

การคัดแยกแบคทีเรียที่มีความสามารถในการย่อยสลายสารประกอบ polycyclic aromatic hydrocarbons (PAHs) จากบ่อน้ำพุร้อน และดินที่มีการปนเปื้อนของกรดกำมะถัน โดยเบื้องต้นใช้ phenol เป็นสารตั้งต้นของคาร์บอนและแหล่งพลังงานเพียงชนิดเดียว ในการคัดแยกพบว่าแบคทีเรียที่สามารถเจริญในอาหารเลี้ยงเชื้อที่มี phenol ที่อุณหภูมิ 37°C มี 4 ชนิด คือ SU1, SU2, SU3 และ SU4 โดย SU1 และ SU2 เจริญได้ทั้งในอุณหภูมิ 37°C และ 50°C นอกจากนั้นยังพบว่า SU1 และ SU2 สามารถเจริญและย่อยสลาย สารประกอบ PAHs เช่น dibenzothiophene, anthracene, naphthalene, และ phenanthrene ได้ทั้งอุณหภูมิ 37°C และ 50°C ส่วน SU3 ย่อยสลาย anthracene, dibenzothiophene, phenanthrene, naphthalene ได้ที่อุณหภูมิ 37°C และ SU4 ย่อยสลาย dibenzothiophene ได้ที่อุณหภูมิ 37°C เมื่อเปรียบเทียบประสิทธิภาพการย่อยสลาย PAHs พบว่า SU1 มีความสามารถในการย่อยสลายดีที่สุด เพราะมีการเจริญใน Phenol และ PAHs ที่อุณหภูมิ 50°C และ SU2 สามารถย่อยสลายได้รองลงมา ส่วน SU3 และ SU4 ไม่มีการเจริญที่อุณหภูมิ 50°C

เมื่อทำการทดสอบหาลำดับเบสของของ 16S rRNA ของ SU1, SU3 และ SU4 โดย PCR technique แล้วนำไปเทียบเคียงลำดับเบสของยีน 16S rRNA (16s rRNA gene, Partial sequence) กับฐานข้อมูลของ GenBank + EMBL + DDBJ + PDB ผลการจัดจำแนกเชื้อแบคทีเรียโดยใช้ยีน 16s rRNA เป็นตัวเปรียบเทียบเชื้อกับฐานข้อมูลของ NCBI โดยใช้โปรแกรม BLAST สรุปได้ว่า SU1 คือ *Bacillus licheniformis*, SU3 คือ *Pseudomonas aeruginosa* SU4 คือ *Alcaligenes faecalis* strain BC2000

Abstract

222496

Screening of microorganisms that are able to degrade polycyclic aromatic hydrocarbons (PAHs) from hot spring water and sulfur contaminated soil using phenol as a sole carbon source was conducted. Four different types of bacterial strains designated SU1, SU2, SU3 and SU4 were obtained. Both SU1 and SU2 are able to degrade dibenzothiophene, anthracene, naphthalene and phenanthrene at 37°C and 50°C. However, SU3 can degrade dibenzothiophene, anthracene, naphthalene and phenanthrene only at 37°C, whereas SU4 can degrade dibenzothiophene at 37°C. In conclusion, SU1 degrades phenol and PAHs better than SU2. In contrast, SU3 and SU4 can not grow at 50°C. In addition, 16SrRNA sequences of SU1, SU3 and SU4 were also determined. The sequences were then compared to partial 16SrRNA sequences from GenBank+EMBL+ DDBJ + PDB. The results showed that SU1 is *Bacillus licheniformis*, SU3 is *Pseudomonas aeruginosa*, SU4 is *Alcaligenes faecalis* strain BC2000, as determined from NCBI database and BLAST program.