingomonas* sp. สายพันธุ์ SP2 ช่วงเวลานี้จะมีการสร้างเอนไซม์ที่จำเป็นต่อการย่อยสลายมากมายแล้ว (Schocken และ Gibson, 1984) เมื่อเติมอะซีแนพทีลิน, แนพทาลีน และ ไดเบนโซฟูแรน ลงในหลอด ชนิดละหลอด พบว่า *Sphingomonas* sp. สายพันธุ์ SP2 ยังสามารถย่อยสลายและใช้อะซีแนพทีลินในการเจริญได้ ซึ่งเทียบกับการทดลองที่เดิมสารทั้ง 2 ชนิดพร้อมกัน ตั้งแต่ต้น *Sphingomonas* sp. สายพันธุ์ SP2 จะไม่สามารถย่อยสลายอะซีแนพทีลินได้

Stringfellow และ Aitken (1995) รายงานว่าแนพทาลีน ฟลูออรีน 1-เมทิลแนพทาลีน และ 2-เมทิลแนพทาลีน มีผลยับยั้งแบบแข่งขันการย่อยสลายพีแนทรีนของแบคทีเรีย *Pseudomonas saccharophila* สายพันธุ์ P15 และ *P. stutzeri* สายพันธุ์ P16 โดยอาศัยหลักการของไลเนวีเวอร์-เบอร์ค ซึ่งสารทั้ง 4 ชนิด มีความสามารถในการละลายน้ำได้ดีกว่าพีแนทรีน ซึ่งมีผลต่อการแข่งขันการเข้าจับที่ตำแหน่งเร่ง (active site) ของออกซิจีเนส หรืออาจเกิดจากการไปขัดขวางการสร้างและขนส่งเอนไซม์

นอกจากนี้ยังมีการรายงานว่าแนพทาลีน มีผลยับยั้งการเจริญของ *Acidovorax delafieldii* และ *Sphingomonas paucimobilis* (Shuttleworth และ Cerniglia, 1996) และสำหรับสี่เหลี่ยมแกรมน้ำเงิน *Agmenellum quadruplicatum* (Cerniglia และคณะ, 1993)

การยับยั้งแบบแข่งขัน จะเกิดขึ้นจากตัวยับยั้งไปจับกับเอนไซม์ตรงบริเวณเดียวกันกับที่สับสเตรตจับหรือจับที่คนละบริเวณกับที่สับสเตรตจับ แต่การจับของตัวยับยั้งกับเอนไซม์จะมีผลทำให้เอนไซม์ไม่สามารถจับสับสเตรตได้ ตัวสับสเตรตแบบแข่งขันนี้อาจเป็นสารที่มีโครงสร้างคล้ายกับสับสเตรต หรือเป็นผลิตภัณฑ์ของปฏิกิริยา (พัชรา, 2541)

ดังนั้นการที่อะซีแนพธิน แนพธาลีน และ ไดเบนโซฟูแรนมีผลยับยั้งต่อการสร้างเอนไซม์ที่จำเป็นต่อการย่อยสลายอะซีแนพธิน เนื่องมาจากอะซีแนพธิน แนพธาลีน และ ไดเบนโซฟูแรนมีโครงสร้างใกล้เคียงกับอะซีแนพธิน โดยเฉพาะอะซีแนพธิน นอกจากนี้ยังมีความสามารถในการละลายน้ำได้มากกว่าอะซีแนพธิน โดยเฉพาะแอนพธาลีน สารทั้ง 3 ชนิด จึงแข่งขันการเข้าจับกับตำแหน่งเร่งได้ดีกว่าอะซีแนพธิน ส่งผลให้เอนไซม์ไม่สามารถทำงานได้

ผลการศึกษาทั้งหมดนี้ชี้ให้เห็นว่าการย่อยสลายสาร PAHs ในสิ่งแวดล้อม จะต้องมีความเข้าใจอย่างมากต่อการที่จะนำแบคทีเรียที่คัดแยกได้จากห้องปฏิบัติการไปใช้บำบัดในสิ่งแวดล้อมจริง แบคทีเรีย *Sphingomonas* sp. สายพันธุ์ SP2 มีความสามารถสูงในการย่อยสลายอะซีแนพธิน แต่ไม่มีความสามารถในการย่อยสลายสาร PAHs ชนิดอื่นทั้งโดยตรงและย่อยสลายแบบ โคเมตาบอลิสม อีกทั้งยังถูกยับยั้งการสร้างเอนไซม์ที่เกี่ยวข้องกับการย่อยสลายอะซีแนพธินโดย อะซีแนพธิน แนพธาลีน และ ไดเบนโซฟูแรน ซึ่งเป็นข้อเสียของแบคทีเรียชนิดนี้ แต่เป็นข้อดีในการที่จะนำแบคทีเรียดังกล่าวไปศึกษาในระดับพันธุศาสตร์ เนื่องจากสามารถสร้างออกซิจีเนสที่มีความจำเพาะสูงต่ออะซีแนพธิน ซึ่งแตกต่างจากออกซิจีเนสทั่วไป จากข้อมูลทั้งหมดนี้จะเป็นข้อมูลเบื้องต้นที่ใช้สำหรับแบคทีเรียที่มีศักยภาพในการย่อยสลายสาร PAHs ในประเทศไทย ซึ่งจะใช้พัฒนาไปใช้ในการบำบัดและฟื้นฟูสภาพแวดล้อมที่ปนเปื้อนจากสาร PAHs ต่อไปในอนาคต

สถาบันวิทยบริการ
จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

บทที่ 6

ข้อเสนอแนะในการวิจัย

6.1 แบคทีเรียบางชนิดจะมีความสามารถในการย่อยสลายสาร PAHs เมื่ออยู่ในสภาวะที่มีแบคทีเรียหลายชนิดอยู่ด้วยกัน (consortium) เท่านั้น ในกรณีนี้อาจมีการเติมปัจจัยที่มีผลต่อการเจริญจากภายนอกลงในอาหารที่ใช้คัดเลือก เช่น วิตามิน เพื่อเร่งการเจริญของแบคทีเรียที่มีความสามารถในการย่อยสลายสาร PAHs

6.2 การนำกลุ่มแบคทีเรียซึ่งเจริญด้วยฟลูออแรนธินที่เก็บอยู่ในอุณหภูมิ -70 หรือ -20 °ซ มาใช้ ควรกระตุ้นการเจริญโดยให้เจริญด้วยพีแนทรีนก่อน แล้วค่อยถ่ายเชื้อลงอาหารที่มีฟลูออแรนธิน

6.3 การวิเคราะห์สารมัธยันตร์ด้วยวิธี TLC และวิธี HPLC พบว่าสารมัธยันตร์หลายชนิดที่เกิดขึ้นมีค่า R_f และ ค่า R_f ใกล้เคียงกันมากซึ่งยากต่อการจำแนกว่าเป็นสารชนิดใด อาจทำการปรับเปลี่ยนระบบตัวทำละลายที่ใช้ในการชะให้เหมาะสม

6.4 การวิเคราะห์สารมัธยันตร์ เพื่อให้ทราบถึงวิธีการย่อยสลายอะซีแนพธินนั้น ควรเลี้ยงเชื้อในอาหารเหลวปริมาณมาก จึงจะสามารถคัดแยกสารมัธยันตร์ที่เกี่ยวข้องกับวิธีการย่อยสลายอะซีแนพธินทั้งหมดได้

6.5 งานวิจัยนี้เป็นการศึกษารายละเอียดที่สำคัญในเบื้องต้นของแบคทีเรีย *Sphingomonas* sp. สายพันธุ์ SP2 ในการย่อยสลายอะซีแนพธินและสาร PAHs ชนิดอื่น โดยผลการทดลองและข้อมูลที่ได้ในงานวิจัยนี้สามารถที่จะนำไปประยุกต์ใช้ได้ เช่น การหาวิถีเมตาบอลิซึมและสารมัธยันตร์ที่เกิดจากการย่อยสลาย ศึกษาหาแนวทางที่นำไปใช้ได้จริงในสิ่งแวดล้อม โดยการนำเชื้อแบคทีเรียนี้ไปทดสอบประสิทธิภาพในการย่อยสลายจริงในสิ่งแวดล้อม และการปรับปรุงสภาวะที่เหมาะสมเพื่อการอยู่รอดและการย่อยสลาย PAHs ของแบคทีเรียชนิดนี้ก่อนที่จะนำไปใช้จริงในดิน หรือการศึกษาในระดับพันธุศาสตร์และโมเลกุลที่เกี่ยวกับการย่อยสลายอะซีแนพธินและสาร PAHs ชนิดอื่นของแบคทีเรียสายพันธุ์นี้

รายการอ้างอิง

ภาษาไทย

กรมควบคุมมลพิษ. 2541. ของเสียอันตราย. บันทึกสีน้ำตาล รายงานสถานการณ์คุณภาพสิ่งแวดล้อม
ล้อม พศ. 2539 : 139-141.

กรมควบคุมมลพิษ. 2541. คุณภาพอากาศ. บันทึกสีน้ำตาล รายงานสถานการณ์คุณภาพสิ่งแวดล้อม
ล้อม พศ. 2539 : 2-6.

เครือข่ายความร่วมมือมหาวิทยาลัยไทยด้านการจัดการสิ่งแวดล้อม. 2542. การสำรวจและจัด
ลำดับความสำคัญของปัญหาสิ่งแวดล้อมจากอุตสาหกรรมที่ควรพัฒนางานวิจัยเพื่อแก้ไข.
วารสารสิ่งแวดล้อม. ปีที่ 3. ฉบับที่ 14. (กรกฎาคม-กันยายน).

ณัฐพันธุ์ ศุภกา. 2542. ความสามารถของแบคทีเรียดินที่คัดแยกได้ในการย่อยสลายพีแนน
ทรินและพอลิไซคลิกอะโรมาติกไฮโดรคาร์บอนชนิดอื่น. วิทยานิพนธ์ปริญญาโทมหาบัณฑิต.
คณะวิทยาศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย.

พจนีย์ จันทมาลี. 2542. ความสามารถของแบคทีเรียที่คัดแยกได้ในการย่อยสลายแอนทราซีนและ
พอลิไซคลิกอะโรมาติกไฮโดรคาร์บอนชนิดอื่น. วิทยานิพนธ์ปริญญาโทมหาบัณฑิต. คณะ
วิทยาศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย.

พรศรี สุทธนารักษ์. 2533. บีโตรเลียมไฮโดรคาร์บอนในสภาวะแวดล้อมทางทะเลบริเวณอุตสาหกรรม
กรรมแปรสภาพเรือเหล็กเก่า มาบตาพุด จังหวัดระยอง. วิทยานิพนธ์ปริญญาโทมหาบัณฑิต.
คณะวิทยาศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

พัชรา วีระกะลัส. 2541. เอนไซม์. พิมพ์ครั้งที่ 1. จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย. กรุงเทพฯ : 213-234.

ภาษาอังกฤษ

Alexander, M. 1967. Agriculture and the quality of our environment. American Association
for the advancement of Science . 331-342.

Alexander, M. 1994. Cometabolism. Biodegradation and Bioremediation. 177-195.

Annweiler E., Michaelis W. and Meckenstock U. 2001. Anaerobic cometabolic
conversion of benzothiophene by a sulfate-reducing enrichment culture and in a
tar –oil-contaminated aquifer. Appl. Environ. Microbiol. 67: 5077-5083.

Ashok, B. T. and Saxena, S. 1995. Biodegradation of polycyclic aromatic hydrocarbons-
a review. J. Sci. Ind. Res. 54 : 443-451.

- Ausubel, F. A., Brent, R., Kingston, R. E., Moore, D. D., Smith, J. A., and Struhl, K. 1999. Current protocols in molecular biology. 4th ed. New York, John Wiley & Sons.
- Baker, K. H., and Herson, D. S. 1994. Biodegradation pathways. In Bioremediation. pp. 21-60. Baker, K. H., and Herson, D. S. (ed.). New York, McGraw-Hill.
- Baver, J. E., and Capone, D. G. 1988. Effect of co-occurring aromatic hydrocarbons on degradation of individual polycyclic aromatic hydrocarbons in marine sediment slurries. Appl. Environ. Microbiol. 54:1649-1655.
- Blackall, L. L. 1999. Workshop on molecular Biology Techniques. September. 22-24 and 26-28, 1999, Thaksin University, Thailand. p-23, j1-j9.
- Boldrin, B., Tiehm, A., and Fritzsche, C. 1993. Degradation of phenanthrene, fluorene, fluoranthene and pyrene by a *Mycobacterium* sp. Appl. Environ. Microbiol. 59: 1927-1930.
- Boonchan, S., Britz, M. L., and Stanley, G. A., 2000. Degradation and mineralization of high-molecular-weight polycyclic aromatic hydrocarbons by defined fungal-bacterial cocultures. Appl. Environ. Microbiol. 66: 1007-1019.
- Bouchez, M., Blanchet, D., and Vandecasteele, J. P. 1995. Degradation of polycyclic aromatic hydrocarbons by pure strains and by defined strain association: inhibition phenomena and cometabolism. Appl. Microbiol. Biotechnol. 43: 156-164.
- Bugg, T., Foght, J. M., Pickard, M. A., and Gray, M. R. 2000. Uptake and active efflux of polycyclic aromatic hydrocarbons by *Pseudomonas fluorescens* LP6a. Appl. Environ. Microbiol. 66 : 5387-5392.
- Bunz, P. V., and Cook, A. M. 1993. Dibenzofuran 4,4a-dioxygenase from *Sphingomonas* sp. Strain RW1: angular dioxygenation by three-component enzyme system. J. Bacteriol. 175: 6467-6475.
- Cairns, H., and Nebeker, S. 1982. Toxicity of acenaphthene and isophorone to early life stages of fathead minnows. Arch. Environ. Contam. Toxicol. 11: 703-707.
- Cerniglia, C. E. 1992. Biodegradation of polycyclic aromatic hydrocarbons. Biodegradation. 3: 351-368. Cerniglia, C. E., Freeman, J. R., and Baulen, C. 1993. Metabolism and toxicity of 1- and 2-methylnaphthalene and their derivatives in cyanobacteria. Arch. Microbiol. 136: 177-183.

- Cerniglia, C. E., Morgan, J. C., and Gibson, D. T. 1979. Bacterial and fungal oxidation of dibenzofuran. Biochem.J. 180:175-185.
- Dalton, H., and Stirling, D. I. 1982. Cometabolism. Phil. Trans. R. Soc. Lond. Ser.B., 297: 481-496.
- Eaton, R. W., and Chapman, P. J. 1992. Bacterial metabolism of naphthalene: construction and use of recombinant bacteria to study ring cleavage of 1,2-dihydroxynaphthalene and subsequent reactions. J. Bacteriol. 174 : 7542-7554.
- Fuenmayor, S. L., Wild, M., Boyes, A. L., and Williams, P. A. 1998. A gene cluster encoding steps in conversion of naphthalene to gentisate in *Pseudomonas* sp. strain U2. J. Bacteriol. 180: 2522-2530.
- Grifoll, M., Casellas, M., Bayona, J. M., and Solanas, A. M. 1992. Isolation and characterization of a fluorene-degrading bacterium: identification of ring oxidation and ring fission products. Appl. Environ. Microbiol. 58: 2910-2917.
- Grifoll, M., Selifenov, S. A., and Chapman, P. J. 1994. Evidence for a novel pathway in the degradation of fluorene by *Pseudomonas* sp. strain F274. Appl. Environ. Microbiol. 60: 2438-2449.
- Grifoll, M., Selifenov, S. A., Galtin, C. V., and Chapman, P. J. 1995. Actions of a versatile fluorene-degrading bacterial isolate on polycyclic aromatic compounds. Appl. Environ. Microbiol. 61: 3711-3723.
- Grimmer, G. H., Bohnke, A., and Glaser. A.1977. Investigation on the carcinogenic burden by air pollution in marine polycyclic aromatic hydrocarbons in automobile exhaust gas-an inventory. Zentralb J. Bacteriol. Abt. I Orig. Reihe B.164: 218-234.
- Grosser, R. J., Warshawsky, D., and Yestal, J. R. 1991. Indigenous and enhanced mineralisation of pyrene, benzo[a]pyrene and carbazole in soil. Appl. Environ. Microbiol. 57: 3462-3469.
- Grund, E., Denecke, B., and Eichenlaub, R., 1992. Naphthalene degradation via salicylate and gentisate by *Rhodococcus* sp. strain B4. Appl. Environ. Microbiol. 58: 1874-1877.
- Harayama, S. 1997. Polycyclic aromatic hydrocarbon bioremediation design. Curr. Opin. Biotechnol. 8: 268-273.

- Holcombe, G. W., Phipps, G. L., and Fiantdt, J. T. 1983. Toxicity of selected priority pollutants to various aquatic organisms. Ecotoxicol. Environ. Saf. 7: 400-409
- Hopkins, R. P., Brooks, C. J. W., and Young, L. 1962. Biochemical studies of toxic agents. 13. The metabolism of acenaphthylene. Biochem. J. 82: 457-466.
- Hormisch, D., Kkoring, G. W., and Giffhorn, F. 2000. Degradation of acenaphthene and acenaphthylene by isolated bacteria and influence of fertilizers on the PAH degrading population in soil. Proc. Forum. Appl. Biotech. 11 : 157-160.
- Imshenetskii, A. A., Kondrateva, T. F., and Linkova, M. A. 1985. Mutagenic action of acenaphthene on haploid and diploid cultures of *Candida scottii*. Microbiol. 54: 360-362
- John, T., and Cookson, J. R. 1995., Bioremediation engineering design and application. 57-59.
- Jones, K. C., Stratford, J. A., Waterhouse, K. S., and Vogt, N. B. 1989. Organic contaminants in welsh soils : polynuclear aromatic hydrocarbons, Environ. Sci. Technol. 23 : 540-550.
- Juhasz, A. L., Britz, M. L., and Stanley, G. A. 1996. Degradation of high molecular weight polycyclic aromatic hydrocarbons by *Pseudomonas cepacia*. Biotech. Lett. 18: 577-582.
- Juhasz, A. L., Britz, M. L., and Stanley, G. A. 1997. Degradation of fluoranthene, pyrene, benz [a] anthracene and dibenz [a,h] anthracene by *Burkholderia cepacia*. J. Appl. Microbiol. 83: 189-198.
- Jacobson, S. N., OMara, N. L., and Alexander M. 1990. Evidence for cometabolism in sewage . Appl. Environ. Microbiol. 40 :917-921
- Kanaly, R. A., and Harayama, S. 2000. Biodegradation of high- molecular-weight polycyclic aromatic hydrocarbons by Bacteria. Bacteriol. J. 182 : 2059- 2097.
- Keuth, S., and Fehm, H-J. 1991. Biodegradation of phenanthrene by *Arthrobacter polychromogenes* isolated from a contaminated soil. Appl. Micro. Biotec. 34: 804-808.
- Kim, E., and Zylstra, G. J. 1999. Functional analysis of genes involed in biphenyl, naphthalene, phenanthrene, and *m*- xylene degradation by *Sphingomonas yanoikuyae* B1. J. Ind. Micobiol. Biotech. 23 : 294-302.

- Kim, E, Zylstra, G. J., Freeman, J. P., Heinze, T. M., Deck, J., and Cerniglia, C. E. 1997. Evidence for the role of 2-hydroxychromene-2-carboxylate isomerase in the degradation of anthracene by *Sphingomonas yanoikuyae* B1 . FEMS. Microbiol.Lett. 153: 479-484.
- Kiyohara, J., Sara, T., and Fuko, J. 1972 Pathway of bacterial metabolism of phenanthrene. Dev. Ind. Microbiol. 14: 198-206.
- Komatsu, T., Omori, T., and Kodama, T. 1993. Microbial degradation of the polycyclic aromatic hydrocarbons acenaphthene and acenaphthylene by a pure bacterial culture. Biosci. Biotech. Biochem. 57: 864-865.
- Lederer, W. H.1985. Acenaphthene. In Regulatory Chemicals of Health and Environmental Concern. P. 1., Lederer, W. H. (ed.). Van Nostrand Reinhold company.
- Lee, S., and Cutright, T. J. 1996. Nutrient medium for the bioremediation of polycyclic aromatic hydrocarbons contaminated soils. Environ. Sci. Technol. 14:1524-1528.
- Mark, R. E., Field, S. D., Wojtanowic, and Britenbeck, G. A. 1992. Biological treatment of petrochemical waste for removal of hazardous polynuclear aromatic hydrocarbon constituents. Water. Sci. Tech. 3 : 213-220.
- Mattox, C. F., and Humanick, M. J. 1980. Organic groundwater contaminants from UCG. In situ. 4: 129-151.
- Means, J. C., Ward, S. G., Hassett, J. J., and Banwart, W.L., 1980. Sorption of polynuclear aromatic hydrocarbons by sediments and soil. Environ. Sci. Technol. 14: 1524-1528.
- Merce, C., Grifoll, M., and Josep, M. B. 1997. New metabolites in the degradation of fluorene by *Arthrobacter* sp. strain F101. Appl. Environ. Microbiol. 63: 819-826.
- Mlynarz, D.T., and Ward, O.P. 1995. Degradation of polycyclic aromatic hydrocarbons (PAHs) by a mixed culture and its component pure cultures, obtained from PAH-contaminated soil. Can. J. Microbiol. 41 : 470-476.
- Mueller, J. G., Chapman, P. J., and Pritchard, P. H. 1989. Action of fluoranthene-utilizing bacterial community on polycyclic aromatic hydrocarbon components of creosote. Appl. Environ. Microbiol. 55: 3085-3090.

- Mueller, J. G., Chapman, P. J., Blattmann, B. O., and Pritchard P. H. 1990. Isolation and characterization of fluoranthene-utilizing strain of *Pseudomonas paucimobilis*. Appl. Environ. Microbiol. 56: 1079-1086.
- Narro, M. L., Cerniglia, C. E., Balen, C. and Gibson, D. T. 1992. Metabolism of phenanthrene on the marine cyanobactrium *Agmellum quadruplicatum* PR-6. Appl. Environ. Microbiol. 58: 1351-1359.
- Neurath, G. B. 1972. Recent advances in knowledge of the chemical composition of tobacco smoke. In *The Chemistry of Tobacco and Tobacco smoke*. pp. 77-97., Schmelz, I. (ed.). New York . Plenum Publishing Corp.
- Ning, Y. Z., Fuenmayor, S. L., and Williams, P. A. 2001. *nag* Genes of *Ralstonia* (Formerly *Pseudomonas*) sp. strain U2 encoding enzymes for gentisate catabolism. J. Bacteriol. 183:700-708.
- Omori, T., Monna, L., Saiki, Y., and Kodama, T. 1992. Desulfurization of dibenzothiophene by *Corynebacterium* sp. strain SY1. Appl. Environ. Microbiol. 58: 911-915
- Palleroni, N. J. 1994. Gram- negative aerobic rods and cocci. In *Bergey's Manual of systematic bacteriology 1994*, Krieg, N.R. and Hott, J.G. (eds.).The William&Wikins Co., Baltimore, Md: 140-199.
- Pothuluri, J. V., Freeman, J. P., Evans, F. E., and Cerniglia, C. E. 1992. Fungal metabolism of acenaphthene by *Cunninghamella elegans*. Appl. Environ. Microbiol. 58: 3654-3659
- Reyes, C., Sigman, M. E., Arce, R., Barbas, J. T., and Dabestani, R. 1998. Photochemistry of acenaphthene at a silica gel/air interface. J. Photochem. Photobiol. A: Chemistry, 122: 277-283.
- Ross, D. D., Moody, J., and Cerniglia, C. E. 2002. Utilization of mixtures of polycyclic aromatic hydrocarbons by bacteria isolated from contaminated sediment. FEMS Microbiol Ecol. 41: 1-7
- Schirmer, K., Dixon, D. G., Greenberg, B. M., and Bols, N.C. 1998. Ability of 16 priority PAHs to be directly cytotoxic to a cell line from the rainbow trout gill. Toxicol. 127: 129-141.

- Schocken, M. J., and Gibson, D. T. 1984. Bacterial oxidation of the polycyclic aromatic hydrocarbons acenaphthene and acenaphthylene. Appl. Environ. Microbiol. 48: 10-16.
- Selifenov, S. A., Grifoll, M., Eaton, R. W., and Chapman, P. J. 1996. Oxidation of naphthenoaromatic and methyl-substituted aromatic compounds by naphthalene 1,2-dioxygenase. Appl. Environ. Microbiol. 62: 507-514.
- Selifenov, S. A., Chapman, P. J., Akkerman, S. B., Gurst, J. E., Bortiatynski, J. M., Nanny, M. K., and Hatcher, P. T. 1998. Use of ¹³C nuclear magnetic Resonance to assess fossil fuel biodegradation: fate of [1-¹³C] acenaphthene in creosote polycyclic aromatic compound mixtures degraded by bacteria. Appl. Environ. Microbiol. 64: 1447-1453.
- Selifenov, S. A., Slepenskin, A.V., Adanin, V.M., Grechkina, G.M., and Starovoitov, I.I. 1993. Acenaphthene catabolism by strains of *Alcaligenes eutropus* and *Alcaligenes paradoxus*. Microbiol. 62: 120-128.
- Shi, T., Fredrickson, J. K., and Balkwill, D. L. 2001. Biodegradation of polycyclic aromatic hydrocarbons by Sphingomonas strain isolated from the terrestrial subsurface. J. Ind. Micro.Biotech. 26 : 283-289.
- Shocken, M. J., and Gibson, D.T. 1984. Bacterial oxidation of the polycyclic aromatic hydrocarbons acenaphthene and acenaphthylene. Appl. Environ. Microbiol. 48: 10-16.
- Shuttleworth, K. L., and Cerniglia, C. E. 1996. Bacterial degradation of low concentrations of phenanthrene and inhibition by naphthalene. Microbiol. Ecol. 31: 305-317
- Stringfellow, W., and Aitken, M. D. 1995. Competitive metabolism of naphthalene, methyl naphthalenes, and fluorene by phenanthrene-degrading Pseudomonads. Appl. Environ. Microbiol. 61: 357-362.
- Sutherland, J. B. 1992. Detoxification of polycyclic aromatic hydrocarbons by fungi. J.Bacterial. 9: 53-62.
- Sutherland, J. B., Rafii, F., Khan, A. A., and Cerniglia, C. E. 1995. Mechanisms of PAHs degradation. p. 269-306. In Young, L. Y. and Cerniglia, C. E.(ed.). Microbiol transformation and degradation of toxic organic chemicals. New York. Wiley-Liss.

- Tiehm, A. 1994. Degradation of polycyclic aromatic hydrocarbons in the presence of synthetic surfactant . App. Microbiol. Biotechnol. .60: 258-263.
- Tiehm, A., and Fritzsche, C. 1995. Utilization of solubilized and crystalline mixtures of polycyclic aromatic hydrocarbons by a *Mycobacterium* sp. . App. Microbiol. Biotechnol. .42: 964-968
- Tongpim, S., and Pickard, M. A. 1996. Growth of *Rhodococcus* S1 on anthracene. Can. J. Microbiol. 42 : 289-294.
- Volkering, F. A., Breure, A. M., Sterkenberg, A., and Van Andel, J. G. 1992. Microbial degradation of polycyclic aromatic hydrocarbons; effect of substrate availability on bacterial growth kinetics. Appl. Microbiol Biotechnol. 36: 548-552.
- Walter, U., Beyer, M., Klein, J., and Rehm, H. J. 1991. Degradation of pyrene by *Rhodococcus* sp.UW1. Appl. Microbiol. Biotechnol. 34: 671-676
- Weissenfels, W. D., Beyer, M., Klien, J., and Rehm, H. J. 1990. Degradation of phenanthrene, fluorene and fluoranthrene by pure bacterial cultures. . Appl. Microbiol. Biotechnol. 32: 479-484.
- Weissenfels, W. D., Beyer, M., and Klien, J. 1991. Microbial metabolism of fluoranthrene: isolate and identification of ring fission products. Appl. Microbiol. Biotechnol.34: 528-535.
- Wilson, S. C., and Jones, K. C. 1993. Bioremediation of soil contaminated with polynuclear aromatic hydrocarbons (PAHs): Environ. Pollut. 81: 229-249.
- Ye, D., Siddiqi, M. A., Maccubbin, A. E., Kumar, S., and Sikka, H. C. 1996. Degradation of polynuclear aromatic hydrocarbons by *Sphingomonas paucimobillis*. Environ. Sci. Tech. 30 : 136-142.
- Yen, K. M., and Gunsalus, I. C. 1982. Plasmid gene organization: naphthalene/ salicylate oxidation. Proc. Natl. Acad. Sci. USA. 79: 847-878.
- Yen, K. M., and Serdar, C. M. 1988. Genetics of naphthene catabolism in *Pseudomonas*. Crit. Rev. Microbiol. 15: 247-268.



ภาคผนวก

สถาบันวิทยบริการ
จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

ภาคผนวก ก

สูตรและวิธีการเตรียมอาหารเลี้ยงเชื้อ

อาหารเลี้ยงเชื้อเหลว Carbon Free Mineral Salt Medium (CFMM)

แอมโมเนียมไนเตรต (NH_4NO_3)	3.0	กรัม
ไดโซเดียมไฮโดรเจนฟอสเฟตเดคะไฮเดรต ($\text{Na}_2\text{HPO}_4 \cdot 12\text{H}_2\text{O}$)	5.5	กรัม
โพแทสเซียมไดไฮโดรเจนฟอสเฟต (KH_2PO_4)	0.8	กรัม
แมกนีเซียมซัลเฟตเฮปตะไฮเดรต ($\text{MgSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$)	0.01	กรัม
เฟอร์ริกคลอไรด์เฮกซะไฮเดรต ($\text{FeCl}_3 \cdot 6\text{H}_2\text{O}$)	0.005	กรัม
แคลเซียมคลอไรด์ไดไฮเดรต ($\text{CaCl}_2 \cdot 2\text{H}_2\text{O}$)	0.005	กรัม

ละลายสารสามชนิดแรกในน้ำกลั่นปริมาตร 1,000 มล. ปรับค่าความเป็นกรด-ด่างด้วยสารละลายโซเดียมไฮดรอกไซด์ความเข้มข้น 1 นอร์มัล ให้เป็น 7.5 นำไปนึ่งฆ่าเชื้อด้วยความดันไอน้ำ 15 ปอนด์ต่อตารางนิ้ว อุณหภูมิ 121 °ซ เป็นเวลา 20 นาที ในส่วนของสารละลายสามชนิดหลังทำการเตรียมแยกแต่ละชนิดแล้วทำให้ปลอดเชื้อโดยการกรองผ่านชุดกรองสำเร็จรูปเซลลูโลสอะซีเตทขนาดรูกว้าง 0.45 ไมโครเมตร แล้วจึงเติมลงในอาหารที่ทำกรนึ่งฆ่าเชื้อแล้ว

อาหารเลี้ยงเชื้อแข็ง CFMM (CFMM agar)

เตรียมอาหารด้วยวิธีเช่นเดียวกับการเตรียมอาหารเหลว CFMM แต่ละลายแบคทีโอะการ์ 15 กรัมต่ออาหาร 1,000 มล. ลงไปในสารสามชนิดแรกก่อนนำไปนึ่งฆ่าเชื้อด้วยความดันไอน้ำ 15 ปอนด์ต่อตารางนิ้ว อุณหภูมิ 121 °ซ เป็นเวลา 20 นาที ที่งไว้นั้นได้อุณหภูมิ 50-60 °ซ จึงเติมสารสามชนิดหลังที่ฆ่าเชื้อแล้วก่อนนำไปใช้

อาหารเลี้ยงเชื้อเหลว Luria-Bertani (LB broth)

ทริปโตน	10.0	กรัม
ผงสกัดจากยีสต์	5.0	กรัม
โซเดียมคลอไรด์	5.0	กรัม

ละลายส่วนผสมทั้งหมดในน้ำกลั่นปริมาตร 1,000 มล. ปรับค่าความเป็นกรด-ด่างด้วยสารละลาย โซเดียมไฮดรอกไซด์ความเข้มข้น 1 นอร์มัล ให้เป็น 7.5 นำไปนึ่งฆ่าเชื้อด้วยความดันไอน้ำ 15 ปอนด์ ต่อตารางนิ้ว อุณหภูมิ 121 °ซ เป็นเวลา 20 นาที

อาหารเลี้ยงเชื้อแข็ง Luria-Bertani (LB agar)

เตรียมอาหารด้วยวิธีเช่นเดียวกับการเตรียมอาหารเลี้ยงเชื้อเหลว LB แต่ละลายวุ้นผง 15 กรัมต่ออาหาร 1,000 มล. ลงไปในอาหารก่อนนำไปนึ่งฆ่าเชื้อด้วยความดันไอน้ำ 15 ปอนด์ต่อตาราง นิ้ว อุณหภูมิ 121 °ซ เป็นเวลา 20 นาที



สถาบันวิทยบริการ
จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

ภาคผนวก ข

สารเคมีที่ใช้ในการทดลอง

สารละลายอะซีแนพทีนในไดเมทิลซัลฟอกไซด์ (acenaphthene in DMSO solution)

ชั่งอะซีแนพทีน 0.1 กรัม ละลายในไดเมทิลซัลฟอกไซด์ปริมาตร 1.0 มล. ผสมด้วยเครื่องปั่นผสมจนอะซีแนพทีนละลายหมด ทำให้ปลอดเชื้อโดยกรองด้วยชุดกรองสำเร็จรูปชนิด PTFE ที่มีขนาดรูกว้าง 0.20 ไมโครเมตร เก็บรักษาในขวดสีชาหรือห่อให้มิดชิดเก็บที่อุณหภูมิ -20°C เดิมลงในอาหารเหลว CFMM ที่ผ่านการฆ่าเชื้อและเย็นลงที่อุณหภูมิห้องแล้ว

สารละลาย PAHs ชนิดอื่นในไดเมทิลซัลฟอกไซด์

ชั่งสาร PAHs ชนิดอื่น 0.1 กรัม ยกเว้น แนพธาซีน 0.3 กรัม ละลายในไดเมทิลซัลฟอกไซด์ปริมาตร 1.0 มล. ผสมด้วยเครื่องปั่นผสมจนสาร PAHs ละลายหมด ทำให้ปลอดเชื้อโดยกรองด้วยชุดกรองสำเร็จรูปชนิด PTFE ที่มีขนาดรูกว้าง 0.20 ไมโครเมตร เก็บรักษาในขวดสีชาหรือห่อให้มิดชิดเก็บที่อุณหภูมิ -20°C เดิมลงในอาหารเหลว CFMM ที่ผ่านการฆ่าเชื้อและเย็นลงที่อุณหภูมิห้องแล้ว

สารละลายมาตรฐานของ PAHs และอนุพันธ์ชนิดต่างๆ ในเมทานอล

ชั่งสารดังนี้ อะซีแนพทีน กรดแนพธาซีน 1,8-ไดคาร์บอกซิลิก กรดซาลิไซลิก กรดโปรโตคาทีคูอิก และกรด 2,5-ไดไฮดรอกซีเบนโซอิก ชนิดละ 0.1 กรัม ละลายสารมาตรฐานแต่ละชนิดในเมทานอลปริมาตร 10 มล. ผสมด้วยเครื่องปั่นผสมจนสารละลายหมด กรองด้วยชุดกรองสำเร็จรูปชนิด PTFE ที่มีขนาดรูกว้าง 0.20 ไมโครเมตร เก็บรักษาในขวดสีชาหรือห่อให้มิดชิดเก็บที่อุณหภูมิ -20°C เพื่อใช้เป็นสารมาตรฐานในการวิเคราะห์สารมัยันตร์ด้วยวิธี TLC และ HPLC

สารละลายไซเตียมคลอไรด์ 0.85%

ชั่งไซเตียมคลอไรด์ 0.85 กรัม ละลายในน้ำกลั่น 100 มล. หนึ่งฆ่าเชื้อด้วยความดันไอน้ำ 15 ปอนด์ต่อตารางนิ้ว อุณหภูมิ 121°C เป็นเวลา 20 นาที

กลีเซอรอล

นำกลีเซอรอลมาหนึ่งฆ่าเชื้อด้วยความดันไอน้ำ 15 ปอนด์ต่อตารางนิ้ว อุณหภูมิ 121 °ซ เป็นเวลา 20 นาที ที่ถังไอน้ำที่อุณหภูมิห้องเป็นเวลา 24 ชั่วโมง แล้วนำมาหนึ่งฆ่าเชื้อใหม่อีก 2-3 ครั้ง

สารละลายโซเดียมไฮดรอกไซด์ความเข้มข้น 1 นอร์มัล

ซิงโซเดียมไฮดรอกไซด์ 4.0 กรัม ละลายในน้ำกลั่น 90 มล. ในขวดวัดปริมาตรขนาด 100 มล. ปรับปริมาตรให้ครบ 100 มล. ด้วยน้ำกลั่น

สารละลายเมทานอลเข้มข้น 80% ในน้ำ (ปริมาตรต่อปริมาตร)

กรองเมทานอล 100% ผ่านเยื่อกรองชนิด FH ที่มีขนาดรูกว้าง 0.5 ไมโครเมตร กำจัดอากาศออกด้วยเครื่องกำเนิดเสียงความถี่สูง จากนั้นผสมเมทานอล 100% ปริมาตร 80 มล. กับน้ำกลั่นที่กรองและกำจัดอากาศออกแล้วปริมาตร 20 มล. นำไปกำจัดอากาศด้วยเครื่องกำเนิดเสียงความถี่สูงอีกครั้งจนไม่เหลือฟองอากาศ

สารละลายเอทิลอะซีเตทที่อิ่มตัวด้วยน้ำ

ผสมเอทิลอะซีเตทปริมาตร 150 มล. กับน้ำกรอง ปริมาตร 150 มล. ลงในขวดรูปชมพู่ขนาด 500 มล. ปิดฝาให้แน่นด้วยพาราฟิล์ม เขย่าที่ความเร็ว 200 รอบต่อนาที ที่อุณหภูมิห้องเป็นเวลา 24 ชั่วโมง

สารละลาย 10 % SDS

Sodium lauryl sulfate น้ำหนัก 10 กรัม ค่อยๆละลายในน้ำปลอดประจุอุณหภูมิ 60 °ซ ปริมาตร 8 มล. เมื่อละลายหมดเติมน้ำปลอดประจุจนเป็นปริมาตร 100 มล. นำไปหนึ่งฆ่าเชื้อด้วยความดันไอน้ำ 15 ปอนด์ต่อตารางนิ้ว อุณหภูมิ 121 °ซ เป็นเวลา 20 นาที

สารละลาย EDTA เข้มข้น 0.5 โมลาร์

EDTA ($C_{10}H_{14}O_8Na_2 \cdot 2H_2O$)	186.1 กรัม
โซเดียมไฮดรอกไซด์	20 กรัม

ละลาย EDTA ในน้ำปลอดประจุปริมาตร 800 มล. จากนั้นเติมเกล็ดโซเดียมไฮดรอกไซด์ คนให้เข้ากันรอให้เย็นลงแล้วจึงปรับค่าความเป็นกรด-ด่างเป็น 8.0 เติมน้ำปลอดประจุให้เป็น ปริมาตร 1,000 มล. นึ่งฆ่าเชื้อด้วยความดันไอ 15 ปอนด์ต่อตารางนิ้ว อุณหภูมิ $121^{\circ}C$ เป็นเวลา 20 นาที

บัฟเฟอร์ TE

Tris-HCl	10 มิลลิโมลาร์
EDTA	0.1 มิลลิโมลาร์

ผสมสารละลาย Tris-HCl pH 8.0 เข้มข้น 1.0 โมลาร์ pH 8.0 ปริมาตร 10 มิลลิลิตร กับ สารละลาย EDTA pH 8.0 เข้มข้น 0.5 โมลาร์ ปริมาตร 0.2 มิลลิลิตร เติมน้ำปลอดประจุให้เป็น ปริมาตร 1,000 มิลลิลิตร นึ่งฆ่าเชื้อด้วยความดันไอ 15 ปอนด์ต่อตารางนิ้ว อุณหภูมิ $121^{\circ}C$ เป็น เวลา 20 นาที

CTAB/NaCl solution

โซเดียมคลอไรด์	0.7 โมลาร์
CTAB	10 กรัม

ละลาย CTAB ในน้ำปลอดประจุอุณหภูมิ $60^{\circ}C$ ปริมาตร 80 มล. จากนั้นเติมโซเดียมคลอไรด์ เมื่อละลายหมดเติมน้ำปลอดประจุจนเป็นปริมาตร 100 มล. นำไปนึ่งฆ่าเชื้อด้วยความดันไอ 15 ปอนด์ต่อตารางนิ้ว อุณหภูมิ $121^{\circ}C$ เป็นเวลา 20 นาที

สารละลายฟีนอล/คลอโรฟอร์ม/ไอโซเอมิลแอลกอฮอล์

เตรียมสารละลายฟีนอลอิ่มตัวในบัฟเฟอร์ Tris-HCl โดยละลายฟีนอลในอ่างน้ำอุณหภูมิ 68° ซ จากนั้นเติมผง hydroxyquinoline ให้ได้ความเข้มข้น 0.1 % (น้ำหนักต่อน้ำหนัก) เติมน้ำละลาย Tris-HCl เป็น 8.0 เข้มข้น 0.5 โมลาร์ ปริมาตร 1 เท่า คนด้วยแท่งแม่เหล็กเป็นเวลา 15 นาที ทิ้งให้แยกชั้น ดูดชั้นน้ำส่วนบนออก เติมน้ำละลาย Tris-HCl เป็น 8.0 เข้มข้น 0.1 โมลาร์ ปริมาตร 1 เท่า คนด้วยแท่งแม่เหล็กเป็นเวลา 15 นาที ทิ้งให้แยกชั้น ดูดชั้นน้ำส่วนบนออก ทำขั้นนี้หลายๆครั้งด้วย Tris-HCl เป็น 8.0 เข้มข้น 0.1 โมลาร์ จนค่าความเป็นกรด-ด่างของฟีนอลมากกว่า 7.8 สุดท้ายเติมน้ำละลาย Tris-HCl เป็น 8.0 เข้มข้น 0.1 โมลาร์ ที่ผสม β -mercaptoethanol เข้มข้น 0.2 % ปริมาตร 0.1 เท่าของฟีนอลที่เตรียมได้ เก็บในขวดสีชาที่อุณหภูมิ 4° ซ ผสมฟีนอลที่เตรียมได้กับคลอโรฟอร์มและไอโซเอมิลแอลกอฮอล์ ในอัตราส่วน 25:24:1 (ปริมาตรต่อปริมาตรต่อปริมาตร) เก็บในขวดสีชาที่อุณหภูมิ 4° ซ

สารละลายคลอโรฟอร์ม/ไอโซเอมิลแอลกอฮอล์

ผสมคลอโรฟอร์มกับไอโซเอมิลแอลกอฮอล์ ในอัตราส่วน 24 :1 (ปริมาตรต่อปริมาตร) เก็บที่อุณหภูมิ 4° ซ

บัฟเฟอร์ 50XTAE

Tris-HCl	202 กรัม
สารละลาย EDTA pH 8.0 เข้มข้น 0.5 โมลาร์	100 มิลลิลิตร
กรดอะซีติกเข้มข้น	57.1 มิลลิลิตร

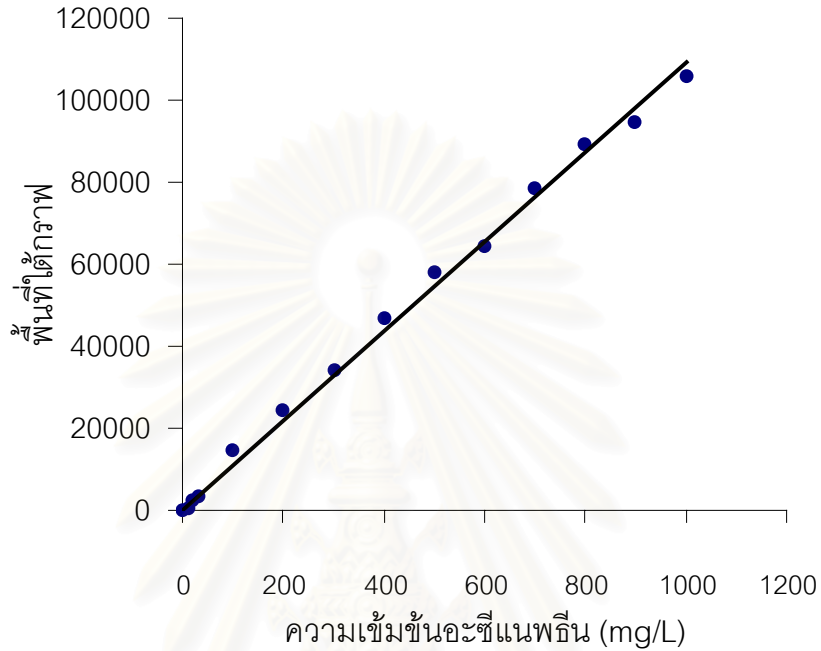
ละลายส่วนผสมทั้งหมดในน้ำปลอดประจุปริมาตร 800 มิลลิลิตร แล้วเติมน้ำปลอดประจุให้เป็นปริมาตร 1,000 มิลลิลิตร ینگฆ่าเชื้อด้วยความดันไอน้ำ 15 ปอนด์ต่อตารางนิ้ว อุณหภูมิ 121° ซ เป็นเวลา 20 นาที

สารละลายเอธิเดียมโบรไมด์ในบัฟเฟอร์ TAE

ละลายผงเอธิเดียมโบรไมด์ในบัฟเฟอร์ให้มีความเข้มข้นสุดท้ายเท่ากับ 10 ไมโครกรัมต่อมิลลิลิตร เก็บในภาชนะปิดสนิทในที่มืด

ภาคผนวก ค

กราฟมาตรฐานของอะซีแนพทิน



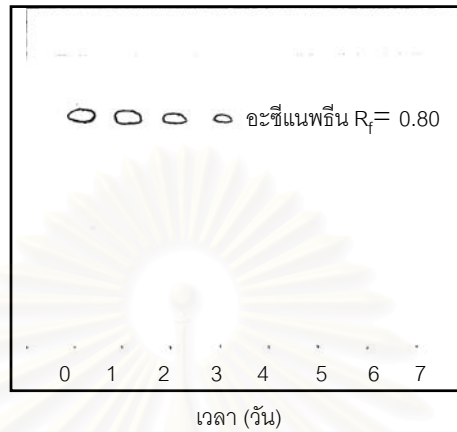
รูปที่ ค.1 กราฟมาตรฐานระหว่างปริมาณอะซีแนพทินกับพื้นที่ใต้กราฟ ที่ได้จากการวิเคราะห์โดยวิธี HPLC

ความเข้มข้นของอะซีแนพทินหาได้จากนำพื้นที่ใต้กราฟที่ได้จากการวิเคราะห์ด้วยวิธี HPLC มาแทนค่าในสมการเส้นตรงดังนี้

$$\begin{aligned} \text{พื้นที่ใต้กราฟ} &= (\text{ความชันของกราฟมาตรฐาน} \times \text{ปริมาณอะซีแนพทิน}) + \text{จุดตัดแกนวาย} \\ \text{โดยที่} \quad \text{ความชันของกราฟมาตรฐาน} &= 109.3 \\ \text{จุดตัดแกนวาย} &= 0 \end{aligned}$$

ภาคผนวก ง

ข้อมูลผลการทดลอง



รูปที่ ง.1 TLC โครมาโตแกรมของชุดควบคุมซึ่งไม่ได้มีการเติมเชื้อลงในอาหารเลี้ยงเชื้อ CFMM ที่มีอะซีแนพธินความเข้มข้น 100 มก.ต่อลิตร เพื่อติดตามการย่อยสลายของอะซีแนพธินโดยปัจจัยทางกายภาพ ที่ระยะเวลาต่างๆ กัน



รูปที่ ง.2 HPLC โครมาโตแกรมของชุดควบคุมซึ่งไม่ได้มีการเติมเชื้อลงในอาหารเลี้ยงเชื้อ CFMM ที่มีอะซีแนพธินความเข้มข้น 100 มก.ต่อลิตร เพื่อติดตามการย่อยสลายของอะซีแนพธินโดยปัจจัยทางกายภาพ ที่ระยะเวลาต่างๆ กัน

ประวัติผู้เขียนวิทยานิพนธ์

นางสาวอรุณภาวี สายเพชร เกิดเมื่อวันที่ 29 สิงหาคม พ.ศ. 2520 ที่จังหวัดขอนแก่น สำเร็จการศึกษาปริญญาตรีวิทยาศาสตร์บัณฑิต สาขาจุลชีววิทยา ภาควิชาจุลชีววิทยา คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยขอนแก่น ในปีการศึกษา 2543 และเข้ารับการศึกษต่อในระดับ ปริญญาโทวิทยาศาสตร์ สาขาจุลชีววิทยาทางอุตสาหกรรม ภาควิชาจุลชีววิทยา คณะวิทยาศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย ในปีการศึกษา 2543



สถาบันวิทยบริการ
จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย