

จากการใช้อาหารเลี้ยงเชื้อแข็ง 2 ชั้น Czapek Dox agar และ malt extract agar ซึ่งมีสี Remazol Brilliant Blue R (RBBR) เป็นอินดิเคเตอร์ ในการแยกเชื้อจากตัวอย่างดินจำนวน 5 ตัวอย่างได้คัดเลือกมา 13 สายพันธุ์มาทดสอบเบื้องต้นในอาหารเลี้ยงเชื้อเหลว Mineral Salt Medium (MM) ได้มา 5 สายพันธุ์ ได้แก่ A3 C8 C10 L1 และ L10 โดยวันที่ 7 รา A3 C8 และ L10 สามารถย่อยสี RBBR ในอาหารเลี้ยงเชื้อเหลว MM ได้ 40.25% 62.99% และ 96.20% ตามลำดับเมื่อเทียบกับสีตั้งต้น ส่วนรา C10 และ L1 สามารถย่อยสี RBBR ในอาหารเลี้ยงเชื้อเหลว Low-Nitrogen Basal III Medium (LN) ในวันที่ 7 ได้ 96.87% และ 92.84% ตามลำดับเมื่อเทียบกับสีตั้งต้น เมื่อนำราทั้ง 5 สายพันธุ์มาทดสอบในอาหารเดิมโดยใช้โดเบนโซฟูแรนแทนสี พบว่าในวันที่ 7 มีรา A3 C8 และ C10 เท่านั้นที่สามารถย่อยสลายโดเบนโซฟูแรนได้ 44.30% 66.41% และ 56.07% ตามลำดับเมื่อเทียบกับชุดควบคุม โดยในอาหารเลี้ยงเชื้อเหลวของรา A3 และ C10 พบสารมัธยันตร์ที่มีสีเหลืองเกิดขึ้นในระหว่างการเลี้ยงเชื้อ แต่ไม่พบการสะสมของสารมัธยันตร์ในอาหารเลี้ยงเชื้อเหลวของรา C8 จากการศึกษาลักษณะทางสัณฐานวิทยาและเปรียบเทียบลำดับนิวคลีโอไทด์ของยีนที่ประมวลรหัสของตำแหน่ง ITS (Internal Transcribed Spacer) ของรา C8 พบว่ามีความคล้ายคลึงกับ *Trametes* sp. C30 95%

Using double layers agar with Remazol Brilliant Blue R (RBBR) containing Czapek Dox agar and malt extract agar, 13 fungal isolates were obtained from 5 soil samples. These isolates were primarily tested by using Mineral Salt Medium (MM) A3, C8, C10, L1 and L10 showed efficiency in RBBR degradation. After incubation of A3, C8 and L10 for 7 days in MM RBBR was degraded 40.25%, 62.99% and 96.20% of the initial concentration respectively. For C10 and L1 in Low-Nitrogen Basal III Medium (LN) RBBR was degraded 96.87% and 92.84% of the initial RBBR in 7 days. Each strains were tested further for their ability in degrading dibenzofuran using the appropriate method. The result showed that only A3, C8 and C10 could degrade dibenzofuran at 44.30%, 66.41% and 56.07% of the control respectively in 7 days. During incubation culture medium of A3 and C10, yellow color intermediate appeared. In case of C8, no intermediate was detected. From morphology and ITS sequence comparison, the C8 95% was similar to *Trametes* sp. C30.