ออโตโทรฟิคแอมโมเนียออกซิเดชันของแอมโมเนียออกซิไดซิงอาร์เคียและแบคทีเรีย ในระบบบำบัดน้ำเสียด้วยเทคนิค DNA stable isotope probing (DNA-SIP)

นางสาวปรียาภรณ์ พรกุลวัฒน์



CHULALONGKORN UNIVERSITY

้บทคัดย่อและแฟ้มข้อมูลฉบับเต็มของวิทยานิพนธ์ตั้งแต่ปีการศึกษา 2554 ที่ให้บริการในคลังปัญญาจุฬาฯ (CUIR)

เป็นแฟ้มข้อมูลของนิสิตเจ้าของวิทยานิพนธ์ ที่ส่งผ่านทางบัณฑิตวิทยาลัย

The abstract and full text ปิหยุกษิฆษร์นี้เป็นส่วนหนึ่งของการสึกษอทามหอักสุขธิปริมษาวิทางสรมชาสุขณะชายันหยุดsitory (CUIR)

are the thesis authors files submitted through the University Graduate School.

คณะวิศวกรรมศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิท[์]ยาลัย

ปีการศึกษา 2557

ลิขสิทธิ์ของจุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

AUTOTROPHIC AMMONIA-OXIDATION OF AMMONIA-OXIDIZING ARCHAEA AND BACTERIA IN WASTEWATER TREATMENT PLANTS BY DNA STABLE ISOTOPE PROBING TECHNIQUE

Miss Preeyaporn Pornkulwat



A Thesis Submitted in Partial Fulfillment of the Requirements for the Degree of Master of Engineering Program in Environmental Engineering Department of Environmental Engineering Faculty of Engineering Chulalongkorn University Academic Year 2014 Copyright of Chulalongkorn University

หัวข้อวิทยานิพนธ์	ออโตโทรฟิคแอมโมเนียออกซิเดชันของแอมโมเนียออกซิ
	ไดซิงอาร์เคียและแบคทีเรียในระบบบำบัดน้ำเสียด้วย
	เทคนิค DNA stable isotope probing (DNA-SIP)
โดย	นางสาวปรียาภรณ์ พรกุลวัฒน์
สาขาวิชา	วิศวกรรมสิ่งแวดล้อม
อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์หลัก	รองศาสตราจารย์ ดร. ตะวัน ลิมปิยากร
อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์ร่วม	ดร. ปธาน บรรจงปรุ

คณะวิศวกรรมศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย อนุมัติให้นับวิทยานิพนธ์ฉบับนี้เป็นส่วน หนึ่งของการศึกษาตามหลักสูตรปริญญามหาบัณฑิต

	(ศาสตราจารย์ ดร. บัณฑิต เอื้ออาภรณ์)	คณบดีคณะวิศวกรรมศาสตร์
คณะกรรม	มการสอบวิทยานิพนธ์ 	3
	(^y) 6 9 1 9	บระธานกรรมการ
	(ผูชวยคาสตราจารย ดร. ชยพร ภูประเสรฐ)	11
	I FIII ALONGKOBN TINIVE	<u>.</u> อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์หลัก
	(รองศาสตราจารย์ ดร. ตะวัน ลิมปิยากร)	
		_อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์ร่วม
	(ดร. ปธาน บรรจงปรุ)	
		กรรมการ
	(ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร. มนัสกร ราชากรกิจ)	
		_กรรมการ
	(รองศาสตราจารย์ ดร. ชวลิต รัตนธรรมสกุล)	
		กรรมการภายนอกมหาวิทยาลัย
	(ดร. สุวัฒน์ สูงเลิศส่งฟ้า)	

ปรียาภรณ์ พรกุลวัฒน์ : ออโตโทรฟิคแอมโมเนียออกซิเดชันของแอมโมเนียออกซิไดซิงอาร์เคียและ แบคทีเรียในระบบบำบัดน้ำเสียด้วยเทคนิค DNA stable isotope probing (DNA-SIP) (AUTOTROPHIC AMMONIA-OXIDATION OF AMMONIA-OXIDIZING ARCHAEA AND BACTERIA IN WASTEWATER TREATMENT PLANTS BY DNA STABLE ISOTOPE PROBING TECHNIQUE) อ. ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์หลัก: รศ. ดร. ตะวัน ลิมปิยากร, อ.ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์ร่วม: ดร. ปธาน บรรจงปรุ , 134 หน้า.

การกำจัดแอมโมเนียในระบบบำบัดน้ำเสียในปัจจุบันเป็นการทำงานร่วมกันระหว่างจุลินทรีย์สองกลุ่ม ้คือ แอมโมเนียออกซิไดซิงอาร์เคีย (Ammonia-oxidizing archaea, AOA) และแอมโมเนียออกซิไดซิงแบคทีเรีย (Ammonia-Oxidizing bacteria, AOB) จากการศึกษากิจกรรมของจุลินทรีย์กลุ่ม AOB ที่ผ่านมาขณะออกซิไดซ์ แอมโมเนียพบว่ามีการทำงานแบบออโตโทรป (Autotroph) คือใช้แหล่งคาร์บอนจากคาร์บอนไดออกไซด์ (CO₂) ้และแหล่งพลังงานจากแอมโมเนีย (NH₂) ขณะที่กิจกรรมของ AOA ขณะออกซิไดซ์แอมโมเนียยังไม่เป็นที่แน่ ชัด ดังนั้นงานวิจัยนี้จึงเป็นครั้งแรกที่มีการศึกษากิจกรรมของ AOA ในระบบบำบัดน้ำเสียขณะออกซิไดซ์แอมโมเนีย โดยมีวัตถุประสงค์ของงานวิจัยคือ การระบุการทำงานแบบออโตโทรปของจุลินทรีย์กลุ่ม AOA และ AOB ในระบบ บำบัดน้ำเสียด้วยเทคนิค DNA-stable isotope probing (DNA-SIP) โดยใช้ไบคาร์บอเนต (H¹³CO₃) ไอโซโทป คาร์บอน ¹³C เป็นตัวระบุแหล่งคาร์บอนของกลุ่มจุลินทรีย์ที่มีการทำงานแบบออโตโทรปเปรียบเทียบกับไบ ้คาร์บอเนต (H¹²CO₃) ไอโซโทปคาร์บอน ¹²C ในสภาวะควบคุมความเข้มข้นแอมโมเนียในน้ำเสียสังเคราะห์ขาเข้าที่ 7 และ 0 mgNH₄+-N/L ผลวิจัยพบว่า ระบบบำบัด 2 ใน 3 ระบบที่เลือกศึกษา AOA มีการทำงานแบบออโตโทรป ขณะออกซิไดซ์แอมโมเนีย ขณะที่ AOB ในทุกระบบพบการทำงานแบบออโตโทรปทั้งหมด ซึ่งผลการทดลองถูก ยืนยันด้วยการศึกษาการทำงานของจุลินทรีย์กลุ่ม AOA และ AOB ในถังปฏิกรณ์ในตริฟายอิงแอ็คติเวตเต็ดสลัดจ์ (Nitrifying activated sludge, NAS) ที่เจริญเติบโตในสภาวะสนับสนุนการทำงานแบบออโตโทรปเท่านั้นมาเป็น ระยะเวลา 3 ปี ด้วยเทคนิค DNA-SIP ผลการตรวจสอบพบว่าทั้ง AOA และ AOB ในถังปฏิกรณ์ดังกล่าวมีการทำงาน แบบออโตโทรปขณะออกซิไดซ์แอมโมเนีย ดังนั้น AOA ที่พบในระบบบำบัดน้ำเสียจึงมีความสามารถในการ ออกซิไดซ์แอมโมเนียได้เช่นเดียวกับ AOB โดยใช้คาร์บอนไดออกไซด์เป็นแหล่งคาร์บอน และแอมโมเนียเป็นแหล่ง พลังงาน แต่เนื่องจากยังคงมีความเป็นไปได้ที่ AOA จะใช้แหล่งคาร์บอนมากกว่าหนึ่งแหล่งขณะออกซิไดซ์แอมโมเนีย ยกตัวอย่างเช่น จากสารอินทรีย์ ซึ่ง AOA อาจมีการทำงานแบบมิกโซโทรป (Mixtotroph) ดังนั้นจึงต้องมีการศึกษา ต่อไปในอนาคตสำหรับสมมติฐานดังกล่าว

ภาควิชา วิศวกรรมสิ่งแวดล้อม สาขาวิชา วิศวกรรมสิ่งแวดล้อม ปีการศึกษา 2557

ลายมือชื่อนิสิต	
ลายมือชื่อ อ.ที่ปรึกษาหลัก	
ลายมือชื่อ อ.ที่ปรึกษาร่วม	

a, a, o o

5470270321 : MAJOR ENVIRONMENTAL ENGINEERING

KEYWORDS: AMMONIA-OXIDIZING ARCHAEA / AMMONIA-OXIDIZING BACTERIA / DNA-STABLE ISOTOPE PROBING / WASTEWATER TREATMENT / AMMONIA OXIDATION

> PREEYAPORN PORNKULWAT: AUTOTROPHIC AMMONIA-OXIDATION OF AMMONIA-OXIDIZING ARCHAEA AND BACTERIA IN WASTEWATER TREATMENT PLANTS BY DNA STABLE ISOTOPE PROBING TECHNIQUE. ADVISOR: ASSOC. PROF. TAWAN LIMPIYAKORN, CO-ADVISOR: PATHAN BANJONGPROO, 134 pp.

Ammonia-oxidizing archaea (AOA) were more abundant than ammonia-oxidizing bacteria (AOB) in some wastewater treatment plants (WWTPs) around the world. However, the contribution of AOA to ammonia oxidation in WWTPs is not yet clarified. In this study, sludge from municipal WWTPs was analyzed for autotrophic growth of AOA and AOB, using DNA-stable isotope probing (DNA-SIP) technique. Sludge samples were collected from six municipal WWTPs and were screened for AOA and AOB amoA gene numbers by quantitative PCR. AOA amoA genes were more abundant than AOB amoA genes in all plants studied. Then, sludge from three WWTPs were selected for DNA-SIP analysis. For each plant, DNA-SIP was performed with sludge samples collected from two different occasions as for biological replicates. The sludge was incubated in continuous-stirred-tank reactors with the inorganic media containing the ammonia concentrations of 7 and 0 mg-N/L as a sole energy source. ¹²C-bicarbonate/¹³C-bicarbonate was used as a carbon source. DNA-SIP showed that AOA in two out of the three planted selected for study uptaked the labeled ¹³C under the incubation condition of 7 mg-N/L of ammonia, but not of the 0 mg-N/L of ammonia. The results suggested for the first time the autotrophic activity of AOA under the presence of ammonia. For AOB, all sludge showed the autotrophic activity. Additional experiment was performed with nitrifying activated sludge that was fed with synthetic wastewater containing only ammonia as the energy source for more than three years. In this sludge AOA amoA genes were presence and DNA-SIP analysis suggested that AOA in the sludge also performed autotrophic activity under the presence of ammonia strengthen the evidence that AOA from WWTP perform autotrophic ammonia oxidation.

.

Department: Environmental Engineering Field of Study: Environmental Engineering Academic Year: 2014

Student's Signature	
Advisor's Signature	
Co-Advisor's Signature	

กิตติกรรมประกาศ

วิทยานิพนธ์นี้ได้รับทุนสนับสนุนการวิจัยหลักจากกองทุนสนับสนุนการวิจัย (สกว.) ทุน 90 ปี จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัยและทุนอุดหนุนของภาควิชาวิศวกรรมสิ่งแวดล้อม คณะวิศวกรรมศาสตร์ จุฬาลงกรณ์ มหาวิทยาลัย

งานวิจัยนี้เป็นความร่วมมือระหว่างภาควิชาวิศวกรรมสิ่งแวดล้อม คณะวิศวกรรมศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย และสำนักการระบายน้ำ กรุงเทพมหานคร

ขอขอบพระคุณรองศาสตราจารย์ ดร.ตะวัน ลิมปิยากร อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์ ผู้ให้ความรู้ ความช่วยเหลือและเป็นที่ปรึกษาในการทำวิจัย ตลอดจนช่วยผลักดันลูกศิษย์จนประสบความสำเร็จในการศึกษา ระดับปริญญาโท

ขอขอบพระคุณ ดร. ปธาน บรรจงปรุ ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์ร่วม ผู้ให้ความรู้และความอนุเคราะห์ การเก็บตัวอย่างจากระบบบำบัดน้ำเสีย

ขอขอบพระคุณ ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร.ชัยพร ภู่ประเสริฐ ประธานกรรมการสอบวิทยานิพนธ์ รอง ศาสตราจารย์ ดร.ชวลิต รัตนธรรมสกุล และผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร.มนัสกร ราชากรกิจ กรรมการสอบ วิทยานิพนธ์ สำหรับข้อเสนอแนะซึ่งทำให้วิทยานิพนธ์นี้มีความสมบูรณ์มากยิ่งขึ้น

ขอขอบพระคุณ ดร. สุวัฒน์ สูงเลิศส่งฟ้า กรรมการสอบวิทยานิพนธ์ ผู้เชี่ยวชาญด้านเทคนิค DNAstable isotope probing สำหรับคำแนะนำด้านเทคนิคจนงานวิจัยนี้ประสบความสำเร็จ

ขอขอบพระคุณคณาจารย์ทุกท่านที่ได้กรุณามอบความรู้อันเป็นประโยชน์ คำแนะนำและความ ช่วยเหลือตลอดระยะเวลาในการศึกษา ณ ภาควิชาวิศวกรรมสิ่งแวดล้อม

ขอขอบคุณ ดร. พรินท์พิดา สนธิพันธ์ สำหรับทุกความช่วยทั้งในด้านกำลังใจและการทำวิจัย

ขอขอบพระคุณศูนย์ความเป็นเลิศด้านการจัดการสารและของเสียอันตรายที่ให้ความอนุเคราะห์ สถานที่สาหรับการทำวิจัย

ขอกราบขอบพระคุณอากง คุณพ่อและคุณแม่ที่คอยสนับสนุนข้าพเจ้าในทุก ๆ ด้านเสมอมา

ขอขอบคุณเพื่อน ๆ พี่ ๆ น้อง ๆ ภาควิชาวิศวกรรมศาสตร์สิ่งแวดล้อมและสมาชิกในห้องปฏิบัติการ ทุกคนสำหรับมิตรภาพ กำลังใจ ตลอดจนความช่วยเหลือทั้งในด้านการเรียนและการทำวิทยานิพนธ์

สารบัญ

บทคัดย่อภาษาไทยง
บทคัดย่อภาษาอังกฤษจ
กิตติกรรมประกาศฉ
สารบัญช
สารบัญตารางฏ
สารบัญรูปภาพฑ
บทที่ 1 บทนำ1
1.1 ชื่อวิทยานิพนธ์1
1.2 คำสำคัญ1
1.3 ความเป็นมาและความสำคัญของปัญหา1
บทที่ 2 วัตถุประสงค์และขอบเขตงานวิจัย1
2.1 วัตถุประสงค์งานวิจัย1
2.2 ขอบเขตของงานวิจัย1
2.3 ประโยชน์ที่คาดว่าจะได้รับ1
บทที่ 3 เอกสารและงานวิจัยที่เกี่ยวข้อง6
3.1 วัฏจักรไนโตรเจน
3.2 กระบวนการกำจัดไนโตรเจนเชิงวิศวกรรม7
3.3 กระบวนการในตริฟิเคชันและกลุ่มจุลินทรีย์ที่เกี่ยวข้อง11
3.3.1 แอมโมเนียออกซิไดซิงแบคทีเรีย (Ammonia-oxidizing bacteria, AOB)11
3.3.1.1 สายวิวัฒนาการแอมโมเนียออกซิไดซิงแบคทีเรีย
3.3.1.2 ความเข้มข้นแอมโมเนียต่อการเจริญเติบโตของ AOB12
3.3.2 แอมโมเนียออกซิไดซิงอาร์เคีย (Ammonia-oxidizing archaea, AOA)14

หน้า

3.3.2.1 การค้นพบแอมโมเนียออกซิไดซิงอาร์เคีย
3.3.2.2 การจัดกลุ่มแอมโมเนียออกซิไดซิงอาร์เคียในปัจจุบัน15
3.3.2.3 สายวิวัฒนาการของแอมโมเนียออกซิไดซิงอาร์เคีย
3.3.2.4 ความเข้มข้นแอมโมเนียต่อการเจริญเติบโตของ AOA16
3.3.2.5 การศึกษาแอมโมเนียออกซิไดซิงอาร์เคียในระบบบำบัดน้ำเสีย17
3.3.3 การค้นพบการใช้แหล่งคาร์บอนที่แตกต่างกันของแอมโมเนียออกซิไดซิงอาร์เคีย.23
3.4 เทคนิคระดับโมเลกุล (Molecular technique)24
3.4.1 ปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอร์เรสแบบเวลาจริง (Real-time polymerase chain reaction; Real- time PCR)24
3.4.3 การประยุกต์ใช้ธาตุไอโซโทปกับเทคนิคระดับโมเลกุล
3.4.3.1 Stable isotope probing (SIP)27
3.5 ตำแหน่งยืนสำหรับการออกแบบไพร์เมอร์เพื่อตรวจวัดจุลินทรีย์ AOA และ AOB30
3.5.1 ยีน <i>amo</i>
บทที่ 4 แผนการดำเนินงานและวิธีการวิจัย
4.1 แผนการดำเนินงานวิจัย
4.2 แผนผังการทดลอง32
4.2.1 การทดลองที่ 1 การคัดเลือกระบบบำบัดน้ำเสีย
4.2.2 การทดลองที่ 2 การหาสภาวะที่เหมาะสมของเทคนิค DNA-SIP ต่อการกระจายตัว ของดีเอ็นเอในกลุ่มประชากร AOA และ AOB
4.2.3 การทดลองที่ 3 การพิสูจน์การใช้แหล่งคาร์บอนจากคาร์บอนไดออกไซด์ในสภาวะ มีแอมโมเนียของกลุ่มประชากร AOA และ AOB ในระบบบำบัดน้ำเสียชุมชนโดย เทคบิค DNA-SIP 38
4.2.3.1 การทดลองที่ 3.1 ขั้นตอนการบ่มตะกอนจุลินทรีย์ที่ความเข้มข้น แอมโมเนียต่างกันจนถึงขั้นตอนการแยกดีเอ็นเอ

หน้า

ູ້
ทนเ

4.2.3.2 การทดลองที่ 1.1, 2.2 และ 3.2 การนับจำนวนเซลล์จากยีน amoA ของ
AOA และ AOB48
4.2.3.3 การทดลองที่ 3.3 การออกแบบไพร์เมอร์จำเพาะต่อกลุ่มประชากร AOA ในระบบบำบัดที่เลือกศึกษา49
4.2.4 การทดลองที่ 4 การศึกษาการทำงานของกลุ่มประชากร AOA และ AOB ภายใต้ ปัจจัยที่แตกต่างกันในระบบบำบัดน้ำเสียชุมชน 1 แห่งโดยเทคนิค DNA -SIP50
4.2.5 การทดลองที่ 5 การศึกษาการทำงานและจำนวนประชากร AOA และ AOB ในถัง ปฏิกรณ์กวนแบบต่อเนื่อง (Continuous stirred tank reactor, CSTR)51
บทที่ 5 ผลการทดลองและวิจารณ์ผลการทดลอง53
5.1 การทดลองที่ 1 การคัดเลือกระบบบำบัดน้ำเสีย53
5.2 การทดลองที่ 2 การหาสภาวะที่เหมาะสมสำหรับการแยกดีเอ็นเอนในเกรเดียนท์ของ
สารละลาย58
5.3 การทดลองที่ 3 การพิสูจน์การใช้แหล่งคาร์บอนจากคาร์บอนไดออกไซด์ของกลุ่ม ประชากร AOAและ AOB ในระบบบำบัดน้ำเสียชุมชนในสภาวะมีแอมโมเนียโดยเทคนิค
DNA stable isotope probing (DNA-SIP)62
5.3.1 DNA-SIP ของกลุ่มประชากร AOA และ AOB ระบบบำบัด P263
5.3.2 DNA-SIP ของกลุ่มประชากร AOA และ AOB ระบบบำบัด P367
5.3.3 DNA-SIP ของกลุ่มประชากร AOA และ AOB ระบบบำบัด P670
5.3.4 การออกแบบไพร์เมอร์จำเพาะต่อกลุ่มประชากร AOA ในระบบบำบัด P677
5.3.5 ค่าพารามิเตอร์ของระบบบำบัด P2, P3 และ P6 ต่อผล DNA-SIP81
5.4.1 ชุดการทดลอง 1 : DNA-SIP ระบบบำบัด P6 ที่ความเข้มข้นแอมโมเนีย 7 mgNH ₄ +-N/L82
5.4.2 ชุดการทดลอง 2 : DNA-SIP ระบบบำบัด P6 ที่ความเข้มข้นแอมโมเนีย 7 mgNH4 ⁺ -N/L (มีการปล่อยตะกอนจุลินทรีย์ออกไปกับน้ำทิ้ง)

5.4.3 ชุดการทดลอง 3 : DNA-SIP ระบบบำบัด P6 ที่ความเข้มข้นแอมโมเนีย 70
mgNH4 ⁺ -N/L (มีการปล่อยตะกอนจุลินทรีย์ออกไปกับน้ำทิ้ง)
5.4.4 ชุดการทดลอง 4 : DNA-SIP ระบบบำบัด P6 ในสภาวะไม่เติมแอมโมเนีย89
5.5 การทดลองที่ 5 การศึกษาความเข้มข้นแอมโมเนียต่อการทำงานและจำนวนประชากร
AOA และ AOB ในถังปฏิกรณ์กวนแบบต่อเนื่อง (Continuous stirred tank reactor,
CSTR)
บทที่ 6 สรุปผลการทดลองและข้อเสนอแนะ94
รายการอ้างอิง
ภาคผนวก
ภาคผนวก ก
วิธีมาตรฐานสำหรับการวัดแอมโมเนีย ในไตรต์และในเตรต
ก.1 การวิเคราะห์ความเข้มข้นของแอมโมเนีย
ก.2 การวิเคราะห์ความเข้มข้นของไนไตรต์
ก.3 การวิเคราะห์ความเข้มข้นของไนเตรต
ภาคผนวก ข
ค่าแอมโมเนีย ไนไตรต์ ไนเตรต และค่าความเป็นกรดด่างระหว่างการบ่มตะกอน
จุลินทรีย์
ประวัติผู้เขียนวิทยานิพนธ์

หน้า

สารบัญตาราง

ตารางที่ 3.1 ค่า Ks ของแอมโมเนียของแบคทีเรียสายพันธุ์บริสุทธิ์ AOB	.14
ตารางที่ 3.2 ค่า Ks ของแอมโมเนียของ AOA	.17
ตารางที่ 3.3 สรุปงานวิจัยการศึกษาแอมโมเนียออกซิไดซิงอาร์เคียในระบบบำบัดน้ำเสีย	.20
ตารางที่ 3.4 สรุปการใช้แหล่งคาร์บอนที่แตกต่างกันของแอมโมเนียออกซิไดซิงอาร์เคีย	.24
ตารางที่ 4.1 ข้อมูลระบบบำบัดน้ำเสียเบื้องต้นสำหรับคัดเลือกระบบบำบัด	.37
ตารางที่ 4.2 ค่า Ks ของแอมโมเนียที่เหมาะสมต่อการเจริญเติบโตของกลุ่มจุลินทรีย์ AOA และ AOB	.40
ตารางที่ 4.3 ปริมาตรสารละลายแต่ละชนิดในน้ำเสียสังเคราะห์ต่อปริมาตร 1 ลิตร	.41
ตารางที่ 4.4 ปริมาณสารเคมีที่ใช้เตรียมสารละลายองค์ประกอบของน้ำเสียสังเคราะห์	.41
ตารางที่ 4.5 พารามิเตอร์ที่ตรวจวัด	.44
ตารางที่ 4.6 ไพร์เมอร์จำเพาะกับกลุ่มจุลินทรีย์สำหรับเทคนิค Real-time PCR และ PCR	
สำหรับ DNA-sequencing	.49
ตารางที่ 4.7 แผนการทดลองการศึกษาการทำงานของ AOA และ AOB ภายใต้ปัจจัยที่แตกต่า **.	٩
กน	.50
ตารางที่ 4.8 ข้อมูลการเดินระบบของระบบไนตริฟายอิงแอคติเวตเต็ดสลัดจ์	.52
ตารางที่ 5.1 ปัจจัยสำหรับการคัดเลือกระบบบำบัดน้ำเสีย	.57
ตารางที่ ข.1 ความเข้มข้นของสารประกอบไนโตรเจนระหว่างการบ่มตะกอนจุลินทรีย์ P2- ¹³ C	
รอบ 1 ความเข้มข้นเริ่มต้น 7 มก.ไนโตรเจน/ลิตร 1	.08
ตารางที่ ข.2 ความเข้มข้นของสารประกอบไนโตรเจนระหว่างการบ่มตะกอนจุลินทรีย์ P2- ¹² C	
รอบ 1 ความเข้มข้นเริ่มต้น 7 มก.ไนโตรเจน/ลิตร 1	.09
ตารางที่ ข.3 ความเข้มข้นของสารประกอบไนโตรเจนระหว่างการบ่มตะกอนจุลินทรีย์ P2- ¹³ C	
รอบ 2 ความเข้มข้นเริ่มต้น 7 มก.ไนโตรเจน/ลิตร1	.10
ตารางที่ ข.4 ความเข้มข้นของสารประกอบไนโตรเจนระหว่างการบ่มตะกอนจุลินทรีย์ P2- ¹² C	
รอบ 2 ความเข้มข้นเริ่มต้น 7 มก.ไนโตรเจน/ลิตร 1	.11

ตารางที่ ข.5 ความเข้มข้นของสารประกอบในโตรเจนระหว่างการบ่มตะกอนจุลินทรีย์ P2- ¹³ C แบบไม่เติมแอมโมเนีย
ตารางที่ ข.6 ความเข้มข้นของสารประกอบไนโตรเจนระหว่างการบ่มตะกอนจุลินทรีย์ P2- ¹² C แบบไม่เติมแอมโมเนีย
ตารางที่ ข.7 ความเข้มข้นของสารประกอบไนโตรเจนระหว่างการบ่มตะกอนจุลินทรีย์ P3- ¹³ C รอบ 1 ความเข้มข้นเริ่มต้น 7 มก.ไนโตรเจน/ลิตร
ตารางที่ ข.8 ความเข้มข้นของสารประกอบในโตรเจนระหว่างการบ่มตะกอนจุลินทรีย์ P3- ¹² C รอบ 1 ความเข้มข้นเริ่มต้น 7 มก.ไนโตรเจน/ลิตร
ตารางที่ ข.9 ความเข้มข้นของสารประกอบในโตรเจนระหว่างการบ่มตะกอนจุลินทรีย์ P3- ¹³ C รอบ 2 ความเข้มข้นเริ่มต้น 7 มก.ไนโตรเจน/ลิตร
ตารางที่ ข.10 ความเข้มข้นของสารประกอบไนโตรเจนระหว่างการบ่มตะกอนจุลินทรีย์ P3- ¹² C รอบ 2 ความเข้มข้นเริ่มต้น 7 มก.ไนโตรเจน/ลิตร
ตารางที่ ข.11 ความเข้มข้นของสารประกอบไนโตรเจนระหว่างการบ่มตะกอนจุลินทรีย์ P3- ¹³ C แบบไม่เติมแอมโมเนีย
ตารางที่ ข.12 ความเข้มข้นของสารประกอบไนโตรเจนระหว่างการบ่มตะกอนจุลินทรีย์ P3- ¹² C แบบไม่เติมแอมโมเนีย
ตารางที่ ข.13 ความเข้มข้นของสารประกอบไนโตรเจนระหว่างการบ่มตะกอนจุลินทรีย์ P6- ¹³ C รอบ 1 ความเข้มข้นเริ่มต้น 7 มก.ไนโตรเจน/ลิตร
ตารางที่ ข.14 ความเข้มข้นของสารประกอบไนโตรเจนระหว่างการบ่มตะกอนจุลินทรีย์ P6- ¹² C รอบ 1 ความเข้มข้นเริ่มต้น 7 มก.ไนโตรเจน/ลิตร
ตารางที่ ข.15 ความเข้มข้นของสารประกอบในโตรเจนระหว่างการบ่มตะกอนจุลินทรีย์ P6- ¹³ C รอบ 2 ความเข้มข้นเริ่มต้น 7 มก.ไนโตรเจน/ลิตร
ตารางที่ ข.16 ความเข้มข้นของสารประกอบไนโตรเจนระหว่างการบ่มตะกอนจุลินทรีย์ P6- ¹² C รอบ 2 ความเข้มข้นเริ่มต้น 7 มก.ไนโตรเจน/ลิตร
ตารางที่ ข.17 ความเข้มข้นของสารประกอบไนโตรเจนระหว่างการบ่มตะกอนจุลินทรีย์ P6- ¹³ C รอบ 3 ความเข้มข้นเริ่มต้น 7 มก.ไนโตรเจน/ลิตร

ตารางที่ ข.18 ความเข้มข้นของสารประกอบไนโตรเจนระหว่างการบ่มตะกอนจุลินทรีย์ P6- ¹² C รอบ 3 ความเข้มข้นเริ่มต้น 7 มก.ไนโตรเจน/ลิตร
ตารางที่ ข.19 ความเข้มข้นของสารประกอบไนโตรเจนระหว่างการบ่มตะกอนจุลินทรีย์ P6- ¹³ C รอบ 3 (มีการปล่อยตะกอนจุลินทรีย์ออกไปกับน้ำทิ้ง) ความเข้มข้นเริ่มต้น 7 มก.ไนโตรเจน/ ลิตร
ตารางที่ ข.20 ความเข้มข้นของสารประกอบไนโตรเจนระหว่างการบ่มตะกอนจุลินทรีย์ P6- ¹² C รอบ 3 (มีการปล่อยตะกอนออกไปกับน้ำทิ้ง) ความเข้มข้นเริ่มต้น 7 มก.ไนโตรเจน/ลิตร 127
ตารางที่ ข.21 ความเข้มข้นของสารประกอบไนโตรเจนระหว่างการบ่มตะกอนจุลินทรีย์ P6- ¹³ C รอบ 3 ความเข้มข้นเริ่มต้น 70 มก.ไนโตรเจน/ลิตร
ตารางที่ ข.22 ความเข้มข้นของสารประกอบไนโตรเจนระหว่างการบ่มตะกอนจุลินทรีย์ P6- ¹² C รอบ 3 ความเข้มข้นเริ่มต้น 70 มก.ไนโตรเจน/ลิตร
ตารางที่ ข.23 ความเข้มข้นของสารประกอบในโตรเจนระหว่างการบ่มตะกอนจุลินทรีย์ P6- ¹³ C แบบไม่เติมแอมโมเนีย
ตารางที่ ข.24 ความเข้มข้นของสารประกอบไนโตรเจนระหว่างการบ่มตะกอนจุลินทรีย์ P6- ¹² C แบบไม่เติมแอมโมเนีย
ตารางที่ ข.25 ความเข้มข้นของสารประกอบไนโตรเจนระหว่างการบ่มตะกอนจุลินทรีย์ระบบไน ตริฟายอิงแอคติเวตเต็จสลัดจ์ ¹³ C ความเข้มข้นเริ่มต้น 7 มก.ไนโตรเจน/ลิตร
ตารางที่ ข.26 ความเข้มข้นของสารประกอบไนโตรเจนระหว่างการบ่มตะกอนจุลินทรีย์ระบบไน ตริฟายอิงแอคติเวตเต็จสลัดจ์ ¹² C ความเข้มข้นเริ่มต้น 7 มก.ไนโตรเจน/ลิตร

สารบัญรูปภาพ

al INNI D. T. as Ulla Propriato 1.5
ภาพที่ 3.2 กระบวนการในตริฟิเคชัน7
ภาพที่ 3.3 ระบบบำบัดแบบ Single-sludge process8
ภาพที่ 3. 4 ระบบบำบัดแบบ Two-sludge suspended growth system9
ภาพที่ 3.5 Pre-anoxic denitrification10
ภาพที่ 3.6 Post-anoxic denitrification10
ภาพที่ 3.7 การเปลี่ยนรูปแอมโมเนียไปเป็นในตรต11
ภาพที่ 3.8 สายวิวัฒนาการของ AOB จากยีน 16s rRNA12
ภาพที่ 3.9 กราฟแสดงค่าจลนพลศาสตร์ (Ks) ของ Monod (Monod growth kinetics)13
ภาพที่ 3.10 ค่า Ks ของแอมโมเนียและแหล่งที่พบ AOB กลุ่มต่าง ๆ13
ภาพที่ 3.11 การจัดแบ่ง AOA จากยีน amoA โดยวิธีแยกแบบกิ่งก้าน (Treeing methods)16
ภาพที่ 3.12 การทำ Clone library
ภาพที่ 3.13 ตัวอย่างผลการทำ FISH-MAR27
ภาพที่ 3.13 ตัวอย่างผลการทำ FISH-MAR27 ภาพที่ 4.1 สรุปแผนผังการทดลอง
ภาพที่ 3.13 ตัวอย่างผลการทำ FISH-MAR

ภาพที่ 5.4 DNA-SIP ระบบบำบัด P2 (รอบ 1) ที่ความเข้มข้นแอมโมเนีย 7 mgNH4 ⁺ -N/L64
ภาพที่ 5.5 DNA-SIP ระบบบำบัด P2 ไม่เติมแอมโมเนีย65
ภาพที่ 5.6 DNA-SIP ระบบบำบัด P2 (รอบ 2) ที่ความเข้มข้นแอมโมเนีย 7 mgNH₄⁺-N/L66
ภาพที่ 5.7 DNA-SIP ระบบบำบัด P3 (รอบ 1) ที่ความเข้มข้นแอมโมเนีย 7 mgNH₄⁺-N/L67
ภาพที่ 5.8 DNA-SIP ระบบบำบัด P3 ไม่เติมแอมโมเนีย68
ภาพที่ 5.9 DNA-SIP ระบบบำบัด P3 (รอบ 2) ที่ความเข้มข้นแอมโมเนีย 7 mgNH₄⁺-N/L69
ภาพที่ 5.10 DNA-SIP ระบบบำบัด P6 (รอบ 1) ที่ความเข้มข้นแอมโมเนีย 7 mgNH4 ⁺ -N/L70
ภาพที่ 5.11 DNA-SIP ระบบบำบัด P6 (รอบ 2) ที่ความเข้มข้นแอมโมเนีย 7 mgNH4 ⁺ -N/L ก่อน ปล่อยตะกอนจุลินทรีย์ออกไปกับน้ำทิ้งที่ 28 วัน
ภาพที่ 5.12 DNA-SIP ระบบบำบัด P6 (รอบ 2) ที่ความเข้มข้นแอมโมเนีย 7 mgNH4 ⁺ -N/Lหลัง ปล่อยตะกอนจุลินทรีย์ออกไปกับน้ำทิ้งที่ 42 และ 56 วัน
ภาพที่ 5.13 ต้นไม้วิวัฒนาการของยีน AOA amoA ที่ได้จากตัวอย่างระบบบำบัด P674
ภาพที่ 5.14 ต้นไม้วิวัฒนาการ (Phylogenetic tree) ของยีน AOA <i>amoA</i> ที่ได้จากตัวอย่าง ระบบบำบัด P6 (ขยายจากภาพที่ 5.13)75
ภาพที่ 5.15 ต้นไม้วิวัฒนาการ (Phylogenetic tree) ของยืน AOA <i>amoA</i> ที่ได้จากตัวอย่าง ระบบบำบัด P6 (ขยายจากภาพที่ 5.14)76
ภาพที่ 5.16 ต้นไม้วิวัฒนาการ (Phylogenetic tree) ของยีน AOA <i>amoA</i> จากตัวอย่างระบบ บำบัด P2 และ P3 โดยใช้ไพรเมอร์ที่ออกแบบ77
ภาพที่ 5.17 ต้นไม้วิวัฒนาการ (Phylogenetic tree) ของยีน AOA <i>amoA</i> จากตัวอย่างระบบ บำบัด P2 และ P3 โดยใช้ไพรเมอร์ที่ออกแบบ (ขยายจากภาพที่ 5.16)
ภาพที่ 5.18 ต้นไม้วิวัฒนาการ (Phylogenetic tree) ของยีน AOA <i>amoA</i> จากตัวอย่างระบบ บำบัด P2 และ P3 โดยใช้ไพรเมอร์ที่ออกแบบ (ขยายจากภาพที่ 5.17)
ภาพที่ 5.19 DNA-SIP ระบบบำบัด P6 (รอบ 2) ที่ความเข้มข้นแอมโมเนีย 7 mgNH4 ⁺ -N/L ที่ ระยะการบ่ม 7 วัน โดยใช้ไพร์เมอร์ที่ออกแบบ80
ภาพที่ 5.20 DNA-SIP ระบบบำบัด P3 (รอบ 1) ที่ความเข้มข้นแอมโมเนีย 7 mgNH4 ⁺ -N/L ที่ ระยะการบ่ม 7 วัน โดยใช้ไพร์เมอร์ที่ออกแบบ81

ภาพที่ 5.21 DNA-SIP ระบบบำบัด P6 (รอบที่ 3) ที่ความเข้มข้นแอมโมเนีย 7 mgNH4 ⁺ -N/L83
ภาพที่ 5.22 DNA-SIP ระบบบำบัด P6 (รอบที่ 3) ที่ความเข้มข้นแอมโมเนีย 7 mgNH4 ⁺ -N/L (มีการปล่อยตะกอนจุลินทรีย์ออกไปกับน้ำทิ้ง)85
ภาพที่ 5.23 ความเข้มข้นแอมโมเนีย ไนไตรต์และไนทเตรต ในถังปฏิกรณ์สำหรับการบ่มตะกอน จุลินทรีย์ ความเข้มข้นแอมโมเนีย 70 mgNH4 ⁺ -N/L87
ภาพที่ 5.24 DNA-SIP ระบบบำบัด P6 (รอบที่ 3) ที่ความเข้มข้นแอมโมเนีย 70 mgNH4 ⁺ -N/L88
ภาพที่ 5.25 DNA-SIP ระบบบำบัด P6 (รอบที่ 3) แบบไม่เติมแอมโมเนีย
ภาพที่ 5.26 DNA-SIP ของตะกอนจุลินทรีย์จากระบบไนตริฟายอิงแอคติเวตเต็ดสลัดจ์ ที่ความ เข้มข้นแอมโมเนีย 7 mgNH₄⁺-N/L90
ภาพที่ 5.27 ต้นไม้วิวัฒนาการ (Phylogenetic tree) ของยีน AOA amoA ที่ได้จากตัวอย่าง
NAS N56 วนของ ¹² C
ภาพที่ 5.28 ต้นไม้วิวัฒนาการ ของยีน AOA amoA ที่ได้จากตัวอย่าง NAS ที่56 วันของ ¹³ C92

จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย HULALONGKORN UNIVERSI

บทที่ 1 บทนำ

1.1 ชื่อวิทยานิพนธ์

- ภาษาไทย: ออโตโทรฟิคแอมโมเนียออกซิเดชันของแอมโมเนียออกซิไดซิงอาร์เคียและ แบคทีเรียในระบบบำบัดน้ำเสียด้วยเทคนิค DNA stable isotope probing (DNA-SIP)
- ภาษาอังกฤษ: Autotrophic ammonia-oxidation of ammonia-oxidizing archaea and bacteria in wastewater treatment plants by DNA-stable isotope probing technique

1.2 คำสำคัญ

ออโตโทรฟิคแอมโมเนียออกซิเดชัน	(Autotrophic ammonia-oxidation)
แอมโนเนียออกซิไดซิงอาร์เคีย	(Ammonia-oxidizing archaea, AOA)
แอมโมเนียออกซิไดซิงแบคทีเรีย	(Ammonia-oxidizing bacteria, AOB)
กระบวนการในตริฟิเคชัน	(Nitrification process)
แอมโมเนียออกซิเดชัน	(Ammonia oxidation)
DNA stable isotope probing	(DNA-SIP)

1.3 ความเป็นมาและความสำคัญของปัญหา โทยาลัย

การค้นพบแอมโมเนียออกซิไดซิงอาร์เคีย (Ammonia-oxidizing archaea, AOA) ครั้งแรก ในตะกอนดินใต้ทะเลปี 2004 (Venter และคณะ, 2004, Treusch และคณะ, 2005) และการคัดแยก AOA สายพันธุ์บริสุทธิ์ *Nitrosopumilus maritimus (N. maritimus*) จากตัวอย่างน้ำทะเลในปี 2005 (Könneke และคณะ) ได้เปลี่ยนความเข้าใจเกี่ยวกับการออกซิไดซ์แอมโมเนียไปเป็นไนไตรต์ (Ammonia oxidation) ในวัฏจักรไนโตรเจน ซึ่งแต่เดิมเข้าใจว่าแอมโมเนียออกซิไดซิงแบคทีเรีย (Ammonia-oxidizing bacteria, AOB) เท่านั้นที่ทำหน้าที่นี้ เพราะการศึกษาการทำงานของ *N. maritimus* พบว่าจุลินทรีย์กลุ่มนี้มีการทำงานแบบเคโมลิโทออโตโทรป (Chemolitho-autotroph) คือ มีการใช้แหล่งพลังงานจากแอมโมเนีย (NH₃) และใช้แหล่งคาร์บอนจากคาร์บอนไดออกไซด์ (CO₂) การค้นพบดังกล่าวส่งผลให้มีการศึกษา AOA ในสิ่งแวดล้อมต่าง ๆ ตามมาอีกมากมาย เช่น ในระบบ น้ำเค็ม ระบบน้ำผิวดิน ระบบน้ำใต้ดินและระบบดิน เป็นต้น สำหรับปัญหาแอมโมเนียในแหล่งน้ำส่วน ใหญ่เกิดจากการพบปริมาณสารอินทรีย์ไนโตรเจนที่สูงในน้ำเสียก่อนปล่อยลงสู่แหล่งน้ำธรรมชาติ โดย

้จุลินทรีย์กลุ่มเฮทเทอโรโทรป (Heterotroph) จะทำหน้าที่ย่อยสลายสารอินทรีย์ในโตรเจนไปเป็น ้สารอนินทรีย์รูปแอมโมเนีย ซึ่งจัดเป็นมลพิษชนิดหนึ่งที่ส่งผลต่อสิ่งมีชีวิตในแหล่งน้ำ อีกปัญหาหนึ่งที่ พบคือ การเกิดปรากฏการณ์ยูโทรฟิเคชัน (Eutrophication) ซึ่งมีผลต่อปริมาณออกซิเจนในน้ำที่ ้ลดลงทำให้แหล่งน้ำเน่าเสียและส่งผลกระทบต่อสิ่งมีชีวิตในแหล่งน้ำเช่นกัน จากปัญหาดังกล่าวทำให้ การพัฒนาระบบบำบัดน้ำเสียสำหรับการกำจัดในโตรเจนจำเป็นต้องเข้าใจถึงกลไกการทำงานของกลุ่ม ้จุลินทรีย์ที่เกี่ยวข้องในกระบวนการกำจัดไนโตรเจน ทำให้มีงานวิจัยมากมายที่ศึกษาเกี่ยวกับกลุ่ม ้จุลินทรีย์เหล่านั้น โดยการศึกษาที่ผ่านมามุ่งประเด็นไปยังกลุ่มจุลินทรีย์ AOB ซึ่งขณะนั้นเข้าใจว่าเป็น เพียงจุลินทรีย์กลุ่มเดียวที่ทำหน้าที่ออกซิไดซ์แอมโมเนียไปเป็นไนไตรต์ในปฏิกิริยาแอมโมเนีย ้ออกซิเดชัน อันเป็นขั้นตอนหนึ่งที่สำคัญสำหรับกระบวนการกำจัดในโตรเจนออกจากแหล่งน้ำ ้อย่างไรก็ตามงานวิจัยสมัยใหม่ที่มีการตรวจพบยืน amoA ของ AOA ในระบบบำบัดน้ำเสีย ซึ่งพบใน ขั้นตอนการกำจัดแอมโมเนียด้วย (Activated sludge, AS) ที่มีค่าการละลายออกซิเจนต่ำ (Dissolve oxygen, DO) และระยะเวลาการกักเก็บตะกอน (Solid retention time, SRT) ที่นาน (Park และ คณะ, 2006) อันนำมาสู่การศึกษา AOA ในระบบบำบัดน้ำเสียในปีต่อ ๆ มา ซึ่งงานวิจัยในช่วงแรกจะ เป็นการตรวจนับจำนวนยืน amoA ของ AOA เปรียบเทียบกับ amoA ของ AOB โดยส่วนมากพบว่า AOA มีการเจริญเติบโตร่วมกับ AOB จนกระทั่งในปี 2011 Mußmann และคณะ ได้ทำการศึกษา AOA ในระบบบำบัดน้ำเสียในยุโรปและพบว่ามี AOA สายพันธุ์หนึ่งในกลุ่ม I.1b Thaumarchaeota ซึ่งพบในระบบบำบัดน้ำเสียของโรงกลั่นน้ำมันแห่งหนึ่ง อาจมีการทำงานแบบเฮทเทอโรโทรปเพราะ ตรวจไม่พบการใช้คาร์บอนไดออกไซด์ในกระบวนการสร้างเซลล์ของ AOA สายพันธุ์ดังกล่าว ผล ดังกล่าวจึงระบุถึงความเป็นไปได้ที่ว่า AOA อาจมียืนที่สามารถออกซิไดซ์แอมโมเนียอยู่ภายในเซลล์ แต่ยืนนั้นอาจไม่สามารถทำหน้าที่ออกซิไดซ์แอมโมเนียก็เป็นได้ อย่างไรก็ตามงานวิจัยดังกล่าวเป็น การศึกษา AOA เพียงสายพันธุ์เดียวในระบบบำบัดน้ำเสียเพียงระบบเดียวเท่านั้น ยังไม่อาจสรุปได้ว่า AOA ทุกสายพันธุ์ในระบบบำบัดน้ำเสียจะมีการทำงานแบบเฮทเทอโรโทรป เนื่องจากการศึกษา AOA สายพันธุ์บริสุทธิ์ที่ผ่านมาพบว่า AOA แต่ละสายพันธุ์มีการตอบสนองต่อแหล่งคาร์บอนต่างกัน ้ยกตัวอย่างเช่น สารอินทรีย์ปริมาณต่ำจะมีผลต่อการยับยั้งการเจริญเติบโตของ N. maritimus ซึ่ง เป็นจุลินทรีย์ที่มีการทำงานแบบออโตโทรป (Könneke และคณะ, 2005) ในขณะที่ Tourna และ คณะ (2010) กลับพบว่าไพรูเวทซึ่งเป็นสารอินทรีย์ชนิดหนึ่งช่วยกระตุ้นการเจริญเติบโตของ Nitrososphaera viennensis (N. viennensis) ในสภาวะที่มีแอมโมเนียร่วมได้ โดย N. viennensis เป็น AOA สายพันธุ์บริสุทธิ์ที่คัดแยกจากดิน และมีการทำงานแบบมิกโซโทรป (Mixotroph) คือ ้สามารถใช้แหล่งคาร์บอนได้จากทั้งคาร์บอนไดออกไซด์และสารอินทรีย์ แต่รูปแบบการทำงานของ AOA ในระบบบำบัดน้ำเสียยังไม่สามารถสรุปได้ว่าแท้จริงแล้ว AOA มีการใช้แหล่งคาร์บอนจากแหล่ง ใดในกระบวนการสร้างเซลล์ นอกจากนี้เมื่อเริ่มมีการศึกษา AOA ในระบบบำบัดน้ำเสียในประเทศ

ไทย พบว่าในระบบบัดน้ำเสียชุมชนที่ได้ทำการตรวจสอบมีจำนวน AOA มากกว่า AOB และเมื่อทำ การตรวจสอบเปรียบเทียบสายพันธุ์ AOA พบว่ามีสายพันธุ์ที่หลากหลายต่างกันไปในแต่ละระบบ (Limpiyakorn และคณะ, 2011) ซึ่งพบมากกว่างานที่ศึกษาจากระบบบำบัดน้ำเสียชุมชนในยุโรป (Muβmann และคณะ, 2011) จึงทำให้เกิดข้อสงสัยเบื้องต้นขึ้นว่า AOA ในระบบบำบัดน้ำเสีย ประเทศไทยมีการใช้แหล่งคาร์บอนมากกว่าหนึ่งแหล่งหรือไม่

สำหรับเป้าหมายหลักของงานวิจัยนี้คือการระบุความสามารถในการกำจัดแอมโมเนียและ แหล่งคาร์บอนในระบบบำบัดน้ำเสียของกลุ่มจินทรีย์ AOA และ AOB โดยสมมติฐานเบื้องต้นสำหรับ ้งานวิจัยนี้คือ กลุ่มจุลินทรีย์ทั้ง AOA และ AOB มีการทำงานแบบออโตโทรป ซึ่งหมายถึงสามารถใช้ แหล่งคาร์บอนจากคาร์บอนไดออกไซด์ได้ หากสมติฐานดังกล่าวเป็นจริงย่อมมีความเป็นไปได้มากที่ ้จุลินทรีย์กลุ่มนั้นสามารถกำจัดแอมโมเนียได้ด้วย แต่หากพบว่ากลุ่มจุลินทรีย์มีการไม่มีการใช้แหล่ง ้คาร์บอนจากคาร์บอนไดออกไซด์ ก็ไม่จำเป็นว่าจุลินทรีย์กลุ่มนั้นจะไม่มีความสามารถในการกำจัด แอมโมเนียเช่นกัน โดยการระบุการใช้แหล่งคาร์บอนของกลุ่มจุลินทรีย์ที่พบในระบบบำบัดน้ำเสียใน ้งานวิจัยนี้ จึงเป็นการศึกษาแนวโน้มเบื้องต้นในการตรวจสอบประสิทธิภาพการกำจัดแอมโมเนียของ กลุ่มจุลินทรีย์ AOA และ AOB ซึ่งหากทราบถึงแหล่งคาร์บอนและความสามารถในการกำจัด แอมโมเนียของจุลินทรีย์แต่ละกลุ่มแล้ว จะทำให้สามารถออกแบบและปรับปรุงการเดินระบบได้อย่าง ้เหมาะสมยิ่งขึ้น เพื่อเพิ่มประสิทธิภาพในการกำจัดแอมโมเนียในระบบบำบัดน้ำเสีย โดยผลที่ได้อาจ ้นำไปใช้ในการพัฒนาการกำจัดไนโตรเจนในน้ำเสียแบบ Bioaugmentation ซึ่งเป็นการเติมจุลินทรีย์ ที่มีหน้าที่ในการกำจัดแอมโมเนียลงไปในระบบ ยกตัวอย่างเช่น ระบบ Integrated Immobilization Nitrogen Removal Process ของบริษัทฮิตาชิที่ได้พัฒนาเชื้อจุลินทรีย์บรรจุลงในเซลล์พอลิเมอร์ และเติมลงไปในน้ำเสียเพื่อให้ช่วยกำจัดแอมโมเนีย ซึ่งเหมาะต่อการใช้บำบัดน้ำเสียที่มีไนโตรเจนสูง แต่สิ่งแวดล้อมในระบบอาจมีความเป็นพิษหรือไม่เหมาะสมต่อการเจริญเติบโตของกลุ่มจุลินทรีย์ที่มี หน้าที่กำจัดไนโตรเจน ทั้งนี้เนื่องจากงานวิจัยที่ผ่านมาพบว่าความเข้มข้นแอมโมเนียในระบบบำบัดน้ำ เสียมีผลต่อต่อจำนวนประชากรของ AOA และ AOB และการทำงานของจุลินทรีย์ในสายพันธุ์ที่ ต่างกัน พิจารณาได้จากค่าจลนพลศาสตร์ (Ks) ของแอมโมเนียซึ่งเป็นค่าความชอบแอมโมเนียที่ทำให้ ้จุลินทรีย์เจริญเติบโตได้ครึ่งหนึ่งของการเจริญเติบโตสูงสุด โดยพบว่าที่ค่า Ks ของแอมโมเนียต่ำกลุ่ม จุลินทรีย์ที่ทำงานได้ดีคือ AOA เช่น *N. maritimus* ซึ่งมี Ks ของแอมโมเนียที่ 1.86 x 10⁻³ มิลลิกรัม ในโตรเจนต่อลิตร (Könneke และคณะ, 2005) และ AOB สายพันธุ์ *N. oligotropha* มีค่า Ks ของ แอมโมเนียอยู่ในช่วง 0.75-1.68 มิลลิกรัมไนโตรเจนต่อลิตร (Koops และคณะ, 2003) ขณะที่ AOB บางกลุ่มทำงานได้ดีที่ความเข้มข้นแอมโมเนียสูง เช่น N. europaea โดยมีค่า Ks ของแอมโมเนียอยู่ ในช่วง 11.84-24.07 มิลลิกรัมไนโตรเจนต่อลิตร (Koops และคณะ, 2003) ซึ่งค่า Ks ของกลุ่ม ้จุลินทรีย์ที่มีความสามารถในการกำจัดแอมโมเนียจะถูกใช้สำหรับการออกแบบระบบบำบัดน้ำเสียด้วย เพื่อเพิ่มประสิทธิภาพการกำจัดไนโตรเจนในน้ำเสีย แต่ในความเป็นจริงการออกแบบระบบบำบัดใน ปัจจุบันเลือกใช้ค่า Ks ที่ศึกษาได้จากกลุ่มจุลินทรีย์ AOB เท่านั้น แต่จากการตรวจสอบเบื้องต้นระบบ บำบัดน้ำเสียชุมชนในประเทศไทยไม่ได้พบเพียง AOB กลุ่มเดียว แต่ยังพบ AOA ด้วย ดังนั้นค่า Ks สำหรับการออกแบบที่ใช้อยู่ ณ ปัจจุบันอาจยังไม่ใช่ค่าที่เหมาะสมต่อกลุ่มจุลินทรีย์ที่ทำงานได้จริงใน แต่ละระบบบำบัด ซึ่งกลุ่มจุลินทรีย์ที่ทำงานได้จริงอาจเป็น AOA หรือ AOB หรืออาจเป็นไปได้ทั้งสอง กลุ่ม โดยปัจจัยหนึ่งที่คาดว่าน่าจะมีผลต่อการทำงานของกลุ่มจุลินทรีย์ที่แตกต่างกันคือ ความเข้มข้น แอมโมเนีย ดังนั้นในงานวิจัยนี้จึงสนใจการแปรค่าความเข้มข้นแอมโมเนียที่ต่างกันออกไปอีกด้วย เพื่อให้จำนวนกลุ่มจุลินทรีย์ของ AOA และ AOB ที่เจริญเติบโตระหว่างการบ่มตะกอนจุลินทรีย์มี จำนวนและความหลากหลายทางสายพันธุ์ที่แตกต่างกัน ซึ่งอาจทำให้พบจุลินทรีย์ที่มีการใช้แหล่ง คาร์บอนที่ต่างกันออกไป

เทคนิคที่ใช้ตรวจสอบสมมติฐานที่กล่าวมาคือเทคนิค DNA stable isotope probing (DNA-SIP) ทำโดยบ่มตะกอนจุลินทรีย์กับแหล่งคาร์บอนจากคาร์บอนไดออกไซด์ในรูปของไบคาร์บอเนต (HCO₃⁻) เนื่องจากสมติฐานของงานวิจัยนี้คือ AOA และ AOB ควรมีการทำงานแบบออโตโทรป ซึ่งใช้ แหล่งคาร์บอนจากคาร์บอนไดออกไซด์ในกระบวนการสร้างเซลล์ ดังนั้นการทดลองจะแบ่งการบ่ม ตะกอนจุลินทรีย์ออกเป็น 2 ชุด โดยชุดที่หนึ่งตะกอนจุลินทรีย์จะถูกบ่มกับไบคาร์บอเนตคาร์บอน ไอโซโทป ¹³C (H¹³CO₃⁻) และชุดที่สองตะกอนจุลินทรีย์จะถูกบ่มกับไบคาร์บอเนตคาร์บอนไอโซโทป ¹²C (H¹²CO₃⁻) หากจุลินทรีย์กลุ่มใดมีการทำงานแบบออโตโทรป จุลินทรีย์กลุ่มดังกล่าวในชุดที่หนึ่งจะ สะสม H¹³CO₃⁻ เข้าสู่เซลล์ ขณะเดียวกันชุดที่สองจะสะสม H¹²CO₃⁻ เข้าสู่เซลล์ และเมื่อนำจุลินทรีย์ แต่ละชุดมาสกัดและแยกดีเอ็นเอตามน้ำหนักของดีเอ็นเอแต่ละสายพันธุ์ด้วยเครื่อง Ultracentrifuge จุลินทรีย์ในชุดที่ 1 ซึ่งประกอบไปด้วย ¹³C จะมีน้ำหนักดีเอ็นเอมากกว่าชุดที่สองซึ่งประกอบไปด้วย ¹²C เท่านั้น การเปรียบเทียบตำแหน่งการกระจายตัวของดีเอ็นเอระหว่างชุดการบ่มสองชุด จะพบว่า ดีเอ็นเอของกลุ่มจุลินทรีย์ที่สร้างด้วยคาร์บอนไอโซโทป ¹³C จะกระจายตัวตกลงมาในตำแหน่งที่ต่ำ กว่าเมื่อเทียบกับดีเอ็นเอของจุลินทรีย์กลุ่มเดียวกันที่สร้างด้วยคาร์บอนไอโซโทป ¹²C โดยเปรียบเทียบ ้ผล DNA-SIP ได้จากเทคนิค Real-time PCR นอกจากนี้สามารถตรวจสอบระดับสายพันธุ์ของกลุ่ม ้จุลินทรีย์ที่พบในระบบบำบัดที่สนใจได้โดยเทคนิคระดับโมเลกุลอื่น ๆ เช่น PCR-DGGE เพื่อแยกสาย พันธุ์จุลินทรีย์ หรือ DNA sequencing เพื่อระบุสายพันธุ์จุลินทรีย์ เป็นต้น

บทที่ 2 วัตถุประสงค์และขอบเขตงานวิจัย

2.1 วัตถุประสงค์งานวิจัย

- 2.1.1 เพื่อพิสูจน์กระบวนการสร้างเซลล์ของแอมโมเนียออกซิไดซิงอาร์เคีย (AOA) และ
 แอมโมเนียออกซิไดซิงแบคทีเรีย (AOB) ระหว่างที่ตะกอนจุลินทรีย์ในระบบบำบัด
 น้ำเสียออกซิไดซ์แอมโมเนีย
- 2.1.2 เพื่อหาช่วงความเข้มข้นของแอมโมเนียที่เหมาะสมสำหรับการทำงานของกลุ่ม จุลินทรีย์ AOA และ AOB

2.2 ขอบเขตของงานวิจัย

- 2.2.1 ใช้เทคนิค DNA stable isotope probing (DNA-SIP) โดยใช้คาร์บอนไอโซโทป ¹³C
 ในรูปไบคาร์บอเนต (HCO₃⁻) เป็นตัวระบุแหล่งคาร์บอนสำหรับการทำงานแบบ
 ออโตโทรปของ AOA และ AOB
- 2.2.2 ใช้ตะกอนจุลินทรีย์จากโรงบำบัดน้ำเสียชุมชน
- 2.2.3 ตรวจนับจำนวนกลุ่มประชากรจุลินทรีย์ที่เกี่ยวข้องกับกระบวนการแอมโมเนีย ออกซิเดชันโดยเทคนิค Real-time PCR
- 2.2.4 ตรวจวัดสายพันธุ์กลุ่มประชากรจุลินทรีย์โดยเทคนิค PCR-cloning และ DNA-sequencing

2.3 ประโยชน์ที่คาดว่าจะได้รับ

- 2.3.1 สามารถระบุได้ว่าระหว่าง AOA และ AOB จุลินทรีย์กลุ่มใดมีหน้าที่หลักในการ ออกซิไดซ์แอมโมเนียในระบบบำบัดน้ำเสียและทราบถึงลักษณะน้ำเสียที่ มีความเข้มข้นแอมโมเนียและแหล่งคาร์บอนที่เหมาะสมสำหรับการทำงานของ จุลินทรีย์แต่ละประเภท
- 2.3.2 องค์ความรู้ดังกล่าวสามารถนำไปพัฒนากลุ่มจุลินทรีย์หลักที่ออกซิไดซ์แอมโมเนียเพื่อเพิ่มประสิทธิภาพการกำจัดแอมโมเนียในระบบบำบัดน้ำเสียให้ดียิ่งขึ้น

บทที่ 3 เอกสารและงานวิจัยที่เกี่ยวข้อง

3.1 วัฏจักรไนโตรเจน

ไนไตรเจนเป็นองค์ประกอบหลักที่สำคัญในสิ่งมีชีวิตทุกชนิด โดยในบรรยากาศมีก๊าซ ในโตรเจนเป็นองค์ประกอบประมาณร้อยละ 78 แต่สิ่งมีชีวิตส่วนใหญ่ไม่สามารถใช้ไนโตรเจนใน อากาศได้โดยตรง ดังนั้นก๊าซไนโตรเจนในบรรยากาศจึงต้องเปลี่ยนรูปให้อยู่ในสภาพที่สิ่งมีชีวิต นำไปใช้ได้ ซึ่งมีขั้นตอน ดังนี้



ภาพที่ 3. 1 วัฏจักรไนโตรเจน (You และคณะ, 2009)

1) กระบวนการตรึงไนโตรเจน (Nitrogen Fixation)

กระบวนการตรึงไนโตรเจนเกิดจากแบคทีเรียสกุลไรโซเบียม (Rhizobium) ซึ่งพบมากในปม รากถั่วมีหน้าที่ตรึงไนโตรเจนในอากาศให้เป็นสารประกอบไนโตรเจนรูปแอมโมเนียม (NH4⁺)

2) กระบวนการสร้างแอมโมเนีย (Ammonification)

แอมโมเนียที่เกิดในสิ่งแวดล้อมนอกเหนือจากกระบวนการตรึงไนโตรเจน ยังเกิดได้จากการ เปลี่ยนรูปสารประกอบอินทรีย์ในโตรเจน (Organic-N) ไปเป็นแอมโมเนียม (NH4⁺) โดยจุลินทรีย์กลุ่ม เฮทเทอโรโทรป

3) กระบวนการในตริฟิเคชัน (Nitrification)

ในตริฟิเคชันเป็นกระบวนการเปลี่ยนรูปแอมโมเนียมไปเป็นไนไตรต์ (NO₂⁻) ในปัจจุบันเกิด โดยกลุ่มจุลินทรีย์ 2 กลุ่ม ได้แก่ แอมโมเนียออกซิไดซิงแบคทีเรีย (Ammonia-oxidizing bacteria, AOB) และแอมโมเนียออกซิไดซิงอาร์เคีย (Ammonia-oxidizing archaea, AOA) จากนั้นไนไตรต์จะ ถูกเปลี่ยนรูปไปเป็นไนเตรต (NO₃⁻) โดยไนไตรต์ออกซิไดซิงแบคทีเรีย (Nitrite-oxidizing bacteria, NOB) ซึ่งมีขั้นตอนและกลุ่มจุลินทรีย์ที่ทำงานในแต่ละขั้นดังภาพที่ 3.2



ภาพที่ 3.2 กระบวนการไนตริฟิเคชัน

4) กระบวนการดีในตริฟิเคชัน (Denitrification)

กระบวนการดีไนตริฟิเคชันเป็นกระบวนการที่เกิดภายใต้สภาวะไร้ออกซิเจน (Anoxic) ซึ่ง เป็นการเปลี่ยนรูปไนเตรตกลับไปเป็นไนไตรต์และเปลี่ยนรูปต่อไปเป็นก๊าซไนโตรเจนกลับสู่ชั้น บรรยากาศ

จากกระบวนการทั้งหมดที่กล่าวมาจัดเป็นกระบวนการหลักที่เกิดในวัฏจักรไนโตรเจน ถึงแม้ จะเป็นที่ทราบกันดีว่าไนโตรเจนจัดเป็นธาตุองค์ประกอบที่พบได้ทั่วไปในธรรมชาติ แต่หากปริมาณ ในโตรเจนที่พบในธรรมชาติเสียสมดุลไปย่อมก่อให้เกิดผลกระทบต่อสิ่งมีชีวิตได้เช่นกัน โดยเฉพาะ ผลกระทบของไนโตรเจนต่อสิ่งมีชีวิตในแหล่งน้ำ โดยไนโตรเจนในแหล่งน้ำส่วนใหญ่อยู่ใน รูป แอมโมเนียม หากแหล่งน้ำมีแอมโมเนียมปริมาณสูงเกินไปจะทำให้พืชน้ำโตได้ดีเพราะไนโตรเจน จัดเป็นธาตุอาหารหลักของพืชที่ใช้ในการเจริญเติบโต ดังนั้นเมื่อพืชน้ำเพิ่มมากขึ้นปริมาณออกซิเจนที่ พืชต้องใช้หายใจย่อมเพิ่มขึ้นตามและยังบดบังการละลายออกซิเจนจากอากาศลงสู่แหล่งน้ำอีกด้วย และเมื่อออกซิเจนไม่เพียงพอต่อสิ่งมีชีวิตในแหล่งน้ำ สิ่งมีชีวิตเหล่านั้นก็จะตายลงซึ่งรวมถึงกลุ่ม จุลินทรีย์ที่ใช้ออกซิเจนในการย่อยสลายสารอินทรีย์และแอมโมเนียก็จะไม่สามารถทำงานได้ นอกจากนี้แอมโมเนียในน้ำยังจัดเป็นสารพิษต่อสิ่งมีชีวิตในแหล่งน้ำอีกด้วย ดังนั้นในกระบวนการ บำบัดน้ำเสียก่อนปล่อยลงสู่แหล่งน้ำธรรมชาติ นอกจากต้องควบคุมปริมาณสารอินทรีย์ในน้ำแล้วยัง ต้องตระหนักถึงปริมาณไนโตรเจนในน้ำเสียให้ได้มาตรฐานก่อนปล่อยสู่แหล่งน้ำธรรมชาติ

3.2 กระบวนการกำจัดไนโตรเจนเชิงวิศวกรรม

กระบวนการกำจัดไนโตรเจนในเชิงวิศวกรรมเป็นส่วนหนึ่งของงานด้านระบบบำบัดน้ำเสียซึ่ง มีหลายวิธีในการกำจัด เช่น การปรับค่าความเป็นกรดด่างและไล่ด้วยอากาศ (Air stripping) การ แลกเปลี่ยนไอออน เป็นต้น (Metcalf และ Eddy, 2004) แต่วิธีที่นิยมใช้วิธีหนึ่งในระบบบำบัดน้ำเสีย คือ การกำจัดไนโตรเจนทางชีวภาพโดยกลุ่มจุลินทรีย์ (อธิบายในหัวข้อที่ 3.3) ซึ่งแบ่งออกเป็น 2 ปฏิกิริยา ดังนี้ ปฏิกิริยาในตริฟิเคชัน – กระบวนการในตริฟิเคชันในระบบบำบัดน้ำเสียแบ่งออกเป็น 2 ประเภท ตามชนิดจุลินทรีย์ ดังนี้

- ชนิดที่จุลินทรีย์อยู่ในลักษณะแขวนลอย (Suspended Growth)

โดยจุลินทรีย์ชนิดนี้นิยมใช้ใน*ระบบ*บำบัดแบบ Single-sludge process ซึ่งเหมาะกับน้ำเสีย ที่มีปริมาณแอมโมเนียไม่สูงมากและไม่เป็นพิษต่อสิ่งมีชีวิตในแหล่งน้ำ ซึ่งกระบวนการไนตริฟิเคชันจะ เกิดในถังเติมอากาศร่วมกับการกำจัดสารอินทรีย์ (BOD removal) ในระบบบำบัด โดยมีองค์ประกอบ ของระบบ คือ ถังเติมอากาศ (Aeration tank) ถังตกตะกอน (Clarifier tank) และระบบเวียน ตะกอน (Sludge recycle system) แสดงในภาพที่ 3.3 แต่ถ้าหากน้ำเสียมีปริมาณแอมโมเนียที่สูง มากจนเป็นพิษต่อสิ่งมีชีวิตในแหล่งน้ำหรือมีสารพิษบางชนิดที่ยับยั้งการเกิดกระบวนการไนตริฟิเคชัน ระบบ ้บำบัดที่เหมาะสมสำหรับกรณีนี้คือระบบ Two-sludge suspended growth system ซึ่งเป็นระบบ ที่เกิดจากการนำระบบ Single-sludge process 2 ระบบมาต่อกัน แสดงดังภาพที่ 3.4 โดยส่วนที่ 1 ของระบบเป็นการกำจัดสารอินทรีย์และสารพิษบางชนิดซึ่งจะมีการเดินระบบโดยควบคุมระยะเวลา การกักเก็บน้ำ (Hydraulic retention time, HRT) ที่สั้น จากนั้นเมื่อปล่อยน้ำเสียจากส่วนที่ 1 ไปยัง ส่วนที่ 2 จะทำให้ส่วนนี้สามารเกิดปฏิกิริยาในตริฟิเคชันได้อย่างเต็มที่ และเนื่องจากกลุ่มจุลินทรีย์ ในตริฟายอิง (Nitrifying) ซึ่งเป็นกลุ่มที่สำคัญสำหรับกระบวนการบำบัดในโตรเจนส่วนที่ 2 และมีการ เจริญเติบโตที่ช้ากว่ากลุ่มเฮทเทอโรโทรปซึ่งมีหน้าที่กำจัดสารอินทรีย์ ทำให้ต้องมีการนำน้ำเสียที่จะ เข้าสู่ระบบส่วนที่ 1 บางส่วนเติมเข้าสู่ระบบส่วนที่ 2 เพื่อเพิ่มปริมาณตะกอนจุลินทรีย์และ ประสิทธิภาพการตกตะกอนของตะกอนจุลินทรีย์ในส่วนที่ 2 และเมื่อเปรียบเทียบการเดินระบบของ ระบบบำบัดทั้ง 2 แบบ พบว่าระบบแบบ Two-sludge suspended system มีระยะเวลาการกักเก็บ น้ำและการกักเก็บตะกอน (Solid retention time, SRT) นานกว่าแบบ Single-sludge process



ภาพที่ 3.3 ระบบบำบัดแบบ Single-sludge process



ภาพที่ 3. 4 ระบบบำบัดแบบ Two-sludge suspended growth system

 ชนิดที่จุลินทรีย์เกาะติดกับตัวกลาง (Fixed Film or Attacted Growth) การกำจัดแอมโมเนียประเภทนี้จะแบ่งออกเป็น 2 แบบ คือ แบบตัวกลาง (Media) อยู่กับที่
 เช่น ระบบโปรยกรอง (Trickling Filter) และแบบตัวกลางเคลื่อนที่ เช่น ระบบจานหมุนชีวภาพ (Rotating Biological Contractor, RBC) โดยจุลินทรีย์จะเกาะอยู่กับผิวตัวกลางและเมื่อน้ำเสียไหล ผ่านผิวตัวกลาง ปฏิกิริยาที่เกิดในขั้นแรกจะเป็นการทำงานของกลุ่มจุลินทรีย์กลุ่มเฮทเทอโรโทรป ก่อนเพื่อกำจัดสารอินทรีย์ในน้ำเสียเพราะมีการเจริญเติบโตที่สูงกว่ากลุ่มไนตริฟายอิง ทำให้ กระบวนการกำจัดแอมโมเนียจะเกิดขึ้นภายหลังกระบวนการกำจัดสารอินทรีย์ซึ่งอาจมีการเดินระบบ แบบให้เสร็จสิ้นในขั้นตอนเดียว หรืออาจแยกกระบวนการไนตริฟิเคชันออกมาบำบัดอีกส่วนหนึ่งก็ได้

 ปฏิกิริยาดีในตริฟิเคชัน – กระบวนการดีในตริฟิเคชันในระบบบาบัดน้ำเสียเป็นการเดินระบบใน สภาวะไร้อากาศ (Anoxic) โดยเป็นการกำจัดในเตรตที่เกิดจากกระบวนการในตริฟิเคชันให้กลายเป็น ก๊าซไนโตรเจนกลับสู่บรรยากาศ การออกแบบระบบแบ่งออกเป็น 2 ประเภท ดังนี้

- Pre-anoxic denitrification หรือ Modified Ludzak-Ettinger (MLE) process

เป็นระบบกำจัดในเตรตที่นิยมใช้มากในระบบบำบัดน้ำเสียชุมชน จากภาพที่ 3.5 การ ออกแบบระบบจะมีถังปฏิกรณ์ 2 ถังต่อกัน โดยถังแรกจะเป็นแบบแอนนอกซิก (Anoxic) และต่อด้วย ถังเติมอากาศ (Aeration tank) ซึ่งหลักการทำงานของระบบนี้คือ การเวียนกลับไนเตรตซึ่งเกิดในน้ำ เสียที่ผ่านถังเติมอากาศกลับมายังถังแอนนอกซิก เพื่อใช้เป็นตัวรับอิเล็กตรอน (Electron accepter) ในกระบวนการดีไนตริฟิเคชันโดยมีสารอินทรีย์ในน้ำเสียขาเข้าเป็นตัวให้อิเล็กตรอน (Electron donor) - Post-anoxic denitrification

ในระบบชนิดนี้มีการออกแบบระบบโดยให้ถังปฏิกรณ์แรกเป็นถังเติมอากาศและต่อด้วย ถังแอนนอกซิก (ภาพที่ 3.6) โดยในถังแอนนอกซิกซึ่งเกิดกระบวนการดีไนตริฟิเคชัน กลุ่มจุลินทรีย์จะ ใช้ตัวให้อิเล็กตรอนจากปฏิกิริยาการย่อยสลายตัวเองของจุลินทรีย์ และเนื่องจากระบบชนิดนี้การ กำจัดสารอินทรีย์ในระบบจะเกิดก่อนการกำจัดไนโตรเจน ซึ่งทำให้สารอินทรีย์ที่เกิดจากปฏิกิริยาการ ย่อยสลายตัวเองของจุลินทรีย์เพียงอย่างเดียวอาจไม่เพียงพอต่อจุลินทรีย์ในถัง แอนนอกซิก ดังนั้นอาจต้องมีการเติมแหล่งคาร์บอนจากภายนอก เช่น เมทานอล อะซิเตต เป็นต้น เพื่อเป็นตัวให้อิเล็กตรอนแก่จุลินทรีย์กลุ่มดีในตริฟายอิงในกระบวนการกำจัดไนเตรต



ภาพที่ 3.6 Post-anoxic denitrification

จากที่กล่าวมาจะพบว่าในระบบบำบัดน้ำเสียที่มีปริมาณไนโตรเจนสูงจนส่งผลกระทบกับ สิ่งมีชีวิตในแหล่ง จำเป็นต้องมีการกำจัดไนโตรเจนโดยออกแบบระบบบำบัดให้มีปฏิกิริยาไนตริฟิเคชัน ควบคู่ไปกับดีไนตริฟิเคชันเสมอเพื่อลดปริมาณไนโตรเจนในแหล่งน้ำลงโดยการเปลี่ยนรูปเป็นก๊าซ ในโตรเจนกลับสู่บรรยากาศซึ่งเป็นองค์ประกอบหลักของอากาศในธรรมชาติ

3.3 กระบวนการในตริฟิเคชันและกลุ่มจุลินทรีย์ที่เกี่ยวข้อง

กระบวนการไนตริฟิเคชันเป็นกระบวนการที่เกิดภายใต้สภาวะมีออกซิเจน ซึ่งเป็นการเปลี่ยน รูปแอมโมเนียไปเป็นไนไนไตรต์โดยกลุ่มจุลินทรีย์ AOA และ AOB และเปลี่ยนรูปจากไนไตรต์ไปเป็น ในเตรตโดยกลุ่มจุลินทรีย์ NOB



ภาพที่ 3.7 การเปลี่ยนรูปแอมโมเนียไปเป็นในเตรต (Schleper และ Nicol, 2010) จากภาพที่ 3.7 กระบวนการในตริฟิเคชันถูกแบ่งออกเป็น 2 ปฏิกิริยาย่อย ดังนี้

1) ปฏิกิริยาแอมโมเนียออกซิเดชัน (Ammonia oxidation)

ปฏิกิริยาแอมโมเนียออกซิเดชันจัดเป็นขั้นปฏิกิริยาย่อยที่เกิดช้าสุด (Rate limiting step) ซึ่ง เป็นขั้นควบคุมในเกิดปฏิกิริยาในขั้นต่อไปของกระบวนการไนตริฟิเคชัน จุลินทรีย์ที่เกี่ยวข้องกับ ปฏิกิริยานี้มีสองกลุ่มคือ AOA และ AOB ที่มีหน้าที่ออกซิไดซ์แอมโมเนียไปเป็นสารตัวกลาง ไฮดรอกซีลามีน (NH₂OH) โดยเอนไซม์แอมโมเนียโมโนออกซีจีเนส (Ammonia monooxygenase, AMO) แล้วจึงเปลี่ยนรูปไปเป็นไนไตรต์โดยเอนไซม์ไฮดรอกซีลามีนออกซิโดรีดักเตส (Hydroxylamine oxydoreductase, HAO)

2) ปฏิกิริยาไนไตรต์ออกซิเดชัน (Nitrite oxidation)

จุลินทรีย์ที่เกี่ยวข้องกับกระบวนการไนไตรต์ออกซิเดชัน คือ ไนไตรต์ออกซิไดซิงแบคทีเรีย (Nitrite-oxidizing bacteria, NOB) ซึ่งจะเปลี่ยนไนไตรต์ไปเป็นไนเตรตโดยเอนไซม์ไนไตรต์ออกซิโด รีดัคเตส (Nitrite oxidoreductase, NOR)

3.3.1 แอมโมเนียออกซิไดซิงแบคทีเรีย (Ammonia-oxidizing bacteria, AOB)

AOB เป็นกลุ่มแบคทีเรียที่มีการทำงานแบบเคโมลิโทออโตโทรป (Chemolithoautotroph) คือ ใช้แอมโมเนียเป็นแหล่งพลังงานและใช้แหล่งคาร์บอนจากคาร์บอนไดออกไซด์ ซึ่งแบคทีเรีย ประเภทนี้มีหน้าที่ออกซิไดซ์แอมโมเนียเป็นไนไตรต์ในปฏิกิริยาแอมโมเนียออกซิเดชัน

3.3.1.1 สายวิวัฒนาการแอมโมเนียออกซิไดซิงแบคทีเรีย

การจัดกลุ่ม AOB ใช้การเปรียบเทียบยีน 16s rRNA ในการแบ่งกลุ่ม ซึ่งแบ่งออกเป็น 2 ประเภท ได้แก่ เบต้าโพรทิโอแบคทีเรีย (Betaproteobacteria) ประกอบไปด้วยสกุล Nitrosomonas, Nitrosospira นอกจากนี้ยังมีสกุล Nitrosovibrio และ Nitrosolobus แต่ใน ปัจจุบันถูกจัดให้อยู่ในสกุล Nitrosospira แทนซึ่งการจัดสกุลของ AOB ในยังคงเป็นข้อถกเถียงอยู่ ในขณะปัจจุบัน อีกประเภทคือแกมมาโพรทิโอแบคทีเรีย (Gammaproteobacteria) ได้แก่สกุล Nitrosococcus ส่วนใหญ่พบในสิ่งแวดล้อมน้ำเค็ม



ภาพที่ 3.8 สายวิวัฒนาการของ AOB จากยืน 16s rRNA (Purkhold และคณะ, 2000)

3.3.1.2 ความเข้มข้นแอมโมเนียต่อการเจริญเติบโตของ AOB

ความเข้มข้นของแอมโมเนียในสิ่งแวดล้อมมีผลต่อการเจริญเติบโตของ AOB ในแต่ละ สายพันธุ์ที่แตกต่างกัน ทำให้มีงานวิจัยจำนวนมากที่ศึกษาค่าทางจลนพลศาสตร์ ได้แก่ค่า Ks ของ แอมโมเนีย ซึ่งเป็นค่าความเข้มข้นแอมโมเนียที่ทำให้ AOB เจริญเติบโตได้ครึ่งหนึ่งของการเจริญเติบโต สูงสุด (ภาพที่ 3.9) โดยศึกษาหาค่าความเข้มข้นแอมโมเนียที่เหมาะสมต่อการเจริญเติบโตของ AOB แต่ละสายพันธุ์ ซึ่งสรุปค่า Ks ของแอมโมเนียของ AOB แต่ละกลุ่มได้ ดังภาพที่ 3.10



ภาพที่ 3.9 กราฟแสดงค่าจลนพลศาสตร์ (Ks) ของ Monod (Monod growth kinetics)



ภาพที่ 3.10 ค่า Ks ของแอมโมเนียและแหล่งที่พบ AOB กลุ่มต่าง ๆ (Koops และคณะ, 2003) จากภาพที่ 3.10 ค่า Ks ของ AOB หากจัดแบ่งกลุ่มจุลินทรีย์ตามค่าความเข้มข้นแอมโมเนียที่ AOB เจริญเติบโตได้ สามารถแบ่งได้เป็น 2 กลุ่มหลัก คือ กลุ่มที่ชอบค่าความเข้มข้นแอมโมเนียต่ำ เช่น N. oligotropha ซึ่งมีค่า Ks ของแอมโมเนียที่ 0.75-1.68 มิลลิกรัมไนโตรเจนต่อลิตร โดยจะพบ N. oligotropha ได้ในสิ่งแวดล้อมที่มีธาตุอาหารต่ำ (Oligotrophic environment) เช่น ในระบบ บำบัดน้ำเสียที่มีความเข้มข้นแอมโมเนียต่ำ ตะกอนดินน้ำจืด เป็นต้น ส่วนกลุ่มที่มีความชอบค่าความ เข้มข้นแอมโมเนียสูง เช่น *N. europaea* ซึ่งมีค่า Ks ของแอมโมเนียที่ 11.84-24.07 มิลลิกรัมไนโตรเจน ต่อลิตร โดยจะพบ *N. europaea* ได้ในสิ่งแวดล้อมที่มีธาตุอาหารสูง (Eutrophic environment) ตารางที่ 3.1 ค่า Ks ของแอมโมเนียของแบคทีเรียสายพันธุ์บริสุทธิ์ AOB

AOB สายพันธุ์บริสุทธิ์	ค่า K _s ของแอมโมเนีย (NH₄⁺-N mg.L ⁻¹)	สิ่งแวดล้อมที่พบ	อ้างอิง
<i>N. oligotropha</i> cluster	0.75-1.68	ระบบบำบัดน้ำเสียที่มีแอมโมเนีย ต่ำ ตะกอนดินน้ำจืด	
<i>N. communis</i> cluster	5.52-16.97	ระบบดิน	Koops และคณะ, 2003
<i>N. europaea</i> cluster	11.84-24.07	สิ่งแวดล้อมที่มีธาตุอาหารสูง	

3.3.2 แอมโมเนียออกซิไดซิงอาร์เคีย (Ammonia-oxidizing archaea, AOA)

จากงานวิจัยในอดีตเชื่อเสมอมาว่า AOB เป็นสิ่งมีชีวิตเดียวในการออกซิไดซ์แอมโมเนียไปเป็น ในไตรต์ในกระบวนการแอมโมเนียออกซิเดชัน แต่เมื่อไม่นานมานี้กลับมาการค้นพบว่ามีสิ่งมีชีวิตอีก ชนิดหนึ่ง คือ อาร์เคีย ซึ่งสามารถออกซิไดซ์แอมโมเนียให้เป็นไนไตรต์ได้เช่นกัน

3.3.2.1 การค้นพบแอมโมเนียออกซิไดซิงอาร์เคีย

การค้นพบ AOA ครั้งแรกของโลก มีจุดเริ่มต้นมาจากการค้นพบยืน *amoA* โดย Venter และคณะ (2004) ได้ศึกษาจีโนมของกลุ่มประชากรจุลินทรีย์ที่พบในทะเล Sargasso ซึ่งพบจำนวนยืน มากกว่า 1.046 ล้านยืน และเมื่อนำไปตรวจสอบลำดับนิวคลีโอไทด์ในยืนกับฐานข้อมูลพบว่ามีกลุ่มยืน *amoA* ของอาร์เคียเป็นหนึ่งในกลุ่มยืนเหล่านั้น แต่ยังไม่เป็นที่แน่ชัดว่าเป็นจุลินทรีย์สายพันธุ์ใด จากนั้นในปีต่อมา Könneke และคณะ (2005) ได้ทำการแยกเชื้อ AOA สายพันธุ์บริสุทธิ์ *N. maritimus* ในระบบน้ำเค็มได้เป็นครั้งแรกของโลกจากก้อนกรวดในพิพิธภัณฑ์สัตว์น้ำใน สหรัฐอเมริกาโดยเลี้ยงจุลินทรีย์ (Enrichment) ที่ความเข้มข้นแอมโมเนียมคลอไรด์ (NH₄Cl) 1 มิลลิ โมลาร์เป็นเวลา 6 เดือนและทำการแยกเชื้อโดยเทคนิค Serial dilution โดยใช้อาหารเลี้ยงเชื้อที่มี องค์ประกอบของวิตามิน แร่ธาตุหลายชนิดและสารปฏิชีวนะในคอลัมน์ที่มีตัวกรองขนาด 0.45 ไมโครเมตร ต่อมาในปี 2009 Martens-Habbena และคณะ ได้รายงานผลการศึกษาค่าความเข้มข้น แอมโมเนียที่มีผลต่อการเจริญเติบโตของ *N. maritimus* โดยพบว่า *N. maritimus* มีค่า Ks ของ ความเข้มข้นแอมโมเนียที่ 1.86 ไมโครกรัมไนโตรเจนต่อลิตร ซึ่งหากเปรียบเทียบกับค่าความเข้มข้นที่ เหมาะสมต่อการเจริญเติบโตของ AOB พบว่ามีค่าต่ำกว่าถึง 1000 เท่า จากการค้นพบ AOA ในครั้ง นั้นก่อให้เกิดการศึกษา AOA อย่างแพร่หลายในสิ่งแวดล้อมหลายระบบ ยกตัวอย่างเช่น ระบบดิน ระบบน้ำเค็ม เป็นต้น ซึ่งผลจากการศึกษา AOA ในสิ่งแวดล้อมต่าง ๆ พบว่า AOA เป็นกลุ่มจุลินทรีย์ที่ มียืน amoA เช่นเดียวกับ AOB จึงนำมาสู่ขอสันนิษฐานที่ว่า AOA น่าจะมีความสามารถในการกำจัด แอมโมเนียเช่นเดียวกับ AOB และเป็นที่ทราบกันดีว่ากระบวนการกำจัดแอมโมเนียในระบบบำบัดน้ำ เสียจัดเป็นกระบวนการที่มีความสำคัญต่อคุณภาพน้ำก่อนปล่อยลงสู่แหล่งน้ำธรรมชาติ จึงทำให้เกิด งานวิจัยที่ศึกษา AOA ในระบบบำบัดน้ำเสียและพบว่ามีการเจริญเติบโตร่วมกับ AOB ดังนั้นอาจแสดง ได้ว่า AOA อาจมีความสามารถในการกำจัดแอมโมเนียได้เช่นเดียวกัน AOB

3.3.2.2 การจัดกลุ่มแอมโมเนียออกซิไดซิงอาร์เคียในปัจจุบัน

การค้นพบอาร์เคียส่วนใหญ่มักพบในสิ่งแวดล้อมสุดขั้ว (Extreme environment) แต่เมื่อมี การค้นพบอาร์เคียบางสายพันธุ์ในสิ่งแวดล้อมสภาวะปกติ (Mesophilic archaea) ทำให้เกิด การศึกษาจีโนมของอาร์เคียเหล่านั้น และเกิดการจัดไฟลัมของโดเมนอาร์เคียออกมาใหม่ โดยจากเดิม โดเมนอาร์เคียประกอบไปด้วย 2 ไฟลัม ดังนี้

1) **Euryarchaeota** - เป็นไฟลัมของอาร์เคียในสิ่งแวดล้อมภาวะมีเกลือ (Halophilic) ภาวะ อุณหภูมิสูง (Thermophilic) และกลุ่มอาร์เคียที่ผลิตก๊าซมีเทน (Methanogenic)

2) Crenarchaeota – เป็นไฟลัมของอาร์เคียที่ทนอุณหภูมิสูงมาก (Hyperthermophilic) ซึ่งในช่วงก่อนปี 2008 เมื่อมีการค้นพบ AOA สายพันธุ์ใหม่หรือกลุ่มใหม่ส่วนใหญ่จะถูกจัดอยู่ในไฟลัม Crenarchaeota จนกระทั่งมีการค้นพบ AOA สายพันธุ์ Candidatus cenarchaeum symbiosum (Brochier-Armanet และคณะ, 2008) ซึ่งพบในสิ่งแวดล้อมสภาวะปกติ และเมื่อนำมาวิเคราะห์สาย วิวัฒนาการที่เชื่อมโยงกับอาร์เคียในไฟลัม Crenarchaeota พบว่ามีความแตกต่างกัน และเกิดการ แบ่งไฟลัมใหม่โดยสรุปได้ 3 ไฟลัม โดยไฟลัมที่สามชื่อว่า "Thaumarchaeota" เนื่องด้วยการศึกษา จีโนมของอาร์เคียในไฟลัมนี้พบว่าที่จริงแล้วไฟลัม Thaumarchaeota มีวิวัฒนาการมาก่อนอาร์เคียในไฟลัม สิ่งแวดล้อมสภาวะปกติ มีวิวัฒนาการมาก่อนอาร์เคีย ในไฟลัม Euryarchaeota และ Crenarchaeota ซึ่งทำให้เปลี่ยนความเข้าใจจากเดิมที่ว่า อาร์เคียใน สิ่งแวดล้อมสภาวะปกติมีวิวัฒนาการมากจากอาร์เคียที่ชอบสิ่งแวดล้อมภาวะอุณหภูมิสูง (Spang และ คณะ, 2010)

3.3.2.3 สายวิวัฒนาการของแอมโมเนียออกซิไดซิงอาร์เคีย

จากการวิเคราะห์ยืน 16S rRNA จาก AOA ที่พบในระบบดินและระบบน้ำเค็ม สามารถ แบ่งกลุ่มในไฟลัม Thaumarchaeota ออกเป็น 2 กลุ่ม คือ I.1a และ I.1b ดังนี้ กลุ่ม 1.1a - ประกอบไปด้วย AOA ที่พบในระบบน้ำเค็ม ได้แก่ สายพันธุ์ Nitrosopumilus maritimus, Candidatus Cenarcheum symbiosum, Candidtus Nitrosoarchaeum limnia, Candidatus Nitrosoarchaeum koreensis, และCandidutus Nitrosotalea devanaterra

 2) กลุ่ม I.1b - ประกอบไปด้วย AOA ที่พบในระบบดิน ได้แก่ สายพันธุ์ Candidatus Nitrososphaera gargensis, Candidatus Nitrososphaera viennensis และ Candidatus Nitrosocaldus yellowstonii



ภาพที่ 3.11 การจัดแบ่ง AOA จากยีน *amoA* โดยวิธีแยกแบบกิ่งก้าน (Treeing methods) (Limpiyakorn และคณะ, 2013)

3.3.2.4 ความเข้มข้นแอมโมเนียต่อการเจริญเติบโตของ AOA

จากงานวิจัยที่ผ่านมาพบว่าเมื่อศึกษากลุ่มประชากรแอมโมเนียออกซิไดเซอร์ในระบบที่มี ความเข้มข้นแอมโมเนียต่างกัน จะพบกลุ่มประชากรที่เด่นและมีความหลากหลายทางสายพันธุ์ของ AOA และ AOB ต่างกันด้วยออกไปในแต่ละสิ่งแวดล้อม และเมื่อใดก็ตามที่มีการค้นพบ AOA สายพันธุ์บริสุทธิ์หรือกลุ่มจุลินทรีย์ AOA หลายงานวิจัยจะนิยมทำการศึกษาและรายงานค่าทาง จลนพลศาสตร์ ได้แก่ค่า Ks ของแอมโมเนียสำหรับจุลินทรีย์ AOA ทำให้พบว่าเมื่อเปรียบเทียบการ เจริญเติบโตระหว่าง AOA และ AOB จะพบว่า AOA ส่วนใหญ่สามารถเจริญเติบโตได้ดีที่ความเข้มข้น แอมโมเนียต่ำกว่า AOB ซึ่งสามารถสรุปค่า Ks ของแอมโมเนียของ AOA ได้ดังตารางที่ 3.2 ตารางที่ 3.2 ค่า Ks ของแอมโมเนียของ AOA

AOA	ค่า Ks ของแอมโมเนีย (mg N.L $^{-1}$)	อ้างอิง
N. maritimus	1.86 × 10 ⁻³	Könneke และคณะ, 2005
AR	8.54 × 10 ⁻³	Park และคณะ, 2010
N. koreensis	9.66 x 10 ⁻³	Jung และคณะ, 2011

3.3.2.5 การศึกษาแอมโมเนียออกซิไดซิงอาร์เคียในระบบบำบัดน้ำเสีย

Park และคณะ (2006) เริ่มต้นศึกษายีน amoA ของ AOA ในระบบบำบัดน้ำเสียแบบ แอคติเวตเต็ดสลัดจ์ในประเทศสหรัฐอเมริกาทั้งหมด 9 ระบบ ซึ่งแต่ละระบบประกอบไปด้วย กระบวนการกำจัดไนโตรเจนแบบแอนนอกซิก-ออกซิก (Anoxic-Oxic) ผลจากการตรวจสอบพบยีน amoA ของ AOA ในระบบบำบัด 5 ระบบจากทั้งหมด 9 ระบบ โดยพบว่าปัจจัยในระบบที่น่าจะมีผล ต่อการพบยีน amoA คือ ค่าการละลายออกซิเจน (Dissloved oxygen, DO) ที่ต่ำและมีระยะการกัก เก็บตะกอน (Hydraulic retention time, HRT) ที่นาน จากนั้นได้มีการวิเคราะห์สายพันธุ์ของ AOA ที่พบโดยสามารถจำแนกความแตกต่างได้ถึง 75 กลุ่ม และเมื่อตรวจสอบลำดับนิวคลีโอไทด์กับ ฐานข้อมูล GenBank พบว่าลำดับนิวคลีโอไทด์ของดีเอ็นเอที่พบมีความใกล้เคียงกับดีเอ็นของ AOA ที่ พบในดินและตะกอนดิน จึงทำให้เกิดข้อสันนิษฐานว่า AOA อาจมีบทบาทร่วมกับ AOB ในการกำจัด แอมโมเนียในระบบบำบัดน้ำเสีย

Wells และคณะ (2009) ได้ศึกษาจำนวนยืน *amoA* ของ AOA และ AOB ในระบบแอคติ เวตเต็ดสลัดจ์ในน้ำเสียชุมชนโดยเก็บตัวอย่างตะกอนจุลินทรีย์เพื่อตรวจสอบเป็นระยะเวลา 1 ปี ผล การศึกษาพบว่าตลอดระยะเวลาการตรวจสอบกลุ่มประชากรจากตะกอนจุลินทรีย์ตัวอย่าง พบยืน *amoA* ของ AOA เพียง 15% ของระยะเวลาทั้งหมด ขณะที่พบยืน *amoA* ของ AOB ในทุกตัวอย่าง โดยมีจำนวนเฉลี่ยอยู่ที่ 1.2 x 10⁶ copies/mL ซึ่งการศึกษาในเชิงลึกของงานวิจัยนี้สนใจเพียงจำนวน AOB เท่านั้นซึ่งพบว่ามีความสัมพันธ์กับค่าพารามิเตอร์ที่ตรวจวัดในระบบ

Zhang และคณะ (2009) ได้ศึกษากลุ่มประชากร AOA ในระบบแอคติเวตเต็ดสลัดจ์ ที่มี การกำจัดไนโตรเจนในระดับห้องปฏิบัติการและในระดับระบบบำบัดน้ำเสียจริงของฮ่องกง ผล การศึกษาทั้งสองระดับพบว่า เมื่อเปรียบเทียบตัวอย่างจากระบบบำบัดที่ต่างกันพบว่ามีความแตกต่าง ในระดับสายพันธุ์ของ AOA ซึ่ง AOA ที่ตรวจพบในแต่ละระบบส่วนใหญ่มีสายพันธุ์ใกล้เคียงกับ AOA ที่พบในระบบดิน นอกจากนี้งานวิจัยยังทำการเลี้ยง AOA (Enrichment) ในระดับห้องปฏิบัติการ พบว่า AOA ในระบบมีการเปลี่ยนกลุ่มประชากรเมื่อเวลาผ่านไป 30 วัน Jin และคณะ (2010) ได้ตรวจนับจำนวนยืน *amoA* และ 16s rRNA ของ AOA และ AOB ในถังปฏิกรณ์ที่มีการกำจัดแอมโมเนีย งานวิจัยนี้แบ่งช่วงการทดลองเป็น 5 ช่วงโดยการแปรค่าการ ละลายออกซิเจน (0.5-1 มิลลิกรัมต่อลิตร) และความเข้มข้นแอมโมเนีย (100-200 มิลลิกรัมไนโตรเจน ต่อลิตร) ผลการศึกษาพบว่า AOB สามารถทนต่อการเปลี่ยนแปลงค่าความเข้มข้นแอมโมเนียและ ออกซิเจนละลายในได้ระบบน้อยกว่า AOA แต่อย่างไรก็ตามจำนวน AOB ยังคงสูงกว่า AOA ซึ่ง AOB ที่พบส่วนใหญ่อยู่ในสกุล *Nitrosomonas* ขณะที่ AOA อยู่ในกลุ่ม I.1a ไฟลัม Crenarchaeota (ขณะนั้นยังไม่มีการจัดไฟลัมในโดเมนอาร์เคียใหม่)

Ye และ Zhang (2011) ได้ศึกษากลุ่มประชากร AOA และ AOB ในระบบบำบัดน้ำเสียที่มี ค่าการละลายออกซิเจนต่ำ (0.15-0.5 มิลลิกรัมต่อลิตร) และมีความเข้มข้นแอมโมเนียสูง (0.26-0.52 กิโลกรัมไนโตรเจนต่อลูกบาศก์เมตรต่อวัน) งานวิจัยนี้แบ่งการทดลองออกเป็น 4 ช่วงโดยการแปรค่า การละลายออกซิเจน (0.15-5 มิลลิกรัมต่อลิตร) และความเข้มข้นแอมโมเนีย (200-400 มิลลิกรัม ในโตรเจนต่อลิตร) ผลการวิจัยพบจำนวน AOB ซึ่งจุลินทรีย์ส่วนใหญ่อยู่ในสกุล *Nitrosomonas* ซึ่งมี จำนวนมากกว่า AOA และเมื่อศึกษาลำดับนิวคลีโอไทด์ของ AOA ในระบบพบว่าร้อยละ 89.3 ของ AOA มีสายพันธุ์ใกล้เคียงกับ *N. maritimus* จึงสรุปว่า AOB มีการแข่งขันกับ AOA ในการย่อยสลาย แอมโมเนียที่ความเข้มข้นสูงได้ดีกว่า ดังนั้น AOA อาจไม่มีบทบาทในการย่อยสลายแอมโมเนียใน กระบวนการในตริฟิเคชันที่ความเข้มข้มแอมโมเนียสูง

Sonthiphand และ Limpiyakorn (2011) ได้ศึกษากลุ่มประชากร AOA และ AOB โดย การเลี้ยงตะกอนจุลินทรีย์ในระบบในตริฟายอิงแอคติเวตเต็ดสลัดจ์ (Nitrifying activated sludge, NAS) โดยใช้ตะกอนจุลินทรีย์จากระบบบำบัดน้ำเสียชุมชนมาเลี้ยงด้วยน้ำเสียสังเคราะห์ในถังปฏิกรณ์ แบบไหลต่อเนื่อง (continuous flow) ที่ความเข้มข้นแอมโมเนีย 2, 10 และ 30 มิลลิโมลาร์ แอมโมเนียมไนโตรเจน เป็นเวลา 60 วัน จากนั้นทำการศึกษาความหลากหลายของกลุ่มประชากร AOA และ AOB ซึ่งพบว่า AOB มีการเปลี่ยนกลุ่มประชากรจากกลุ่มที่ชอบความเข้มข้นแอมโมเนียต่ำ ได้แก่ *N. oligotropha N. communis* ไปเป็นกลุ่มที่ชอบค่าความเข้มข้นแอมโมเนียสูงและมีกลุ่ม ประชากรที่หลากหลายมากขึ้นจากตะกอนจุลินทรีย์เริ่มต้น เช่น *N. europaea* cluster และ *Nitrosospira* cluster เป็นต้น ขณะที่ AOA หลังจากผ่านไป 60 วัน ความหลากหลายของกลุ่ม ประชากร AOA เพิ่มมากขึ้นจากตะกอนจุลินทรีย์เริ่มต้น โดยพบที่ความเข้มข้นแอมโมเนีย 2 และ 10 มิลลิโมลาร์แอมโมเนียมไนโตรเจน ดังนั้นผลการทดลองจึงสรุปว่ากลุ่มประชากร AOB แต่ละกลุ่มที่พบ ในระหว่างการทดลองมีความแตกต่างกันซึ่งสัมพันธ์กับค่าความเข้มข้นแอมโมเนียในระบบ ขณะที่ AOA แต่ละกลุ่มไม่มีความสัมพันธ์กับค่าแอมโมเนียดังกล่าว

Limpiyakorn และคณะ (2011) ได้ตรวจนับจำนวนยืน *amoA* ของ AOA และ AOB ใน ระบบบำบัดน้ำเสียจากโรงงานอุตสาหกรรมซึ่งมีความเข้มข้นแอมโมเนียสูงและระบบบำบัดน้ำเสีย ชุมชนซึ่งมีค่าความเข้มข้นแอมโมเนียต่ำ โดยผลการศึกษาพบว่าในระบบบำบัดน้ำเสียอุตสาหกรรมพบ แต่ AOB ขณะที่ในระบบบำบัดน้ำเสียชุมชนพบ AOA เจริญเติบโตร่วมกับ AOB ซึ่งในบางระบบพบ AOA มากกว่า AOB และเมื่อทำวิเคราะห์ค่าพารามิเตอร์ในระบบบำบัดพบว่าความเข้มข้นแอมโมเนีย ในน้ำเสียขาออกน่าจะมีผลต่อการเจริญเติบโตของ AOA ในระบบบำบัดน้ำเสีย

Kayee และคณะ (2011) ศึกษาจำนวนและความหลากหลายของยีน amoA ของ AOA และ AOB ในระบบบำบัดน้ำเสียชุมชน 8 แห่งซึ่งพบการเจริญเติบโตของ AOA ร่วมกับ AOB ซึ่งระบบที่ ตรวจสอบส่วนใหญ่จะพบจำนวน AOA มากกว่า AOB และเมื่อตรวจสอบสายพันธุ์ของ AOA พบความ หลากหลายทั้งในกลุ่ม I.1a และ I.1b ของไฟลัม Thaumarchaeota ขณะที่ AOB พบเพียงสองสาย พันธุ์จากระบบบำบัดที่ตรวจสอบทั้งหมด ได้แก่ *N. communis และ N. oligotropha* เมื่อวิเคราะห์ ผลพบว่าปัจจัยที่น่าจะส่งผลต่อกลุ่มประชากร AOA ในระบบบำบัดคือความเข้มข้นแอมโมเนียในน้ำ เสียขาออก

Yapsakli และคณะ (2011) ตรวจวัดจำนวนยืน *amoA* ของ AOA และ AOB ในระบบบำบัด น้ำเสียจากหลุมฝังกลบขยะที่มีปริมาณไนโตรเจนสูงโดยเก็บตัวอย่างจากระบบทั้งหมด 3 ส่วน ได้แก่ Aeration tank, Facultative tank และ SBR tank เป็นเวลา 594 วัน โดยพบว่าตัวอย่างที่วิเคราะห์ ส่วนใหญ่จะพบ *amoA* ของ AOA แต่ยังคงมีจำนวนน้อยกว่าเมื่อเปรียบเทียบกับยืน *amoA* ของ AOB

Yu และคณะ (2011) ได้ศึกษากลุ่มประชากร AOA และ AOB ในระบบบำบัดน้ำเสียทาง ชีวภาพแบบ Membrane Bioreactor (MBR) โดยเน้นศึกษากลุ่มประชากรของ AOB ที่พบในระบบ ซึ่งผลการวิจัยพบ AOB 2 สายพันธุ์ได้แก่ *N. oligotropha* และ *N. ureae* โดยสาเหตุที่พบเพียง 2 สายพันธุ์นี้น่าจะมาจากเมมเบรนภายในระบบและอัตราส่วนอาหารต่อจุลินทรีย์ในระบบ (F/M Ratio) ที่ต่ำ ขณะที่การศึกษา AOA ในระบบได้รายงานผลเพียงว่ามีความหลากหลายในระบบและมีการ เปลี่ยนแปลงกลุ่มประชากรตลอดในระยะเวลาการศึกษา

Bai และคณะ (2012) ตรวจพบจำนวนยีน *amoA* ของ AOA ซึ่งมากกว่า AOB ในระบบ บำบัดน้ำเสียชุมชน แต่ในระบบบำบัดน้ำเสียอุตสาหกรรมกลับพบยีน *amoA* ของ AOB เป็นกลุ่มเด่น จึงเกิดข้อสันนิษฐานว่า AOA อาจมีการปรับตัวต่อสารพิษในน้ำเสียซึ่งพบมากในโรงงานอุตสาหกรรม ได้น้อยกว่า AOB

Sauder และคณะ (2012) ได้ศึกษาจำนวนประชากรในระบบบำบัดน้ำเสียชุมชนแบบจาน หมุนชีวภาพ (Rotating Biological Contactor, RBC) โดยศึกษาจำนวนประชากรในจานหมุนแต่ละ แผ่นเพื่อพิสูจน์สมมติฐานระหว่างจำนวนประชากร AOA และ AOB กับค่าความเข้มข้นแอมโมเนียที่ แตกต่างกันในแต่ละช่วงจานหมุน โดยผลการทดลองพบว่าจำนวนประชากร AOA จะเพิ่มขึ้นตามการ ไหลของน้ำเสียผ่านชั้นจานหมุนซึ่งสัมพันธ์กับความเข้มข้นแอมโมเนียที่ลดลงในแต่ละชั้น

	2								
งานวิจัย	ประเภท	ระบบบำบัด	ความเข้มข้น Ւ	VH ₃ (mg-N/L)	การตรวจนับจำนวนจุลิเ	นทรีย์ (copies/ml)	การตรวจสอบส	ายพันธุ์จุลินทรีย์	พารามิเตอร์ที่
	ซุมชน	อุตสาหกรรม	น้ำเสียขาเข้า	น้ำเสียขาออก	AOA	AOB	AOA	AOB	เกี่ยวข้อง
Park และคณะ (2006)	(00 32 00)	ı	17.0-44.8	<0.05-0.59	WU 5 \$£UU (AOA <aob)< td=""><td>พบหัว 9 ระบบ</td><td>พบความหลากหลาย 75 กลุ่ม</td><td>1</td><td>พบ AOA ในระบบ DO ต่ำ และมี SRT และ HRT ที่นาน</td></aob)<>	พบหัว 9 ระบบ	พบความหลากหลาย 75 กลุ่ม	1	พบ AOA ในระบบ DO ต่ำ และมี SRT และ HRT ที่นาน
Well และคณะ (2009)	>	1	14.0-33.0	0.20-2.10	AOA พบ 15% ในระยะเวลา 1 ปี เฉลี่ย 2 × 10 ³	พบเฉลี่ย 1.2 × 10 ⁶		N. oligotropha, Nitrosospira, N. europaea, N. communis, Nitrosomonas-like cluster	
Zhang	>	ı	17-21	MERSE 9.1-0.5			ในระบบจริงสายพันธุ์ ใกล้เคียงกับที่พบใน ระบบดิน เมื่อ Enrichment 30 วัน มีการเปลี่ยนแปลง กลุ่มประชากร	1	,
Jin ແລະคณะ (2010)	(Lab scale)	,	100-200		₩U AOB > (2.9×10 ³ - 2.3×10 ⁵) >	> AOA (1.7×10 ² - 3.8×10 ³)	[NH3] เปลี่ยนแต่ กลุ่มประชากรยังคง เดิมและอยู่ใน 1.1a Crenarchaeota	[NH ₃] เปลี่ยน กลุ่ม ประชากรเปลี่ยน ส่วน ใหญ่พบในสกุล <i>Nitrosomonas</i>	ແປຈກ່າ DO 0.5-1 mg/L

ตารางที่ 3.3 สรุปงานวิจัยการศึกษาแอมโมเนียออกซีไดซิงอาร์เคียในระบบบำบัดน้ำเสีย

20
		9	3		การตรวจนับจำ	นวนจุลินทรีย์		0 0 0	
งานวิจัย	ประเภทระบ	เบบ้าบัด	ความเข้มขัน NH	3 (mg-N/L)	(copie	s/ml)	ກາรตรวจสอบ	สายพันธุ้จุลินทรีย์	พารามิเตอร์ที่เกี่ยวข้อง
	ซุมชน	อุตสาหกรรม	น้ำเสียขาเข้า	น้ำเลียขาออก	AOA	AOB	AOB	AOA	
Ye และ Zhang (2011)	 (Lab scale) 		200-400	จุฬาส Chulai	WU AOB	> AOA	89.3% มีสายพันธุ์ ใกล้เคียง N. maritimus	กลุ่มประชากรส่วนใหญ่พบ ในสกุล Nitrosomonas	แปรค่า DO 0.15-0.5 mg/L
Sonthiphand และ Limpiyakorn (2011) Limpiyakorn และคณะ (2011)	(Lab scale)		2, 10, 30 mM NH₄⁺-N ซุ่มชน 5.6-11) อุตสาหกรรม	งกรณ์มหาวิทยาลัย (0.2.3.0) (0.2.3.0) (5.3-29.2)		เป็นกลุ่มเดียวที่ พบในน้ำเสีย พบร่วมกับ AOA ในน้ำเสียจุมชน	พบความหลากหลาย มากขึ้นที่ [NH ₄ ⁺] 2 และ 10 mM NH ₄ ⁺ -N	เปลี่ยนกลุ่มจาก N. communis cluster, N. marina cluster และ N. oligotropha cluster ไป เป็น N. aryototerans cluster, N. europaea cluster และ N. mobilis cluster	การเจริญเติบโตของ AOA ขึ้นกับ [NH₄*] นั้าเสียขา ยอก
Kayee และคณะ (2011)	(8 \$\$ 3\$ UU)	ı	5.4-38.6	< 0.1-2.9	WU AOB > AOA (8.1×10 ^{6−5.7} ×10 ⁹) 5.2×10 ¹¹)	> (3.3×10 ⁷ -	N. communis และ N. oligotropha	พบความหลากหลายทั้งใน กลุ่ม 1.1a และ 1.1b ของ ไฟลัม Thaumarchaeota	การเจริญเติบโตของ AOA ซึ้นกับ [NH₄¹] น้ำเสียขา ออก

ตารางที่ 3.3 (ต่อ) สรุปงานวิจัยการศึกษาแอมโมเนียออกซีไดซิงอาร์เคียในระบบบำบัดน้ำเสีย

Ð
JUC
۴
90 J
33
3
ے [۔]
<u>ہ</u>
٦
ຼ
بے
99
Ś
2-0
<u>ت</u>
ື
6
ഹം
പ്
~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~
ے ا
<u>_</u>
ක්
Ĵ,
ລັ
ä
i i i i i i i i i i i i i i i i i i i
7 ²
2
육
ڡٞےٚ
국
G
ĥ
2
ి
_ ⊂
1C
$\sim$
الح
ച
°(C)
<u>ر</u>
تے
<u> </u>
÷
<u> </u>
, M
(C)
- 🤤
٣
~
(1)
$\tilde{\mathbf{C}}$
-70
32,
ž
š
-
2

vul         AOB         AOB         AOB         AOB         AOB         AOA         AOB         AOA         AOA         AOB         AOA         AOB         AOA         AOA <th></th> <th>ประเภท:</th> <th>ระบบบำบัด</th> <th>ความเข้มข้น N</th> <th>VH₃ (mg-N/L)</th> <th>การตรวจนับจำนวนจุธ์</th> <th>รินทรีย์ (copies/ml)</th> <th>การตรวจสอเ</th> <th>เสายพันธุ์จุลินทรีย์</th> <th>พารามิเตอร์ที่ เ<u>ส่</u><u>*</u></th>		ประเภท:	ระบบบำบัด	ความเข้มข้น N	VH ₃ (mg-N/L)	การตรวจนับจำนวนจุธ์	รินทรีย์ (copies/ml)	การตรวจสอเ	เสายพันธุ์จุลินทรีย์	พารามิเตอร์ที่ เ <u>ส่</u> <u>*</u>
จุมสีงกลาบขยะ         พบ AOB > AOA         พบ AOB > AOA           จุมสีงกลาบขยะ         -         (2.1x10 ³ .3.1x10 ³ ) > (6.8x10 ³ -1.1x10 ⁴ )         กลุ่มประชากรบลี่ยานเปลง           48.7-62.8         <1         (2.1x10 ³ .3.1x10 ³ ) > (6.8x10 ³ -1.1x10 ⁴ )         กลุ่มประชากรบลี่ยานเปลง           48.7-62.8         <1          (2.1x10 ³ .3.1x10 ³ ) > (6.8x10 ³ -1.1x10 ⁴ )         กลุ่มประชากรบลี่ยานเปลง           9.8.7-62.8         <1            พบใบสกุล         ตลอดระยะบรลาการตรวจลัก           (9.8.7-6.6)           พบใบสกุล         พบใบสกุล         พบใบสกุล         ตลอดระยะบรลาการตรวจลัก           (9.8.7-6.6)           (1.2x10 ³ -1.7x10 ⁵ )         (6.3x10 ⁵ -4.5x10 ⁶ )         พบใบสกุล         ตลอดระยะบรลาบกรม           (9.8.7-6.6)            พบใบสกุล         พบใบสกุล           (9.8.7-6.6)            พบใบสกุล         พบใบสกุล           (3.5.2-262.0)                 (3.5.2-262.0)                 (3.5.2-262.0)	ซุมชน		อุตสาหกรรม	น้ำเสียขาเข้า	น้ำเสียขาออก	AOA	AOB	AOB	AOA	ក្រែមរាខាថ
<ul> <li>สุมพาเดบขอะ</li> <li>48.7-62.8</li> <li>&lt;1</li> <li>48.7-62.8</li> <li>&lt;1</li> <li>(2.1x10³-3.1x10⁵) &gt; (6.8x10³-1.1x10⁴)</li> <li>(6.8x10³-1.1x10⁴)</li> <li>(6.8x10³-1.1x10⁴)</li> <li>(6.9x10³-1.1x10⁴)</li> <li>(6.9x10³-1.1x10⁴)</li> <li>(7.2x10³-1.1x10³)</li> <li>(6.3x10³-4.5x10⁶)</li> <li>(8.3x10⁴-4.5x10⁶)</li> <li>(9.8-76.6)</li> <li>(9.8-76.6)</li> <li>(9.8-76.6)</li> <li>(9.8-76.6)</li> <li>(9.8-76.6)</li> <li>(6.3x10³-9.9x10⁵)</li> <li>(6.3x10³-9.9x10³)</li> <li>(7.2x10³-9.9x10³)</li> <li>(7.2x10³-9.9x10³)</li> <li>(7.2x10³-9.9x10³)</li> <li>(9.19-64.5</li> <li>106.8-32.8</li> <li>(7.11⁴,1¹ li ii</li> <li>(7.11⁴,1² li ii</li> <li>(7.11⁴,1² li ii</li> <li>(7.11⁴,1² li ii</li> <li>(7.11⁴,1² li ii</li> <li>(6.11⁴,1⁴ li ii</li> <li>(7.11⁴,1⁴ li ii</li></ul>						WU AOB	> AOA			
48.7-628         <1         <1         ก่อยระยางสาการเปลี่ยนแปลง พระยางสาการหราจวัด           48.7-628         <1	แตยงามหย	9	ามผลาเสบขยะ		Ci	(2.1×10 ³ -3.1×10 ⁵ ) >	(6.8×10 ² -1.1×10 ⁴ )	T		1
48.7-62.8         <1         N.oligotropho และ ตั้งสายพันธุ์ส่วนใหญ่         N.oligotropho และ ตั้งสายพันธุ์ส่วนใหญ่         คลดดระยะเวลาการตรวจวัด           9.8.76.6         ชุมชน (9.8.76.6)         พบในสกุล ตุดสาหกรรม อุตสาหกรรม (35.2-262.0)         N.ureae         ท.oligotropho และ ตั้งสายพันธุ์ส่วนใหญ่           -         101.9-64.5         106.8-32.8         กานสมสิมพันธ์กับ กานวนเพื่อชั้นเมื่อ         พบในสกุล พบในสกุล           -         401.9-64.5         106.8-32.8         กานสนี้มีเพีย์ชั้นเมื่อ         พบทลามสมินที่นี่สู่นลากกรรม เลี้ยงนานกรรม					จุ ฬ IUL	000			กลุ่มประชากรเปลี่ยนแปลง	
40.1-02.0         1         พ. ureae         ซึ่งสายพันรู้ส่วนใหญ่           ขุมชน         ขุมชน         พ. ureae         ซึ่งสายพันรู้ส่วนใหญ่           ขุมชน         ขุมชน         พ. ป้นสกุล         โกล้เคียงที่พบในระบบติน           ขุมชน         ขุมชน         พ. ป้นสกุล         ไกล้เคียงที่พบในระบบติน           (9.8-76.6)         (3.8-76.6)         (7.2x10 ³ -1.7x10 ⁵ )         (6.3x10 ⁵ -4.5x10 ⁶ )           อุตสาหกรรม         จุตสาหกรรม         พ.ป้นสกุล         Nitrosospira พันในนัก           (35.2-262.0)         (7.2x10 ³ )         (5.7x10 ³ -9.9x10 ³ )         อุตสาหกรรม           (35.2-262.0)         (2.6x10 ² -3.6x10 ⁹ )         (5.7x10 ³ -9.9x10 ³ )         พ.ที่เป็นหัก           (10.9-64.5         106.8-32.8         สวานสัมพันร์กับ         ทานวนเพื่อขึ้นเมื่อ           สุ01.9-64.5         106.8-32.8         สวานสัมพันร์กับ         กานวนเพื่อจิตสายกรรม					าล Aโ	Í		N.oligotropha และ	ตลอดระยะเวลาการตรวจวัด	
<ul> <li>หม่างน่างเป็นระบบดิน ขุมงน ขุมงน่างเป็นระบบดิน ขุมงน่างในระบบดิน ขุมระบบดิน ขุมงน่างในระบบดิน ขุมงน่างในระบบดิน ขุมงน่างในระบบดิน ขุมงน่างในระบบดิน ขุมงน่างในระบบดิน ขุมงน่างขุนข้อยู่แล่างในข้างในระบบดิน ขุมระบบดิน ขุมระบบดิน ขุมงน่างขุมขุมงนและนำเสีย ขุมงนและนำเสีย ขุมงนและนำเสีย ขุมงนและนำเสีย ขุมงนและนำเสีย ขุมงนและนำเสีย ขุมงนและนำเสีย ข้านบามงานข้อขึ้นเมื่อ จานจานข้ายถุนานและนำเสีย ขุมงนและนำเสีย ข้านบามงานข้อขึ้นเมื่อ จานจานข้านข้าน ข้านราม ข้านวน ข้อขึ้นเมื่อ จานจานข้อขึ้นเมื่อ จานจานข้านข้าน ที่ม่ามานที่จิงใน โลย จานส่วนข้างข้าน โลย จานข้านข้านอง จานข้างขนาน โลย จานจานข้างขึ้นเมื่อ จานจานข้าจานข้าไป จาลง จานข้านข้างขนางของ จานจานจานข้าจานข้อขึ้นเมื่อ จานจานจานข้าจานของ จานจานข้านข้านอง จานจานจานข้างข้านข้าย จานจานข้านที่ม่านจานจาง จานจานข้านข้างขนางจานจานข้างข้า</li> </ul>	>			40.1-02.0	1			N. ureae	ซึ่งสายพันธุ์ส่วนใหญ่	I
ชุมชน ชุมชน (1.2.40 ⁵ -1.7.40 ⁵ ) (6.3.40 ⁵ -4.5.410 ⁶ ) (1.2.2.0 ⁵ -1.7.10 ⁵ ) (6.3.10 ⁵ -4.5.410 ⁶ ) (1.1.0000 อธ. และ (1.2.2.10 ³ -1.7.10 ⁵ ) (6.3.10 ⁵ -4.5.410 ⁶ ) (1.1.0000 อธ. และ อุตสาหกรรม 106.8-32.8 ความสัมพันธ์กับ (1.1.1 ⁴ -1 ในมี จำนวนเพื่อขึ้นเมื่อ - 401.9-64.5 106.8-32.8 ความสัมพันธ์กับ (1.1.4 ⁴ -1 ลิตลง ลิการม ลิการม ลิการม					รถ IGK				ใกล้เคียงที่พบในระบบดิน	
<ul> <li>พุมงน (9.8-76.6)</li> <li>(9.8-76.6)</li> <li>(7.2x10³-1.7x10⁵)</li> <li>(6.3x10⁵-4.5x10⁶)</li> <li>(6.3x10⁵-4.5x10⁶)</li> <li>(6.3x10⁵-4.5x10⁶)</li> <li>(7.2x10³-9.9x10³)</li> <li>(35.2-262.0)</li> <li>(35.2-262.0)</li> <li>(2.6x10⁷-3.6x10³)</li> <li>(5.7x10³-9.9x10³)</li> <li>(5.7x10³-9.9x10³)</li> <li>(5.7x10³-9.9x10³)</li> <li>(5.7x10³-9.9x10³)</li> <li>(5.7x10³-9.9x10³)</li> <li>(31.19-64.5</li> <li>106.8-32.8</li> <li>ความสัมพันธ์กับ</li> <li>(NH₄⁴) ลดล</li> <li>(NH₄⁴) ลดล</li> <li>(0.19-64.5</li> <li>(0.6.8-32.8</li> <li>(0.19-64.5</li> <li>(0.19-64.5<td></td><td></td><td></td><td>1 9/9 19/9</td><td>โม DR</td><td>1 0/01</td><td>1 0/010/0</td><td>พบในสกุล</td><td></td><td>AOA อาจมีการ</td></li></ul>				1 9/9 19/9	โม DR	1 0/01	1 0/010/0	พบในสกุล		AOA อาจมีการ
(9.8-76.6)         (7.2x10 ³ -1.7x10 ⁵ )         (6.3x10 ⁵ -4.5x10 ⁶ )         Introsospira พังในนัก อุตสาหกรรม           อุตสาหกรรม         อุตสาหกรรม         อุตสาหกรรม         อุตสาหกรรม           อุตสาหกรรม         อุตสาหกรรม         อุตสาหกรรม         อุตสาหกรรม           (35.2-262.0)         (2.6x10 ⁷ -3.6x10 ⁹ )         (5.7x10 ³ -9.9x10 ³ )         เสียงรุมงานเละนักเสีย           (35.2-262.0)         (2.6x10 ⁷ -3.6x10 ⁹ )         (5.7x10 ³ -9.9x10 ³ )         เสียงรุมงานเละนักเสีย           (35.2-262.0)         (2.6x10 ⁷ -3.6x10 ⁹ )         (5.7x10 ³ -9.9x10 ³ )         เสียงรุมงานเละนักเสีย           (35.2-262.0)         (2.6x10 ⁷ -3.6x10 ⁹ )         (5.7x10 ³ -9.9x10 ³ )         เสียงรานเละนักเสีย           (35.2-262.0)         (35.2-262.0)         (2.6x10 ⁷ -3.6x10 ⁹ )         (5.7x10 ³ -9.9x10 ³ )         เสียงรานเละนักเสีย           (10.9-64.5         106.8-32.8         ความสัมพันธ์กับ         (NH ₄ ⁻¹ ) สดลง         กลุ่งสงลง		_		ทณฑด้	И.	ทณฑภ์	กณฑม	Nitrosomonas และ		ปรับตัวต่อสารพิษใน
อุตสาหกรรม         อุตสาหกรรม         อุตสาหกรรม         อุตสาหกรรม         อุตสาหกรรม           (35.2-262.0)         (2.6×10 ² )         (5.7×10 ² -9.9×10 ³ )         (5.7×10 ³ -9.9×10 ³ )         (3.7×10 ³ -9.9×10 ³ )           (35.2-262.0)         (2.6×10 ⁷ -3.6×10 ³ )         (5.7×10 ³ -9.9×10 ³ )         (5.7×10 ³ -9.9×10 ³ )         (5.7×10 ³ -9.9×10 ³ )           (35.2-262.0)         (2.6×10 ⁷ -3.6×10 ³ )         (5.7×10 ³ -9.9×10 ³ )         (5.7×10 ³ -9.9×10 ³ )         (5.7×10 ³ -9.9×10 ³ )           (35.10         (3.7×10 ³ -1.3×10 ³ )         (5.7×10 ³ -1.3×10 ³ )         (5.7×10 ³ -1.3×10 ³ )         (5.7×10 ³ -1.3×10 ³ )           -         401.9-64.5         106.8-32.8         ความสัมพันธ์กับ         (NH ₄ ⁺¹ ) สตลง         กลุ่ม thaumarchaeota				(9.8-76.6)	າຈີ U	(7.2×10 ³ -1.7×10 ⁵ )	(6.3x10 ⁵ -4.5x10 ⁶ )			
(35.2-262.0)         (2.6×10 ⁷ -3.6×10 ⁹ )         (5.7×10 ³ -9.9×10 ³ )         เลียงบทนและนำเสีย อุตสาหกรรม           -         401.9-64.5         106.8-32.8         ความสัมพันธ์กับ กำบวบ         เกн ₄ ⁺¹ ไม่มี กำบวบ         กำนวนเพื่อชื้นเมื่อ เกลุ่ม thaumarchaeota	>		>	อุตสาหกรรม	<b>n</b>	อุตสาหกรรม	อุตสาหกรรม		I	น แลยยุทล เกม มมเท ะ.
- 401.9-64.5 106.8-32.8 ความสัมพันธ์กับ [NH ₄ ⁺ ] ลตลง กลุ่ม thaumarchaeota กลุ่ม thaumarchaeota				(3E 2 362 0)	U T	(264107 264109)	(E 7~103 0 0~103)	เสียชุมชนและนำเสีย		น้อยกว่า AOB จึงพบ
- 401.9-64.5 106.8-32.8 ความสัมพันธ์กับ [NH ₄ ⁺ ] ลดลง - กลุ่ม thaumarbarewันรู้ใน จำนวน				(0.202-2.00)	เล้ย RS	( 0140.C- 0140.7)	I DIVER DIVIC	อุตสาหกรรม		จำนวนน้อยกว่า
- 401.9-64.5 106.8-32.8 ความสัมพันธ์กับ งานงนเพยงแม่มย - พบพรากาตรายสายพางรุณ [NH ₄ ⁺ ] สดลง กลุ่ม thaumarchaeota					J ITY	[NH4 ⁺ ] ไม่มี	-11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-000-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -11-20-000 -10-000 -10-000 -10-000 -10-000 -10-000 -10-000 -10-000 -10-000 -10-000 -10-000 -10-000 -10-000 -10-000 -10-000 -10-000 -10-000 -10-000 -10-000 -10-000 -10-000 -10-000 -10-000 -10-000 -10-000 -10-000 -10-000 -10-000 -10-000 -10-000 -10-000 -10-000 -10-0000 -10-000 -10-000 -10-0000 -10-0000 -10-0000 -10-0000 -10-0000 -10-0000 -10-0000 -10-0000 -10-0000 -10-0000 -10-0000 -10-0000 -10-0000 -10-0000 -10-000			AOA เพิ่มจำนวน
้จำบวน [NH ₄ T] ธุตตุง กลุ่ม thaumarchaeota	>		I	401.9-64.5	106.8-32.8	ความสัมพันธ์กับ	าน เนเพยานเมย	ı	พบทด เกทด เอด เอพนจูเน	มากขึ้นเมื่อ [NH4 ⁺ ]
	(RBC)					จำนวน	[NH ₄ ⁺ ] ลดลง		ກຄຸນ thaumarchaeota	6064

## 3.3.3 การค้นพบการใช้แหล่งคาร์บอนที่แตกต่างกันของแอมโมเนียออกซิไดซิงอาร์เคีย

จากการค้นพบ AOA สายพันธุ์บริสุทธิ์ *N. maritimus* ครั้งแรกของโลก ซึ่งพบว่ามีการทำงาน แบบออโตโทรป คือ ใช้แหล่งพลังงานจากแอมโมเนียและใช้แหล่งคาร์บอนจากคาร์บอนไดออกไซด์ โดยจะถูกยับยั้งการเจริญเติบโตเมื่อมีสารอินทรีย์อยู่ในระบบ จากการค้นพบดังกล่าวทำให้เปลี่ยน ความเข้าใจจากเดิมที่ว่า AOB เท่านั้นที่มีหน้าที่ย่อยสลายแอมโมเนีย หลังจากจากนั้นการศึกษาการ ทำงานของ AOA จึงเกิดขึ้นอีกจำนวนมาก ซึ่งเป็นการศึกษาความสามารถของ AOA ในการย่อยสลาย แอมโมเนียในแหล่งคาร์บอนที่แตกต่างกันในแต่ละสายพันธุ์ที่พบ ซึ่งผลการศึกษาบางงานวิจัยพบว่า AOA มีการใช้แหล่งคาร์บอนที่แตกต่างกันในระดับสายพันธุ์ ดังนี้

 1) Muβmann และคณะ (2011) ศึกษาความหลากหลายของกลุ่มประชากรและการทำงาน ของ AOA ในไฟลัม Thaumarchaeota โดยตรวจนับ AEA (amoA-encoding archaea) ซึ่งหมายถึง อาร์เคียที่มียืน amoA อยู่ในเซลล์แต่อาจไม่มีการทำงานของยืนดังกล่าว แหล่งศึกษาในงานวิจัยนี้คือ ระบบบำบัดน้ำเสีย 52 แห่งในยุโรป โดยแบ่งเป็นระบบบำบัดน้ำเสียจากอุตสาหกรรม 17 แห่ง และ จากระบบบำบัดน้ำเสียชุมชน 35 แห่ง ผลการทดลองพบเพียง 4 ระบบบำบัดเท่านั้นที่มีจำนวนยืน AEA โดย 1 ใน 4 ระบบเป็นน้ำเสียจากโรงงานกลั่นน้ำมันซึ่งพบ AEA มากกว่า AOB 10,000 เท่า ใน ระบบย่อยของกระบวนการบำบัดน้ำเสียจากโรงกลั่นน้ำมัน จากนั้นได้มีการศึกษาการใช้แหล่งคาร์บอน ของ AOB และ AEA โดยเทคนิค Microautoradiography fluorescence in situ hybridization (MAR-FISH) ซึ่งใช้สารอนินทรีย์คาร์บอนไอโซโทป ¹⁴C เป็นตัวระบุ พบว่า AEA ไม่มีการสะสมคาร์บอน ไอโซโทป ¹⁴C เข้าสู่เซลล์จึงสันนิษฐานว่า AEA ที่พบเพียงสายพันธุ์เดียวในกลุ่ม 1.1b ของไฟลัม Thaumarchaeota ในระบบบำบัดที่ตรวจพบอาจไม่ได้มีการทำงานแบบ Chemolithoautotrophs แต่อาจมียืน amoA อยู่ในเซลล์ และการทำงานของสายพันธุ์ดังกล่าวอาจเป็นแบบเฮทเทอโรโทรป (Heterotroph) โดยเซลล์อาจใช้สารอินทรีย์ในน้ำเสียเป็นแหล่งคาร์บอนและแหล่งพลังงานใน กระบวนการสร้างเซลล์แทน

2) Tourna และคณะ (2011) สามารถแยก AOA สายพันธุ์บริสุทธิ์ Nitrososphaera viennensis (N. viennensis) จากดินโดยการเติมสารปฏิชีวนะ และเมื่อศึกษาการทำงานของ N. viennensis โดยดูการเจริญเติบโตที่ความเข้มข้นแอมโมเนียต่างกัน และการเติมสารอินทรีย์ต่าง ๆ เพิ่มลงไป เช่น ไพรูเวท กรดอะมิโน ซูโครส เป็นต้น ผลการทดลองพบว่า N. viennensis มีการใช้ ไพรูเวทซึ่งเป็นสารอินทรีย์ภายใต้สภาวะมีแอมโมเนียร่วมในระบบ จึงสรุปว่า N. viennensis เป็น AOA สายพันธุ์บริสุทธิ์ที่มีการทำงานแบบมิกโซโทรป (Mixotroph) ซึ่งหมายถึงการใช้แหล่งคาร์บอน ได้จากทั้งสารอินทรีย์และคาร์บอนไดออกไซด์ จากงานวิจัยที่ผ่านมาพบว่า AOA มีการใช้แหล่งคาร์บอนที่แตกต่างกันออกไปในระดับสาย พันธุ์ แต่อย่างไรก็ตามยังคงต้องมีการศึกษาการทำงานของ AOA ต่อไปโดยเฉพาะในระบบสิ่งแวดล้อม ต่าง ๆ ที่การกำจัดแอมโมเนียมีความสำคัญ เพื่อใช้พัฒนาประสิทธิภาพการกำจัดแอมโมเนียของกลุ่ม จุลินทรีย์ในระบบนั้น ๆ ให้ดียิ่งขึ้น

ปัจจัยชื่		แหล่งอ้างอิง	
เกี่ยวข้อง	Könneke และคณะ (2005)	Mu <b>β</b> maan และคณะ (2011)	Tourna และคณะ (2011)
ชนิดจุลินทรีย์	N.maritimus	สายพันธุ์เดียวในกลุ่ม I.1bThaumachaeota	N. viennensis
การทำงานที่พบ	ออโตโทรป	เฮทเทอโรโทรป	มิกโซโทรป
สารอินทรีย์	ถูกยับยั้งการเจริญเติบโต ที่ความเข้มข้นต่ำ	ไม่มีการตรวจสอบ เป็นเพียงข้อสันนิษฐาน	พบการใช้ไพรูเวทใน สภาวะมีแอมโมเนีย
การกำจัด แอมโมเนีย	ถูกยับยั้งการเจริญเติบโต ที่ความเข้มข้น 2 มิลลิ โมล	ไม่มีการตรวจสอบ	กำจัดแอมโมเนียได้ดีเมื่อ มีไพรูเวท และถูกยับยั้ง การเจริญเติบโตที่ความ เข้มข้น 20 มิลลิโมล

ตารางที่ 3.4 สรุปการใช้แหล่งคาร์บอนที่แตกต่างกันของแอมโมเนียออกซิไดซิงอาร์เคีย

## Chulalongkorn University

# 3.4 เทคนิคระดับโมเลกุล (Molecular technique)

ในปัจจุบันเทคนิคระดับโมเลกุลมีบทบาทอย่างมากในการศึกษาจุลินทรีย์ในสิ่งแวดล้อมต่าง ๆ เพื่อใช้อธิบายการทำงานหรือจำนวนจุลินทรีย์ที่สนใจ โดยในหัวข้อนี้จะอธิบายหลักการทำงานของ เทคนิคระดับโมเลกุลที่เกี่ยวข้องกับงานวิจัยนี้เท่านั้น

# 3.4.1 ปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอร์เรสแบบเวลาจริง (Real-time polymerase chain reaction; Real- time PCR)

ปฏิกิริยา Real-time PCR เป็นวิธีที่พัฒนามาจากปฏิกิริยา PCR โดยอาศัยหลักการพื้นฐาน เดียวกันในเรื่องการเพิ่มจำนวนสารพันธุกรรมหรือยีนของสิ่งมีชีวิต แต่มีข้อแตกต่างกัน คือปฏิกิริยา Real-time PCR ผลที่ได้ออกมาจะเป็นไปในเชิงปริมาณ กล่าวคือ ปฏิกิริยานี้สามารถคำนวณจำนวน ยีนที่ต้องการออกมาได้เมื่อเทียบกับกราฟมาตรฐาน

## การใช้งานเครื่อง Real-time PCR แบ่งออกเป็น 2 ลักษณะใหญ่ คือ

## 1) การใช้งานในการวิเคราะห์เชิงปริมาณ

การวัดปริมาณสีเรืองแสงจากตัวเปล่งแสง (Fluorephore) ใช้ในการวิเคราะห์เชิงปริมาณ เนื่องจากสามารถเห็นการเพิ่มของจำนวนดีเอ็นเอ เนื่องจากในระหว่างการเพิ่มจำนวน ดีเอ็นเอในแต่ละรอบของปฏิกิริยา Real-time PCR จะมีการนับจำนวนดีเอ็นเอเทียบกับกราฟ มาตรฐานที่ได้จากจำนวนดีเอ็นเออ้างอิงที่ทราบจำนวนแน่นอน ตลอดเวลาที่มีการเพิ่มปริมาณดีเอ็นเอ ในแต่ละรอบ ซึ่งจอประมวลผลจะแสดงออกมาในรูปแบบกราฟเส้นรูปตัวเอส (S shape) และเป็น กราฟระหว่างสีเรืองแสงกับจำนวนรอบของการทำปฏิกิริยาลูกโซ่ (พัชนียา ธรรมวงศ์, 2551)

## 2) การวิเคราะห์ Melting Curve

ในการใช้สารเรืองแสงในปฏิกิริยา Real-time PCR สารเรืองแสงสามารถซึมเข้าสู่ดีเอ็นเอสาย สั้น ๆ ได้ ทำให้การนับจำนวนเกิดการผิดพลาดได้ ดังนั้นการวิเคราะห์ Melting curve เป็นทำให้ ดีเอ็นเอสายสั้น ๆ ที่มีการซึมของสารเรืองแสงแยกออกจากกันโดยเพิ่มอุณหภูมิให้อยู่ในช่วง 65-75 องศาเซลเซียส โดยโปรแกรมคอมพิวเตอร์ประมวลผลแล้วทำเป็นกราฟความสัมพันธ์ระหว่างสีเรือง แสงที่เปลี่ยนแปลงไปต่ออุณหภูมิ (dF/dT) กับอุณหภูมิ (T) โดยจะให้กราฟจะมีค่าสูงสุดที่อุณหภูมิต่ำ

## 3.4.2 PCR-DGGE และ DNA-sequencing

เทคนิค PCR-DGGE เป็นเทคนิคสำหรับการแยกดีเอ็นเอของจุลินทรีย์แต่ละสายพันธุ์โดย ประกอบด้วย 2 เทคนิคคือ ปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอเรส (Polymerase chain reaction, PCR) ซึ่งเป็น การเพิ่มจำนวนยืนของจุลินทรีย์ที่สนใจโดยใช้ไพร์เมอร์ที่มีความจำเพาะกับจุลินทรีย์กลุ่มนั้นโดยผล ของการทำ PCR จะเป็นไปในเชิงคุณภาพเท่านั้น

## ส่วนประกอบของปฏิกิริยาลูกโซ่พอลิเมอร์เรส (Polymerase Chain Reaction; PCR)

แม่พิมพ์ (Template) - แม่พิมพ์ คือแม่แบบของดีเอ็นเอที่ต้องการเพิ่มจำนวน ซึ่งในที่นี้คือดี เอ็นเอจากตัวอย่างที่ต้องการศึกษา

1) Tag DNA polymerase - Tag DNA polymerase คือ เอ็นไซม์ที่ทำหน้าที่ต่อสายดีเอ็น เอทนความร้อนสูง (93 ถึง 95 องศาเซลเซียส) ได้

2) นิวคลีโอไทด์ – นิวคลีโอไทด์ มี 4 ชนิด คือ (A-adenine, C-cytosine, G-guanine และ T-thymine) ต่อกันเป็นดีเอ็นเอสายใหม่

3) ไพร์เมอร์ (Primer) - ไพร์เมอร์ คือ ดีเอ็นเอสายเดี่ยวที่จับคู่กับปลายของแม่พิมพ์ทั้ง 2 ด้าน คือปลาย 3' ซึ่งเป็นหมู่ไฮดรอกซิล (Hydroxyl group) ที่สามารถต่อกับนิวคลิโอไทด์อื่นได้ โดย ไพร์เมอร์แต่ละชนิดจะมีความจำเพาะต่อจุลินทรีย์ AOA และ AOB ที่แตกต่างกัน ตัวอย่างไพร์เมอร์ และความจำเพาะกับกลุ่มจุลินทรีย์แสดงในตารางที่ 4.7 หลังจากการทำ PCR ส่วนมากนิยมนำไปทำต่อด้วยเทคนิค Denaturing Gradient Gel Electrophoresis (DGGE) สำหรับหลักการของเทคนิค DGGE คือ การนำดีเอ็นเอที่ทำการเพิ่มจำนวน โดยไพร์เมอร์ที่จำเพาะกับกลุ่มจุลินทรีย์ที่ต้องการโดยเทคนิค PCR แล้ว ไปหยอดลงบนเจล อาร์คริลาไมด์ (Acrylamide) ที่มีความเข้มข้นแตกต่างกัน โดยดีเอ็นเอจะเคลื่อนที่ไปบนเจล และมี การแยกของสายดีเอ็นเอแต่ละสายพันธุ์ขึ้นอยู่กับลำดับ ชนิดของนิวคลีโอไทด์และอุณหภูมิการหลอม หรือการแยกในดีเอ็นเอแต่ละสายพันธุ์ขึ้นอยู่กับลำดับ ชนิดของนิวคลีโอไทด์และอุณหภูมิการหลอม หรือการแยกในดีเอ็นเอแต่ละสายพันธุ์ นอกจากการแยกดีเอ็นเอโดยเทคนิค DGGE แล้วยังสามารถ ระบุสายพันธุ์ที่พบในตัวอย่างได้อีกวิธีโดยการทำ Clone Library (ภาพที่ 3.12 ) โดยนำดีเอ็นเอที่ทำ การเพิ่มจำนวนดีเอ็นเอด้วยเทคนิค PCR แล้วแทรกลงไปในพลาสมิด (Plasmid) จากนั้นทำการถ่าย พลาสมิดลงบนเซลล์ *Escherichia coli (E.coli)* และนำไปเพาะเชื้อจนเกิดเป็นโคโลนีขึ้นมา และทำ การสุ่มโคโลนีที่เกิดขึ้นไปทำ PCR อีกครั้งเพื่อใช้ในการวิเคราะห์ DNA-sequencing ซึ่งเป็นการถอด ลำดับนิวคลีโอไทด์ในดีเอ็นเอและนำไปตรวจสอบกับฐานข้อมูลรหัสพันธุกรรมใน Genbank เพื่อระบุ สายพันธุ์จุลินทรีย์



ภาพที่ 3.12 การทำ Clone library

## 3.4.3 การประยุกต์ใช้ธาตุไอโซโทปกับเทคนิคระดับโมเลกุล

การพัฒนาเทคนิคระดับโมเลกุลโดยการนำไอโซโทปของธาตุที่ไม่ได้พบทั่วไปในธรรมชาติมา สร้างเป็นสารประกอบในรูปของสับสเตรต (Substrate) เพื่อศึกษาการตอบสนองต่อสับสเตรตชนิดนั้น ของจุลินทรีย์ โดยไอโซโทปส่วนใหญ่ที่นิยมใช้ในสับสเตรต คือ คาร์บอนและไนโตรเจน เพราะเป็นธาตุ องค์ประกอบหลักของเซลล์ โดยนิยมศึกษาการตอบสนองของกลุ่มจุลินทรีย์ต่อสับสเตรตชนิดนั้นใน อนุพันธ์กรดไขมันฟอสโฟลิปิด (Phospholipid-derived fatty acid, PLFA), ดีเอ็นเอ (DNA) และ อาร์เอ็นเอ (RNA) ของจุลินทรีย์ชนิดต่าง ๆ ซึ่งผลการศึกษาพบว่าการใช้ไอโซโทปมีความแม่นยำในการ ระบุกลุ่มจุลินทรีย์ที่ตอบสนองต่อสับสเตรตที่ต้องการทราบ ต่อมาจึงทำให้มีการนำไอโซโทปมา ประยุกต์ใช้กับเทคนิคระดับโมเลกุลอย่างแพร่หลาย (Neufeld และคณะ, 2007) ยกตัวอย่างเช่น เทคนิค Fluorescence *in situ* hybridization and microautoradiography (FISH-MAR) ซึ่งเป็น การนำเทคนิค FISH ที่บอกถึงจำนวนและกลุ่มประชากรในสิ่งแวดล้อมมาศึกษาร่วมกับการใช้ไอโซโทป รังสี เช่น ¹⁴C, ³H และ ³³P เป็นต้น ทำให้ทราบถึงการทำงานของกลุ่มจุลินทรีย์ที่สนใจได้ สำหรับการ ทำ FISH-MAR ในเบื้องต้นนั้นต้องทำการบ่มจุลินทรีย์เพื่อให้จุลินทรีย์มีการสะสมไอโซโทปของ สับสเตรตเข้าสู่เซลล์ก่อนจากนั้นจึงทำเทคนิค FISH โดยติดฉลากบน 16s rRNA ของแต่ละเซลล์ และ นำไปวิเคราะห์ร่วมกันซึ่งจะทำให้ทราบถึงการทำงานของกลุ่มประชากรจุลินทรีย์ที่สนใจได้พร้อมกัน แสดงผลตัวอย่างการทำ FISH-MAR ภาพที่ 3.13



ภาพที่ 3.13 ตัวอย่างผลการทำ FISH-MAR (Okabe และคณะ, 2005) การพัฒนาเทคนิคระดับโมเลกุลโดยประยุกต์ใช้กับไอโซโทปยังมีอีกจำนวนมาก เช่น Raman-FISH nanoSIM-FISH เป็นต้น

## 3.4.3.1 Stable isotope probing (SIP) (Kreuzer-Martin, 2007)

เทคนิค SIP เป็นเทคนิคที่ใช้ไอโซโทปเสถียร เช่น ¹³C, ¹⁵N และ ¹⁸O เป็นต้น เพื่อช่วยระบุการ ทำงานและชนิดของกลุ่มจุลินทรีย์ที่มีต่อสับสเตรตไอโซโทปที่ใช้ในการวิเคราะห์ได้เป็นอย่างดี โดย องค์ประกอบของเซลล์ที่นิยมใช้ศึกษาการสะสมไอโซโทปของสับสเตรตเข้าสู่เซลล์จุลินทรีย์ แบ่ง ออกเป็น 2 ประเภท คือ กรดไขมันและกรดนิวคลีอิก ซึ่งมีรายละเอียด ดังนี้

#### 1) Lipids stable isotope probing (Lipid-SIP)

การศึกษากลุ่มประชากรโดยการทำ Lipid-SIP จะใช้กับสับสเตรตไอโซโทปเสถียร เช่น คาร์บอน ¹³C เป็นหลัก ขั้นตอนแรกต้องทำการบ่มจุลินทรีย์กับสับสเตรตเพื่อให้จุลินทรีย์สะสม ไอโซโทปเข้าสู่เซลล์ จากนั้นทำการสกัดลิปิดของไอโซโทปออกมาและทำไปวิเคราะห์ต่อด้วยเครื่อง Gas chromatography (GC-MS) โดยลิปิดในเซลล์ที่นิยมใช้ศึกษา คือ ฟอสโฟลิปิด ซึ่งข้อดีของการ ทำ Lipid-SIP พบว่าไม่มีข้อจำกัดเรื่องระยะเวลาในการสะสมธาตุไอโซโทปเข้าสู่เซลล์เหมือน DNA-SIP ที่ต้องใช้ระยะเวลาช่วงหนึ่งในการบ่มให้มากพอที่จะเห็นความแตกต่างระหว่างดีเอ็นเอ 2 ไอโซโทป เพราะการตรวจวัดของ Lipid-SIP คือ GC-MS ซึ่งสามารถตรวจจับไอโซโทปได้แม้มีปริมาณ น้อยก็ตาม แต่ข้อด้อยของ Lipid-SIP ก็มีเช่นกัน กรณีใช้ Lipid-SIP ในการศึกษาสายวิวัฒนาการของ กลุ่มจุลินทรีย์ เนื่องจากลิปิดเป็นองค์ประกอบในเซลล์ที่ไม่มีความจำเพาะต่อเซลล์มากพอที่จะใช้ใน การศึกษาระดับพันธุกรรม อีกข้อด้อยของการทำ Lipid-SIP คือ ความเข้มข้นของลิปิดที่สกัดได้ต้อง มากพอที่จะใช้ในการตรวจวิเคราะห์ไอโซโทปในลิปิด

#### 2) Nucleic acid - stable isotope probing (NA-SIP)

NA-SIP เป็นการใช้ไอโซโทปเสถียร ได้แก่ ¹³C ในรูปของสับสเตรตในการบ่มจุลินทรีย์เพื่อให้ จุลินทรีย์สะสมธาตุไอโซโทปเข้าสู่เซลล์และนำไปสร้างกรดนิวคลิอิก จากนั้นนำจุลินทรีย์มาสกัดดีเอ็น เอหรืออาร์เอ็นเอ และนำไปแยกดีเอ็นเอหรืออาร์เอ็นเอตามความหนาแน่นสำหรับการลอยตัว (Buoyant density) โดยเครื่อง Ultracentrifuge ซึ่งจะพบว่าดีเอ็นเอหรืออาร์เอ็นเอที่เกิดจาก คาร์บอนไอโซโทป ¹³C จะมีความหนาแน่นมากกว่าและเมื่อถูกปั่นเหวี่ยงด้วยเครื่อง Ultracentrifuge จะสามารถแยกตัวออกมาจากดีเอ็นเอหรืออาร์เอ็นเอที่ไม่ได้สร้างจากคาร์บอนไอโซโทป ¹³C ได้จากนั้น เก็บแฟรคชัน (fraction) ของดีเอ็นเอหรืออาร์เอ็นเอ และนำไปวิเคราะห์ความแตกต่างของการทำงาน จุลินทรีย์ต่อสับสเตรตชนิดนั้น สำหรับวิธีวิเคราะห์ที่นิยมทำในขั้นต่อจาก NA-SIP คือ การทำ PCR-DGGE และ Reverse transcript PCR (RT-PCR) เป็นต้น สำหรับการทำ NA-SIP สามารถแบ่ง ออกเป็น 2 ประเภทตามชนิดกรดนิวคลิอิก ดังนี้

- DNA-SIP (Neufeld และคณะ, 2007)

การทำ DNA-SIP สามารถทำได้ 2 แบบคือ แบบเติมและไม่เติมเอธิเดียมโบรไมด์ (Ethidium bromide, EtBr) ซึ่งการเติม EtBr จะช่วยให้เห็นดีเอ็นเอได้ชัดเจนยิ่งขึ้นแต่ต้องใช้ดีเอ็นเอในการแยก อย่างน้อย 15 ไมโครกรัมถึงจะเห็นการแยกที่ชัดเจน สำหรับขั้นตอนการทำ DNA-SIP แบ่งออกเป็น 3 ขั้นตอนหลัก ดังนี้

1) การบ่มจุลินทรีย์และการสกัดดีเอ็นเอ

การบ่มตะกอนจุลินทรีย์จะเป็นการนำตัวอย่างมาบ่มกับสับสเตรตไอโซโทป ¹³C ซึ่งต้องมีการ คำนวณปริมาณสับสเตรตให้เพียงพอต่อการเจริญเติบโตของกลุ่มจุลินทรีย์ที่เพิ่มขึ้นให้มากพอที่จะเห็น ความแตกต่างของดีเอ็นเอจากการเปรียบเทียบระหว่างคาร์บอนไอโซโทป ¹²C และ ¹³C ดังนั้นการบ่ม จุลินทรีย์ในขั้นนี้ต้องเตรียมชุดการบ่มด้วยสับสเตรต ¹²C เพื่อใช้ในการเปรียบเทียบอีกชุดหนึ่งด้วย เมื่อจำนวนจุลินทรีย์เจริญเติบโตเพิ่มมากพอ (อาจตรวจนับจำนวนโดย Real-time PCR) จึงนำมาสกัด ดีเอ็นเอและวัดปริมาณดีเอ็นเอด้วยเครื่อง UV-spectrophotometer

2) การแยกดีเอ็นเอด้วยเครื่อง Ultracentrifuge

สำหรับการแยกดีเอ็นแบบเติม EtBr ต้องใช้ปริมาณดีเอ็นเอที่มากกว่าแบบไม่เติมประมาณ 10 เท่า เพื่อบรรจุลงหลอด Ultracentrifuge โดยการบรรจุต้องคำนึงถึงน้ำหนักที่สมดุลระหว่างสอง หลอดต้องต่างกันไม่เกิน 10 มิลลิกรัม จากนั้นปิดหลอดด้วยความร้อนและชั่งน้ำหนักเปรียบเทียบอีก ครั้ง และนำหลอดเข้าเครื่อง Ultracentrifuge โดยตั้งค่าความเร็วรอบ 44,100 รอบต่อวินาที (แรงหนี ศูนย์กลางเฉลี่ย 177,000 g_{av}) ที่อุณหภูมิ 20 องศาเซลเซียส สำหรับเวลาในการปั่นเหวี่ยงขึ้นอยู่กับ แต่ละการทดลองแต่ควรมากกว่า 36 ชั่วโมงขึ้นไปเพื่อการแยกดีเอ็นเอที่สมบูรณ์

# 3) การเก็บ fraction ดีเอ็นเอ

ตั้งหลอด Ultracentrifuge ดังภาพที่ 3.14 โดยเข็มด้านบนต่อกับ Peristaltic pump ซึ่งมี การสูบแบบต่อเนื่องโดยตั้งอัตราการไหลต่อ 1 แฟรคชัน (fraction) เท่ากับ 425 ไมโครลิตรต่อนาที จากนั้นเจาะหลอดด้านล่างและเปิด Peristaltic pump เพื่อเก็บสารละลายในหลอด Ultracentrifuge โดยจำนวนแฟรคชัน ของ ¹²C และ ¹³C ควรมีจำนวนเท่าหรือใกล้เคียงกันเพื่อที่จะสามารถ เปรียบเทียบผลกันได้สำหรับการเก็บแฟรคชัน แบบเติม EtBr ต้องเก็บภายใต้แสงอัลตราไวเลต (ควร ทำด้วยความระมัดระวังและใส่อุปกรณ์ป้องกันให้เรียบร้อย) จากนั้นวัดค่าความหนาแน่นของแต่ละ fraction ซึ่งควรมีค่าอยู่ในช่วง 1.690-1.760 กรัม/มิลลิลิตร และทำการตกตะกอนดีเอ็นและเก็บ รักษาดีเอ็นเอใน TE buffer ที่อุณหภูมิ -20 องศาเซลเซียส



ภาพที่ 3.14 การเก็บ fraction แบบเติม EtBr (a) และแบบไม่เติม EtBr (b)

## - RNA-SIP

การเปรียบเทียบการทำ RNA-SIP กับ DNA-SIP พบว่า RNA-SIP ต้องทำการแยกดีเอ็นเอใน สารละลายซีเซียมไตรฟลูออโรอะซีเตต (Cesiumtrifluoroacetate, CsTFA) ซึ่งให้ค่าความหนาแน่น ในการแยกที่ดีกว่าการใช้ซีเซียมคลอไรด์ โดยสิ่งที่ต้องระวังในการทำ RNA-SIP คือปริมาณ RNA ไม่ ควรมากเกินไปเพราะจะทำให้การแยกเกิดไม่สมบูรณ์ และหลังจากการแยกดีเอ็นแล้วเทคนิคที่ นำมาใช้ตรวจนับจำนวนและระบุสายพันธุ์ ได้แก่ RT-PCR และ DGGE ซึ่งข้อดีประการหนึ่งของ RNA-SIP พบว่ามีการสะคมคาร์บอนไอโซโทปที่เร็วกว่าเมื่อเปรียบเทียบกับ DNA-SIP

## 3.5 ตำแหน่งยืนสำหรับการออกแบบไพร์เมอร์เพื่อตรวจวัดจุลินทรีย์ AOA และ AOB

จากภาพที่ 3.7 การออกซิไดซ์แอมโมเนียไปเป็นไนไตรต์ต้องอาศัยเอนไซม์ที่สำคัญคือ แอมโมเนียโมโนออกซีจีเนส (ammonia monooxygenase, AMO) ซึ่งในจุลินทรีย์แอมโมเนียออกซิ ไดเซอร์จะมียีน amo ที่ทำหน้าที่ผลิตเอนไซม์ชนิดนี้ และทั้ง AOA และ AOB ต่างมียีนชนิดนี้เช่นกัน ดังนั้นยีน amo จึงเป็นยีนสำคัญที่ใช้ในการตรวจหากลุ่มจุลินทรีย์ AOA และ AOB ในกระบวนการ แอมโมเนียออกซิเดชัน

#### 3.5.1 ยีน *amo*



ภาพที่ 3.15 เปรียบเทียบยืน amo ระหว่าง AOA และ AOB (Bartossek และคณะ, 2012)

AOB ทุกสายพันธุ์มีการเรียงตัวของหน่วยย่อยยืน amo ดังนี้ amoB, amoA และ amoC ตามลำดับ ซึ่งการออกแบบไพร์เมอร์เพื่อให้มีความจำเพาะกับ AOB ทั้งหมดหรือจำเพาะในระดับสาย พันธุ์จะต้องศึกษาถึงลำดับนิวคลีโอไทด์และวิเคราะห์หาตำแหน่งความเหมือนและความต่างของกลุ่ม ยืน AOB ทั้งหมดเพื่อนำมาออกแบบไพร์เมอร์ที่มีลำดับนิวคลีโอไทด์จำเพาะกับกลุ่มหรือสายพันธุ์ของ AOB ที่ต้องการ โดยตำแหน่งที่นิยมใช้ในการออกแบบไพร์เมอร์ของ AOB คือยืน amoA แต่ในหลาย งานวิจัยได้มีการออกแบบไพร์เมอร์ที่จำเพาะตำแหน่งยืนบน 16s rRNA เนื่องจากการออกแบบไพร์ เมอร์ที่จำเพาะกับยืน amoA ยังเป็นที่ถกเกียงกันอยู่ในแง่ของลำดับนิวคลีโอไทด์ที่สั้น (450 นิวคลีโอ ไทด์) และการอนุรักษ์ของยืนที่สูงแต่ยังคงน้อยกว่าตำแหน่งยืนบน 16s rRNA แต่สำหรับการใช้ ไพร์เมอร์ที่มีความจำเพาะบนยืน amoA ในงานวิจัยด้านสิ่งแวดล้อมยังคงมีความจำเพาะสูงและ เหมาะสมต่อการตรวจวัด AOB (Junier และคณะ, 2010) ขณะที่แอมโมเนียออกซิไดซิงอาร์เคีย (ammonia-oxidizing bacteria, AOA) หน่วยย่อยยืน amo ประกอบไปด้วย amoA, amoB, amoC และ amoX ซึ่งการจัดเรียงหน่วยย่อยของยืนดังกล่าวแตกต่างกันออกไปในแต่ละสายพันธุ์ โดยตำแหน่งบนยืน amoX หมายถึงตำแหน่งที่คาดการณ์ถึงตำแหน่งยืนอนุรักษ์ของ AOA แต่ละสาย พันธุ์ (Bartossek และคณะ, 2012)



จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย Chulalongkorn University

# บทที่ 4 แผนการดำเนินงานและวิธีการวิจัย

#### 4.1 แผนการดำเนินงานวิจัย

เพื่อระบุว่าแอมโมเนียออกซิไดซิงอาร์เคีย (Ammonia-oxidizing archaea, AOA) หรือ แอมโมเนียออกซิไดซิงแบคทีเรีย (Ammonia-oxidizing bacteria, AOB) เป็นกลุ่มจุลินทรีย์หลักที่ ออกซิไดซ์แอมโมเนียในระบบบำบัดน้ำเสีย งานวิจัยนี้จึงสนใจที่จะพิสูจน์การใช้แหล่งคาร์บอนจาก คาร์บอนไดออกไซด์ของ AOA และ AOB ในระบบบำบัดน้ำเสียชุมชน ซึ่งจากการทดลองเบื้องต้น พบว่าในระบบบำบัดน้ำเสียดังที่แสดงด้านล่างนี้มีการเจริญเติบโตร่วมกันระหว่างกลุ่มประชากร AOA และ AOB

ระบบบำบัดน้ำเสียที่ใช้ศึกษาในงานวิจัยในเบื้องต้นมีทั้งหมด 6 ระบบ คือ P1, P2, P3, P4, P5 และ P6

4.2 แผนผังการทดลอง

จากแผนผังการทดลองภาพที่ 4.1 การทดลองแบ่งออกเป็น 4 การทดลอง ดังนี้

- การทดลองที่ 1 การคัดเลือกระบบบำบัดน้ำเสีย
- **การทดลองที่ 2** การหาสภาวะที่เหมาะสมของเทคนิค DNA-SIP ต่อการกระจายตัวของดีเอ็นเอใน กลุ่มประชากร AOA และ AOB
- **การทดลองที่ 3** การพิสูจน์การใช้แหล่งคาร์บอนจากคาร์บอนไดออกไซด์ของกลุ่มประชากร AOA และ AOB ในระบบบำบัดน้ำเสียชุมชนในสภาวะมีแอมโมเนียโดยเทคนิค DNA stable isotope probing (DNA-SIP)
- **การทดลองที่ 4** การศึกษาการทำงานของกลุ่มประชากร AOA และ AOB ภายใต้ปัจจัยที่แตกต่างกัน ในระบบบำบัดน้ำเสียชุมชน 1 แห่งโดยเทคนิค DNA -SIP
- **การทดลองที่ 5** การศึกษาการทำงานและจำนวนประชากร AOA และ AOB ในถังปฏิกรณ์กวน แบบต่อเนื่อง (Continuous stirred tank reactor, CSTR)





(ต่อ)



(ต่อ)

**การทดลองที่ 5** การศึกษาความเข้มข้นแอมโมเนียต่อการทำงานและจำนวน ประชากร AOA และ AOB ในถังปฏิกรณ์กวนแบบต่อเนื่อง (Continuous stirred tank reactor, CSTR)

(ต่อ)



ภาพที่ 4.1 สรุปแผนผังการทดลอง

**4.2.1** การทดลองที่ 1 การคัดเลือกระบบบำบัดน้ำเสีย



ภาพที่ 4.2 แผนผังการทดลองช่วงที่ 1

การทดลองที่ 1 เป็นการคัดเลือกระบบบำบัดน้ำเสียชุมชน พิจารณาจากปัจจัยที่มีผลต่อการ เจริญเติบโตของกลุ่มประชากร AOA และ AOB ที่แตกต่างกัน ดังนี้

- <u>ประเภทของระบบบำบัดน้ำเสีย</u> เนื่องจากการใช้ระบบบำบัดน้ำเสียที่แตกต่างกันจะทำให้ ค่าพารามิเตอร์ในระบบแตกต่างกันด้วย เช่น สารอินทรีย์ ค่าออกซิเจนละลาย เป็นต้น โดยค่าดังกล่าวอาจมีผลต่อการเจริญเติบโตของกลุ่มประชากร AOA และ AOB ที่ต่างกัน
- 2) ค่าความเข้มข้นแอมโมเนียในน้ำเสียขาเข้าและขาออก ความเข้มข้นแอมโมเนียในระบบขณะ บำบัดมีค่าเดียวกับความเข้มข้นของแอมโมเนียในน้ำเสียขาออก ซึ่งค่าความชอบของแอมโมเนีย ของกลุ่มจุลินทรีย์หรือค่าจลนพลศาสตร์ของแอมโมเนีย (Ks) ของจุลินทรีย์กลุ่ม AOA และ AOB ในระดับสายพันธุ์ พบว่าที่ความเข้มข้นแอมโมเนียต่างกันจะมีการเจริญเติบโตไม่เท่ากัน ดังนั้น ความเข้มข้นแอมโมเนียจึงเป็นปัจจัยหนึ่งที่ใช้ในการเลือกระบบเพื่อสร้างความหลากหลายใน ระดับสายพันธุ์ของ AOA และ AOB
- <u>จำนวนประชากร AOA และ AOB ในระบบ</u> เป็นการเลือกเพื่อตรวจวัดจำนวนประชากรหลักใน ระบบเพื่อใช้ศึกษาความเป็นไปได้ที่กลุ่มจุลินทรีย์หลักในระบบจะมีบทบาทหลักในการกำจัด แอมโมเนียในระบบ
- ความหลากหลายของสายพันธุ์ประชากร AOA และ AOB ในงานวิจัยนี้ต้องการความ หลากหลายทางสายพันธุ์เพื่อใช้ศึกษาการใช้แหล่งคาร์บอนจากคาร์บอนไดออกไซด์ของจุลินทรีย์ ที่อาจมีความแตกต่างกันในระดับสายพันธุ์

ข้อมูลในตารางที่ 4.1 เป็นข้อมูลของระบบบำบัดในปี 2554 ซึ่งใช้อ้างอิงเพื่อประกอบการ คัดเลือกระบบบำบัดเท่านั้น โดยเมื่อทำการทดลองจริงจะต้องทำการตรวจนับจำนวนยืน amoA ของ AOA และ AOB ก่อนและตรวจสอบค่าพารามิเตอร์ในระบบจริงขณะทำการทดลอง ซึ่งค่าพารามิเตอร์ ที่ใช้ประกอบการคัดเลือกอาจแตกต่างออกไปจากข้อมูลในตารางที่ 4.1 สำหรับระบบบำบัดน้ำเสียที่ คัดเลือกมาเบื้องต้นมีทั้งหมด 6 ระบบ ซึ่งจะทำการศึกษาจำนวนและค่าพารามิเตอร์ที่เกี่ยวข้องและ คัดเลือกมาอย่างน้อย 3 ระบบเพื่อใช้ศึกษากิจกรรมของกลุ่มจุลินทรีย์ AOA และ AOB ในการทดลอง ที่ 3

。 9	กระบบบาบด
T	<b>ๆเ</b> ถือ
9	ଜ
9	หรเ
0	นสา
9	ୁ ଏହି ।
∂7[	ອດາເ
đ	ខ្ម
90	านา
9	ູລ
9 0	ขอมูลระบบบา
- a	ตารางท

ปัจจัยที่เกี่ยวช่	บ้องในการคัดเลือก			ระบบบำบัดน้	ាតើខ		
100%2	ำบัดน้ำเสีย	P1	P2	P3	P4	P5	P6
ประเภท	เระบบบำบัต	Contact stabilization AS	Cyclic Activated sludge system	Vertical loop Reactor AS	Aerated Lagoon	Oxidation ditch	Anoxic-Oxic AS
ความเข้มขั้น และเโรแจ๊แจ๊แ	ขาเข้า	4.27-8.30	8.47-6.09	5.89-7.77		1	9.51-11.19
(mg NH ₄ ⁺ -N/l)	ขาออก	0.12-2.77	0.57-0.86	0.67-2.34		1	0.24-0.67
ຈຳມວນປະະຫາกร	เปรียบเทียบจำนวน ระหว่าง AOA และ AOB	AOA > AOB	AOA > AOB	AOA > AOB	AOA >AOB	AOA >AOB	AOA>AOB
ניע <i>amoA</i> (copies/L)	AOA	$1.28 \times 10^{8}$	2.19 × 10 ⁷	$1.74 \times 10^{7}$	$2.51 \times 10^{4}$	$2.46 \times 10^{7}$	$1.00 \times 10^{7}$
	AOB	$1.27 \times 10^{3}$	$1.51 \times 10^{5}$	3.23× 10 ³	$6.88 \times 10^{3}$	$4.78 \times 10^{3}$	$3.68 \times 10^{4}$
ความหลากหลาย สายพันธุ์	AOA	1.1b	1.1a (2)*, 1.1b	1.1b (2)*	1.1a(2)*, 1.1b (5)*	1.1b	1.1b
	AOB	N. oligotropha	N. communis N. oligotropha	N. oligotropha	N. oligotropha	N. oligotropha	N. oligotropha

*ตัวเลขในวงเล็บระบุถึงจำนวนสายพันธุ์ที่พบในแต่ละกลุ่มของ AOA ในไฟลัม Thaumarchaeota ข้อมูลทั้งหมดในตารางเป็นข้อมูลในปี 2554, AS = Activated sludge **4.2.2 การทดลองที่ 2** การหาสภาวะที่เหมาะสมของเทคนิค DNA-SIP ต่อการกระจายตัวของดีเอ็น เอในกลุ่มประชากร AOA และ AOB

การหาสภาวะที่เหมาะสมต่อการกระจายตัวของดีเอ็นเป็นขั้นตอนที่สำคัญ เนื่องจากโรเตอร์ (Rotor) และประเภทของเครื่อง Ultracentrifuge ที่ใช้ในการทดลองนี้มีลักษณะแตกต่างจากงานวิจัย อื่น ๆ ที่ผ่านมา เช่น องศาการเอียงของโรเตอร์ต่อศูนย์กลาง ทิศทางของหลอดขณะเกิดการหมุน เหวี่ยง เป็นต้น ซึ่งอาจมีผลต่อการแยกตัวของดีเอ็นที่แตกต่างกันออกไป ดังนั้นจำเป็นต้องมีการ ทดลองแปรค่าปัจจัยที่มีผลต่อการแยกดีเอ็นเอ ซึ่งแบ่งออกเป็น 2 ปัจจัย ดังนี้

 ความเข้มข้นสารละลายซีเซียมคลอไรด์ (CsCl) – หลักการกระจายตัวของดีเอ็นเอใน สารละลายซีเซียมคลอไรด์ขึ้นอยู่กับปริมาณ %GC ในดีเอ็นเอของจุลินทรีย์แต่ละสายพันธุ์ สำหรับ จุลินทรีย์กลุ่ม AOA และ AOB พบว่ามีปริมาณ %GC เฉลี่ยอยู่ที่ 45 % ดังนั้นการแปรค่าความเข้มข้น สารละลายซีเซียมคลอไรด์เริ่มต้นก่อนผสมกับดีเอ็นเพื่อนำไปปั่นแยกเกรเดียนท์ (gradient) ด้วย เครื่อง Ultracentrifuge ผลที่ได้จะทำให้เกิดช่วงเกรเดียนท์ของซีเซียมคลอไรด์แตกต่างกันออกไป ซึ่ง ทำให้ทราบค่าความเข้มข้นของสารละลายซีเซียมคลอไรด์เริ่มต้นที่เหมาะสมที่ครอบคลุมช่วงการ กระจายตัวดีเอ็นเอของ AOA และ AOB ที่เกิดจากคาร์บอนไอโซโทป ¹²C และ ¹³C

 แรงหนีศูนย์กลาง (G-force) – ความเร็วของแรงหนีศูนย์กลางขณะทำการปั่นแยกดีเอ็นเอ อาจมีผลต่อการแยกดีเอ็นเอที่มีการสะสมของคาร์บอนไอโซโทปที่แตกต่างกันระหว่าง ¹²C และ ¹³C ซึ่งจะมีผลต่อความชัดเจนของผลการทดลอง

**4.2.3 การทดลองที่ 3** การพิสูจน์การใช้แหล่งคาร์บอนจากคาร์บอนไดออกไซด์ในสภาวะมี แอมโมเนียของกลุ่มประชากร AOA และ AOB ในระบบบำบัดน้ำเสียชุมชนโดยเทคนิค DNA-SIP

การพิสูจน์การใช้แหล่งคาร์บอนจากคาร์บอนไดออกไซด์ของกลุ่มประชากร AOA และ AOB โดยเทคนิค DNA-SIP มีจุดประสงค์เพื่อระบุการทำงานแบบออโตโทรปขณะออกซิไดซ์แอมโมเนีย ของ กลุ่มจุลินทรีย์ดังกล่าว โดยใช้คาร์บอนไดออกไซด์ในรูปไบคาร์บอเนต (HCO₃⁻) ซึ่งแบ่งชุดการทดลอง ออกเป็น 2 ชุด ตามคาร์บอนไอโซโทป ¹²C และ ¹³C ในสารประกอบไบคาร์บอเนต โดยดำเนินการ ทดลองภายใต้สภาวะการบ่มที่มีแอมโมเนีย **4.2.3.1 การทดลองที่ 3.1** ขั้นตอนการบ่มตะกอนจุลินทรีย์ที่ความเข้มข้นแอมโมเนียต่างกันจนถึง ขั้นตอนการแยกดีเอ็นเอ **แ**สดงแผนผังสรุปดังภาพที่ 4.3



ภาพที่ 4.3 แผนผังการทดลองที่ 3.1

การเลือกความเข้มข้นแอมโมเนียสำหรับการบ่ม

จุดประสงค์ของการทดลองที่ 3.1 คือการระบุแหล่งคาร์บอนของ AOA และ AOB ขณะ ออกซิไดซ์แอมโมเนีย ซึ่งค่าความเข้มข้นแอมโมเนียเริ่มต้นในน้ำเสียสังเคราะห์สำหรับการบ่มตะกอน จุลินทรีย์ที่เลือกใช้คือ 7 mgNH4⁺-N/L โดยความเข้มข้นดังกล่าวมีอัตราการไหลเข้าถังต่อวันคือ 1.4 mgNH4⁺-N/L ซึ่งส่งผลให้ค่าความเข้มข้นแอมโมเนียในถังปฏิกรณ์สำหรับการบ่มมีค่าต่ำเหมาะสมต่อ การทำงานของกลุ่มจุลินทรีย์ AOA และ AOB นอกจากนี้ปริมาณของแอมโมเนียดังกล่าวยังเพียงพอ ต่อการเจริญเติบโตของกลุ่มจุลินทรีย์ดังกล่าวด้วย ซึ่งคำนวณได้จาก Stoichiometry ของ AOB โดย ในขณะนี้ ยังไม่มี Stoichiometry ของ AOA ดังนั้นจึงอ้างอิงการคำนวณเช่นเดียวกับ AOB (รายละเอียดการคำนวณแสดงดังหัวข้อ วิธีการบ่มตะกอนจุลินทรีย์)

ตารางที่ 4.2 แสดงค่าความเข้มข้นแอมโมเนียที่เหมาะสมต่อการทำงานของกลุ่มจุลินทรีย์ AOA และ AOB โดยพิจารณาจากงานวิจัยที่ผ่านมา พบว่าความเข้มข้นแอมโมเนียอาจมีผลต่อการ เจริญเติบโตและการทำงานของ AOA และ AOB สายพันธุ์บริสุทธิ์ โดย AOA ส่วนใหญ่มีการ เจริญเติบโตได้ดีในช่วงความเข้มข้นแอมโมเนียที่ต่ำกว่า AOB

កតុំររ	จุลินทรีย์	ค่า K _s ของแอมโมเนีย ( NH₄⁺-N mg.L⁻¹)	แหล่งอ้างอิง
AOA	N. maritimus	1.86 x 10 ⁻³	Martens-Habben และคณะ (2009)
(1.86×10 ⁻³ -	AR	8.54 x 10 ⁻³	Park และคณะ (2010)
9.66x10 ⁻³ )	N. koreensis	9.66 x 10 ⁻³	Jung และคณะ (2011)
АОВ	N . oligotropha cluster	0.75-1.68	Koops และคณะ (2003)
(0.75-24.07)	N . europaea cluster	11.84-24.07	Koops และคณะ (2003)

ตารางที่ 4.2 ค่า Ks ของแอมโมเนียที่เหมาะสมต่อการเจริญเติบโตของกลุ่มจุลินทรีย์ AOA และ AOB

งานวิจัยที่ผ่านมาพบว่าการเจริญเติบโตของกลุ่มประชาการ AOA และ AOB ขึ้นกับค่าความ เข้มข้นแอมโมเนียในระบบ โดยจากข้อมูลในตารางที่ 4.2 แสดงถึงค่า Ks ของแอมโมเนีย ซึ่งเป็น ปริมาณแอมโมเนียที่ทำให้จุลินทรีย์มีการเจริญเติบโตเป็นครึ่งหนึ่งของค่าการเจริญเติบโตสูงสุด โดย AOA จะเจริญเติบโตได้ดีที่ความเข้มข้นแอมโมเนียต่ำ ขณะที่ AOB มีการเจริญเติบโตในช่วงความ เข้มข้นแอมโมเนียที่สูงกว่าเมื่อเปรียบเทียบกัน และเนื่องจากในระบบบำบัดน้ำเสียชุมชนที่ใช้ศึกษาใน งานวิจัยนี้ส่วนใหญ่พบจำนวน AOA มากกว่า AOB และมีความเข้มข้นแอมโมเนียในน้ำเสียขาออกจาก ระบบ (ตารางที่ 4.1) ค่อนข้างต่ำ (น้อยกว่า 0.1-2.9 mgNH4⁺-N/L) ซึ่งช่วงความเข้มข้นแอมโมเนีย ดังกล่าวมีแนวโน้มสนับสนุนการทำงานของ AOA มากกว่า AOB ดังนั้นค่าความเข้มข้นแอมโมเนียใน การทดลองที่เลือกใช้จึงเป็นค่าที่เหมาะสมต่อการระบุการใช้แหล่งคาร์บอนจากคาร์บอนไดออกไซด์ ขณะเกิดการออกซิไดซ์แอมโมเนียของจุลินทรีย์ทั้งสองกลุ่มด้วยเทคนิค DNA-SIP โดยตะกอนจุลินทรีย์ ที่นำมาศึกษาในการทดลองที่ 3.1 จะคัดเลือกมาเพียง 3 ระบบ จากทั้งหมด 6 ระบบ ซึ่งข้อมูลที่แสดง ดังตาราง 4.1 เป็นข้อมูลที่มีการศึกษาเมื่อปี 2554

## <u>วิธีการบ่มตะกอนจุลินทรีย์</u>

การบ่มตะกอนจุลินทรีย์ทุกระบบ ดำเนินการบ่มแบบถังปฏิกรณ์กวนแบบต่อเนื่อง (Continuous stirred tank reactor, CSTR) ด้วยน้ำเสียสังเคราะห์ภายใต้สภาวะระบบปิด

- <u>องค์ประกอบในน้ำเสียสังเคราะห์</u> (F. Widdel และ F. Bak, 1992)

องค์ประกอบในน้ำเสียสังเคราะห์ที่ใช้ในการทดลองนี้จะมีการเติมวิตามินและโลหะบางชนิด ปริมาณเล็กน้อยลงไปซึ่งจะมีส่วนช่วยสนับสนุนการเจริญเติบโตของ AOA ซึ่งเคยประสบความสำเร็จ มาแล้วในการใช้แยก AOA สายพันธุ์บริสุทธิ์ *N.maritimus* (Könneke และคณะ, 2005) โดยวิธีการ เตรียมน้ำเสียสังเคราะห์แสดงดังตารางที่ 4.3 ซึ่งเป็นปริมาตรสารละลายที่เติมลงในน้ำเสียสังเคราะห์ 1 ลิตร โดยสารละลายแต่ละชนิดมีสารเคมีเป็นองค์ประกอบดังแสดงในตารางที่ 4.4

สารละลาย	ปริมาตร (มิลลิลิตร)
Non-chelated trace element	1
Selenite-tungstate solution	1
Vitamin mixture	1
Thiamine solution	1
Vitamin B12	1

ตารางที่ 4.3 ปริมาตรสารละลายแต่ละชนิดในน้ำเสียสังเคราะห์ต่อปริมาตร 1 ลิตร

				v	
a		ସ ସମ୍ବ ଧ ସ	6 1	০ ব	e 6
m 7 5 7 99/	1 1 9 4	าวอาสารเดิงไฟไฟเตรียงเส	າຮອນອາເເລາຄາໄຮນຄວາເຄ	ນລາງ 10 ຊີຍາ	ຊາເພຂາມາຮ
	4.4 074	1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1	1461961 (0.61761/1610) 49 (1610)	ายงนาเลก	ถ่านหางเอยเ
					••••••

สารละลาย	<u> </u>	ปริมาตร
	HCl (25% = 7.7M)	12.5 มิลลิลิตร
	FeSO ₄ ·7H ₂ O	2.1 กรัม
	H ₃ BO ₃	30 มิลลิกรัม
Non chalated trace element	MnCl ₂ ·6H ₂ O	100 มิลลิกรัม
(alsupersonal and and all and	CoCl₂·6H₂O	190 มิลลิกรัม
(การ เคารารชั่งเก เก T ยุงเร)	NiCl ₂ ·6H ₂ O	24 มิลลิกรัม
	CuCl ₂ ·2H ₂ O	2 มิลลิกรัม
	ZnSO ₄ ·7H ₂ O	144 มิลลิกรัม
	Na ₂ MoO ₄ ·2H ₂ O	36 มิลลิกรัม
Colonito tungstato colution	NaOH	0.4 กรัม
(ปริมาตรรามสุดข้าย 1 ลิตร)	Na ₂ SeO ₃ ·5H ₂ O	6 มิลลิกรัม
(0941 1419 9 947 0 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1	Na ₂ WO ₄ ·2H ₂ O	8 มิลลิกรัม

สารละลาย	สารเคมี	ปริมาตร
	4-aminobenzoic acid	4 มิลลิกรัม
Vitamin mixture (ปริบาตรรวม 100 มอ. ปรับต่าดวามเป็น	D(+)-biotin	1 มิลลิกรัม
(0 ม เพาะ เม 100 มถ. 0 เบท เทา เมะบน อรดด่วงที่ 7 1 ด้วย Sodium phosphata	Nicotinic acid	10 มิลลิกรัม
huffer 10 mM)	Calcium D(+)-pantothenate	5 มิลลิกรัม
Bunch To Hilly)	Pyridoxine dihydrochloride	15 มิลลิกรัม
Thiamine solution		
(ปริมาตรรวม 100 มล. ปรับค่าความเป็น	Thiamine chloride	10 ຄືວຸລີດຮັບ
กรดด่างที่ 3.4 ด้วย Sodium phosphate	dihydrochloride	10 ทยยุบาท
buffer 25 mM)	Stilles .	
Vitamin B12	Q Cyanocobalamino	F ยิลลิกรับ
(ปริมาตรรวม 100 มล.)	Cyanocobatamine	0 919101999 C 919101999

ตารางที่ 4.4 (ต่อ) ปริมาณสารเคมีที่ใช้เตรียมสารละลายองค์ประกอบของน้ำเสียสังเคราะห์

#### <u>การคำนวณความสัมพันธ์ระหว่างสารอาหารและปริมาณจุลินทรีย์</u>

**ขั้นตอนที่ 1** การคำนวณน้ำหนักจุลินทรีย์ AOA และ AOB ต่อตะกอนจุลินทรีย์ 1 mgMLSS

เมื่อเก็บตะกอนจุลินทรีย์ตัวอย่างมาแล้วทำการหา MLSS ของตะกอนจุลินทรีย์ในระบบ และ นำไปตรวจนับจำนวนยีน amoA ของ AOA และ AOB โดยเทคนิค Real-time PCR ซึ่งจะได้จำนวน เซลล์ AOA และ AOB ต่อตะกอนจุลินทรีย์ 1 mgMLSS จากนั้นคำนวณน้ำหนักเซลล์ AOA และ AOB ทั้งหมดต่อตะกอนจุลินทรีย์ 1 mgMLSS โดยคิดจากเซลล์ 1 เซลล์มีน้ำหนักเท่ากับ 2.8 x 10⁻¹³ กรัม/ เซลล์ (Smith และคณะ, 1992)

น้ำหนักเซลล์ AOA และ AOB ต่อ 1 มก. MLSS = จำนวน เซลล์ใน 1 มก. MLSS (cell) x 2.8 x 10⁻¹³ (g/cell)

## ้ขั้นตอนที่ 2 การคำนวณปริมาณแอมโมเนีย ออกซิเจนและไบคาร์บอเนต

ทำการบ่มโดยใช้ MLSS เริ่มต้น 50 mgMLSS และหยุดการบ่มหลังจากจุลินทรีย์โตขึ้นอย่าง น้อย 10 เท่าของจำนวนเริ่มต้น เพื่อจะได้น้ำหนักของ AOA และ AOB มากพอที่จะแยกดีเอ็นเอ เพื่อให้เห็นความแตกต่างระหว่างดีเอ็นที่เกิดจากการสะสมคาร์บอนไอโซโทป ¹³C ซึ่งหนักกว่าเมื่อ เปรียบเทียบกับดีเอ็นเอที่เกิดจากการสะสมคาร์บอนไอโซโทป ¹²C

น้ำหนัก AOA และ AOB ที่เพิ่มขึ้นหลังการบ่ม = (น้ำหนัก AOA และ AOB g/1 mgMLSS) x (50 mg MLSS) x 10 เท่า

จากนั้นคำนวณปริมาณแอมโมเนีย ออกซิเจนและไบคาร์บอเนตที่กลุ่มจุลินทรีย์ต้องใช้จากสมการ แอมโมเนียออกซิเดชันของแอมโมเนียออกซิไดซิงแบคทีเรีย (สมมติ AOA มีการออกซิไดซ์แอมโมเนีย เช่นเดียวกับ AOB) โดยมีวิธีการคำนวณดังนี้

นำน้ำหนักจุลินทรีย์ AOA และ AOB ต่อ 1 mgMLSS (2.8 x 10⁻¹³ กรัม/เซลล์) คูณ 50 และ คูณเพิ่ม 10 เท่า (จำนวนเซลล์ที่ต้องการให้เพิ่มขึ้นมากพอที่จะแยกดีเอ็นเอได้) โดยค่าที่ได้สุดท้ายจะ เป็นน้ำหนักของ AOA และ AOB ที่เพิ่มขึ้นจากเริ่มต้นโดยจะนำไปใช้คำนวณปริมาณแอมโมเนีย ไบคาร์บอเนต และออกซิเจนที่ต้องเติมต่อการบ่ม 1 รอบ จากสมการต่อไปนี้

 $\mathsf{NH_4}^+\!\!+ 1.38O_2 + 1.98\mathsf{HCO_3}^-\!\!\rightarrow 0.018C_5\mathsf{H_7NO_2}\!\!+ 0.98\mathsf{NO_2}^-\!\!+ 1.89\mathsf{CO_2} + 2.93\mathsf{H_2O}$ 

ที่มา : (Lin และคณะ, 2009)

<u>ปริมาณแอมโมเนีย</u> – แอมโมเนียที่คำนวณได้จากสมการข้างต้น เป็นปริมาณแอมโมเนียทั้งหมดที่จะ ทำให้ AOA และ AOB โตขึ้นอย่างน้อย 10 เท่าจากจำนวนเริ่มต้น แต่เนื่องจากการทดลองเป็นการบ่ม แบบถังปฏิกรณ์กวนแบบต่อเนื่อง ซึ่งเป็นการแบ่งเติมแอมโมเนียจากน้ำเสียสังเคราะห์ที่ไหลเข้าถัง ปฏิกรณ์อย่างต่อเนื่อง ดังนั้นค่าความเข้มข้นแอมโมเนียในระบบจะขึ้นอยู่กับปริมาณแอมโมเนียที่ถูก เติมเข้าระบบและอัตราการย่อยสลายแอมโมเนียของ AOA และ AOB ในแต่ละวัน

<u>ปริมาณออกซิเจน</u> – ออกซิเจนที่คำนวณได้จากสมการเป็นหน่วยน้ำหนักออกซิเจน ดังนั้นต้องเปลี่ยน ค่าให้อยู่ในหน่วยปริมาตร (32 กรัมออกซิเจน = 24.47 ลิตร ที่ 25 °C, 1 atm) โดยปริมาตรออกซิเจน ที่คำนวณได้คือปริมาตรซ่องว่างภายในขวดบ่มที่เหลือหลังเติมตะกอนจุลินทรีย์ลงไปซึ่งต้องมากกว่าที่ คำนวณได้อย่างน้อย 3-5 เท่าเพื่อให้มากเกินพอต่อกลุ่มจุลินทรีย์ตลอดระยะเวลาการบ่ม เพราะต้อง คิดปริมาณออกซิเจนสำหรับกลุ่มไนไตรต์ออกซิไดซิงแบคทีเรียที่เปลี่ยนรูปไนไตรต์เป็นไนเตรตด้วย ซึ่ง มีค่าการใช้ออกซิเจนใกล้เคียงกับ AOA และ AOB และเฮทเทอโรโทรปที่ใช้ออกซิเจนในการย่อย สลายตัวเองเมื่ออยู่ในสภาวะขาดแคลนอาหาร (Endogenous respipation) ปริมาณไบคาร์บอเนต – การเติมไบคาร์บอเนตจะเติมมากกว่าที่คำนวณได้จากสมการประมาณ 3-5

<u>ปรมาณเบคารบอเนต</u> – การเตมเบคารบอเนตจะเตมมากกวาทคานวณเดจากสมการประมาณ 3-5 เท่าเพื่อให้มากเกินพอสำหรับการสร้างเซลล์ต่อกลุ่มจุลินทรีย์ตลอดระยะเวลาการบ่ม

<u>ขั้นตอนการเตรียมการบ่ม</u>

การบ่มตะกอนจุลินทรีย์แบ่งออกเป็น 2 ชุดการบ่ม โดยเติมแหล่งคาร์บอนของกลุ่มออโต โทรปที่มีไอโซโทปต่างกัน 2 ชนิด ดังนี้

- คาร์บอนไดออกไซด์ในรูปไบคาร์บอเนต (HCO_3^) ไอโซโทป  $^{12}\mathrm{C}$ 

- คาร์บอนไดออกไซด์ในรูปไบคาร์บอเนต (HCO_3^) ไอโซโทป  $^{13}\mathrm{C}$ 

แต่ละชุดการบ่มมีขั้นตอนการเตรียมดังนี้ ตวงตะกอนจุลินทรีย์ตามปริมาตรที่ได้จากการคำนวณมา กรองน้ำเสียทิ้ง จากนั้นนำตะกอนจุลินทรีย์ที่กรองได้เติมลงในน้ำเสียสังเคราะห์ที่เตรียมไว้ เติมแหล่ง คาร์บอนไบคาร์บอเนต (HCO₃⁻) แต่ละขวดแบ่งตามไอโซโทป ¹²C หรือ ¹³C จากนั้นเติมแอมโมเนียม (NH₄⁺) ในรูปแอมโมเนียมคลอร์ไรด์ (NH₄Cl) ในความเข้มข้นที่ต้องการทำการทดลอง จากนั้นไล่ คาร์บอนไดออกไซด์ภายในถังปฏิกรณ์สำหรับบ่ม โดยเติมอากาศที่ปราศจากคาร์บอนไดออกไซด์เป็น เวลา 10 นาที เพื่อไล่อากาศภายในช่องว่างของถังปฏิกรณ์สำหรับบ่มและจำกัดให้ออโตโทรปใช้แหล่ง คาร์บอนจากไบคาร์บอเนตได้มากที่สุด

ระหว่างการบ่มจะมีการตรวจวัดค่าแอมโมเนียในระบบทุก 2 วัน และเก็บตัวอย่างตะกอน จุลินทรีย์สัปดาห์ละ 1 ครั้ง เพื่อนับจำนวนยืน *amoA* ของแอมโมเนียออกซิไดซิงอาร์เคียและทำการ แยกดีเอ็นเอด้วยเทคนิค DNA-SIP ในขั้นถัดไป นอกจากนี้การบ่มที่ความเข้มข้นแอมโมเนียในน้ำเสีย สังเคราะห์ขาเข้า 7 mgNH₄⁺-N/L จะทำการบ่มซ้ำอีกรอบเพื่อเป็นการยืนยันผลการทดลองที่ถูกต้อง อีกครั้งหนึ่ง (Biological replicates) ตารางที่ 4.5 พารามิเตอร์ที่ตรวจวัด

พารามิเตอร์	วิธีการตรวจวัด	อ้างอิง
แอมโมเนีย	A salicylate-hypochloride method	Bower และคณะ (1980)
ไนไตรต์	Colorimetric method	(Standard Methods 4500-NO ₃ ⁻ -B.)
ไขแตรต	UV Spectrophotometric Screening	( Standard Mathedr (1500 NO ⁻ R)
P 19Ph 1 9h1	Method	
ดวามเป็นกรดเป็นด่าง	ใช้เครื่อง pH meter (Eutech	
419 1976 O 191 194 F O 1941 14	pHTestr30, Singapore)	-

## - <u>การแยกดีเอ็นเอโดย Ultracentrifuge</u>

1) หลักการแยกดีเอ็นเอ

การบ่มตะกอนจุลินทรีย์แบ่งออกเป็น 2 ชุดตามคาร์บอนไอโซโทปของไบคาร์บอเนต ¹²C และ ¹³C โดยในระหว่างการบ่ม กลุ่มจุลินทรีย์ที่มีการทำงานแบบออโตโทรปในแต่ละชุดการบ่มจะใช้ คาร์บอนไดออกไซด์เป็นแหล่งคาร์บอนในกระบวนการสร้างเซลล์ ซึ่งจะพบว่าเซลล์มีการสะสม คาร์บอนไอโซโทป ¹²C และ¹³C เก็บไว้ในเซลล์ ดังนั้นเมื่อนำตะกอนจุลินทรีย์ที่ผ่านการบ่มแต่ละชุด การทดลองมาสกัดดีเอ็นเอ และนำไปแยกชั้นดีเอ็นเอในสารละลายซีเซียมคลอไรด์ (CsCl) โดยเครื่อง Ultracentrifuge ซึ่งดีเอ็นเอจะแยกชั้นตามน้ำหนักคาร์บอนไอโซโทป ¹²C และ¹³C โดยหาก เปรียบเทียบการแยกชั้นของดีเอ็นเอจุลินทรีย์ชนิดเดียวที่มีการทำงานแบบออโตโทรปจะพบว่าดีเอ็นเอ ที่สกัดได้จากชุดการบ่มด้วยคาร์บอนไอโซโทป ¹³C จะหนักกว่าดีเอ็นเอที่สกัดได้จากชุดการบ่มด้วย คาร์บอนไอโซโทป ¹²C แสดงการแยกดังภาพที่ 4.4



ภาพที่ 4.4 ขั้นตอนการทำ DNA stable isotope probing (DNA-SIP)

2) วิธีการแยกดีเอ็นเอ (Neufeld และคณะ, 2007)

สกัดดีเอ็นเอจากตะกอนจุลินทรีย์โดย Fast DNA SPIN Kit for Soil (QGiogene, Ohio, USA) จากนั้นวัดปริมาณดีเอ็นเอด้วยเครื่อง UV spectrophotometer ที่ความยาวคลื่น 260 นาโนเมตร บรรจุดีเอ็นเอแต่ละคาร์บอนไอโซโทป (12C และ 13C) ลงหลอด Ultracentrifuge โดยบรรจุ 1 ไอโซโทปต่อ 1 หลอด เริ่มจากนำดีเอ็นเอปริมาณ 0.5-5 ไมโครกรัมผสมกับสารละลาย TRIS GB BUFFER ซึ่งปริมาตรรวมสุดท้ายคือ 1.20 มิลลิลิตรลงในหลอดทดลองที่ปราศจากดีเอ็นเอ จากนั้น เติมสารละลายซีเซียมคลอไรด์เข้มข้น 7.163 โมลาร์ (ชั่งซีเซียมคลอไรด์ 60.3 กรัมละลายในน้ำที่ ปราศจากดีเอ็นเอ 50 มิลลิลิตร) ที่มีความหนาแน่น 1.88-1.89 กรัมต่อมิลลิลิตรปริมาตร 4.8 มิลลิลิตรลงไปผสมในเข้ากันและบรรจุสารละลายที่เตรียมได้ทั้งหมดลงในหลอด Ultracentrifuge และแทนที่ช่องว่างภายในหลอดที่เหลือด้วย Mineral oil จนเต็มหลอด (ระวังอย่าให้มีฟองอากาศ ขณะบรรจุ) ชั่งน้ำหนักเปรียบเทียบระหว่างหลอด Ultracentrifuge ของดีเอ็นเอแต่ละคาร์บอน ไอโซโทป ¹²C และ ¹³C โดยทั้งสองหลอดต้องมีน้ำหนักต่างกันไม่เกิน 10 มิลลิกรัม ปิดฝาหลอดด้วย ความร้อน ตรวจสอบหลอดไม่ให้มีจุดรั่วไหลและชั่งน้ำหนักเปรียบเทียบอีกครั้ง จากนั้นนำหลอดเข้า เครื่อง Ultracentrifuge เพื่อแยกชั้นดีเอ็นเอ โดยตั้งค่าความเร็วรอบ 44,100 รอบต่อวินาที (แรงหนี ศูนย์กลางเฉลี่ย 177,000 g_{av} ) ที่อุณหภูมิ 20 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 72 ชั่วโมง เมื่อครบเวลาดีเอ็น เอภายในหลอดจะเกิดการแยกชั้นตามน้ำหนักคาร์บอนไอโซโทป¹²C และ¹³C เมื่อเปรียบเทียบ ระดับชั้นดีเอ็นเอของจลินทรีย์ชนิดเดียวกันระหว่างหลอดไอโซโทป ¹³C และ ¹²C จะพบว่าภายใน หลอดไอโซโทป ¹³C จะพบดีเอ็นเอในระดับเดียวกันกับหลอดไอโซโทป ¹²C ซึ่งเป็นดีเอ็นเอเดิมภายใน เซลล์ก่อนการบ่มอยู่ใน และมีดีเอ็นเอบางส่วนซึ่งสร้างจากคาร์บอนไอโซโทป ¹³C ระหว่างการบ่มอยู่ ในระดับที่ต่ำกว่าดีเอ็นเอชนิดเดียวกันเมื่อเทียบกับหลอดไอโซโทป ¹²C แสดงการแยกดังภาพที่ 4.5

> จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย Chulalongkorn University



3) การเก็บ fraction และการตกตะกอนดีเอ็นเอที่ผ่านการแยกด้วยเครื่อง Ultracentrifuge

ภาพที่ 4.5 ขั้นตอนการเก็บแฟรคชันและการตกตะกอนดีเอ็นเอ

การเก็บ fraction จะเก็บทางปลายหลอดโดยแบ่งเก็บ fraction ละประมาณ 200 ไมโครลิตร โดยต้องเก็บให้ปริมาตรใกล้เคียงกันทุกหลอด และจำนวน fraction ระหว่าง ¹²C และ ¹³C ควรมี จำนวนเท่ากันเพื่อให้สามารถเปรียบเทียบจำนวนเซลล์ที่พบในแต่ละ fraction ได้ จากนั้นวัดค่าความ หนาแน่นของแต่ละ fraction โดยเครื่อง Refractometer โดยค่าความหนาแน่นควรอยู่ในช่วง ประมาณ 1.690-1.760 กรัมต่อมิลลิลิตร จากนั้นตกตะกอนดีเอ็นเอแต่ละ fraction และเก็บรักษาดี เอ็นเอในสารละลาย TE buffer ที่อุณหภูมิ -20 องศาเซลเซียส

#### 4.2.3.2 การทดลองที่ 1.1, 2.2 และ 3.2 การนับจำนวนเซลล์จากยีน amoA ของ AOA และ AOB

เนื่องจากกลุ่มจุลินทรีย์ที่สนใจในงานวิจัยนี้คือ AOA และ AOB ซึ่งจุลินทรีย์ทั้ง 2 กลุ่มจะมียืน amoA ซึ่งเป็นยืนที่จำเพาะกับจุลินทรีย์กลุ่มแอมโมเนียออกซิไดเซอร์ โดยยืนชนิดนี้มีหน้าที่สร้าง เอนไซม์แอมโมเนียโมโนออกซีจีเนส (ammonia-monooxygenase, AMO) ซึ่งช่วยจุลินทรีย์กลุ่ม แอมโมเนียออกซิไดเซอร์เปลี่ยนภาพที่แอมโมเนียไปเป็นไฮดรอกซีลามีน (NH₂OH) ซึ่งเป็นสารตัวกลาง ก่อนจะเปลี่ยนรูปเป็นในไตรต์ตามลำดับ การนับจำนวนเซลล์ของ AOA และ AOB จะใช้เทคนิค Realtime PCR (Agilent Mx3000P) โดยข้อมูลตารางที่ 4.6 แสดงไพร์เมอร์ที่เลือกใช้สำหรับการเพิ่ม ปริมาณและการนับจำนวนยืน *amoA* ของ AOA และ AOB และสภาวะที่เหมาะสมต่อการเข้าจับของ ไพร์เมอร์กับยีน *amoA* ของ AOA และ AOB หลังนับจำนวนแต่ละแฟรคชันแล้ว นำจำนวนเซลล์ของ แต่ละกลุ่มจุลินทรีย์ที่นับได้ มาสร้างกราฟเปรียบเทียบระหว่างจำนวนของกลุ่มจุลินทรีย์จากการบ่ม จากคาร์บอนไอโซโทป ¹²C และ ¹³C โดยกราฟเป็นค่าระหว่างความหนาแน่นและสัดส่วนต่อจำนวน เซลล์ทั้งหมดในแต่ละแฟรคชัน ซึ่งจะทำให้เห็นแนวโน้มกระบวนการสร้างเซลล์จาก คาร์บอนไดออกไซด์ของ AOA และ AOB โดยตัวอย่างกราฟแสดงในภาพที่ 4.6 ซึ่งกราฟของ ¹³C ที่ เบ้ขวาแสดงถึงจำนวนกลุ่มจุลินทรีย์ที่มีการสะสมคาร์บอนไอโซโทป ¹³C เข้าไปภายในเซลล์ในระหว่าง การบ่ม



ภาพที่ 4.6 กราฟเปรียบเทียบจำนวน AOA ที่ผ่านการบ่มด้วยคาร์บอนไอโซโทป ¹²C และ ¹³C (Zhang และคณะ, 2010)

ตารางที่ 4.6 ไพร์เมอร์จำเพาะกับกลุ่มจุลินทรีย์สำหรับเทคนิค Real-time PCR และ PCR สำหรับ DNA-sequencing

กลุ่มจุลินทรีย์	AOA	AOB		
ยีนจำเพาะ	amoA gene	amoA gene		
ความครอบคลุม	AOA ทั้งหมดที่มียีน <i>amo</i> A ภายในเซลล์	AOB ทั้งหมดที่มียีน amoA ภายในเซลล์		
ชื่อไพร์เมอร์	CamoA-19F/ CamoA-616R	amoA-1F/ amoA-2R		
ลำดับนิวคลีโอไทด์	( ATGGTCTGGYTWAGACG )/ (GCCATCCABCKRTANGTCCA)	(GGGGTTTCTACTGGTGGT) / (CCCTCKGSAAAGCCTTCTTC)		
สภาวะ Real-time PCR	initial denaturation 10 นาที 9. DNA denaturation 1.5 นาที 95 primer annealing 0.5 นาที 56 DNA extension 1 นาที 72 ⁰ C final extension 6 นาที 78 ⁰ C	5°C ⁵ °C °C } 40 รอบ }		
แหล่งอ้างอิง	Pester และคณะ (2011) Rotthauwe และคณะ (1997)			

Chulalongkorn University

**4.2.3.3 การทดลองที่ 3.3** การออกแบบไพร์เมอร์จำเพาะต่อกลุ่มประชากร AOA ในระบบบำบัดที่ เลือกศึกษา

หลังจากระบุการทำงานของกลุ่มจุลินทรีย์ AOA และ AOB ในระบบบำบัดน้ำเสียที่เลือก ศึกษาแล้ว ขั้นตอนต่อไปคือการระบุสายพันธุ์ด้วยเทคนิค PCR-cloning-sequencing โดยในการ ทดลองนี้จะศึกษาเฉพาะ AOA เท่านั้น เมื่อทำการ โดยอ้างอิงกับฐานข้อมูลของ AOA จาก Pester และคณะ (2011) จากนั้นทำการออกแบบไพร์เมอร์จากรหัสพันธุกรรมของกลุ่มจุลินทรีย์ AOA ณ ตำแหน่งยีน *amoA* ที่พบในระบบบำบัดน้ำเสียที่ทำการศึกษาแต่ละแห่งด้วยโปรแกรม ARB ซึ่งไพร์ เมอร์ที่ออกแบบจะจำเพาะต่อ AOA เพียงกลุ่มเดียวเท่านั้น

- การตรวจสอบประสิทธิภาพของไพร์เมอร์ที่ออกแบบ
  - 1) ตรวจสอบความเข้ากันได้กับจุลินทรีย์ AOA กลุ่มอื่น หรือจุลินทรีย์กลุ่ม AOB ทั้งหมด

- 2) ถอดรหัสพันธุกรรมของกลุ่มจุลินทรีย์ที่ทำการเพิ่มจำนวนโดยไพร์เมอร์ที่ออกแบบ โดย เทคนิค PCR-cloning-sequencing จากนั้นนำข้อมูลที่ได้มาสร้างต้นไม้วิวัฒนาการ เพื่อ ตรวจสอบกลุ่มจุลินทรีย์ที่ได้ว่าตรงกับกลุ่มจุลินทรีย์ในตะกอนจุลินทรีย์ตั้งต้นที่ใช้ ออกแบบไพร์เมอร์หรือไม่
- ตรวจสอบโดยการทำ Real-time PCR กับ DNA-SIP ของระบบที่ใช้ทำการออกแบบ ไพร์เมอร์

**4.2.4 การทดลองที่ 4** การศึกษาการทำงานของกลุ่มประชากร AOA และ AOB ภายใต้ปัจจัยที่ แตกต่างกันในระบบบำบัดน้ำเสียชุมชน 1 แห่งโดยเทคนิค DNA -SIP

เมื่อพิสูจน์การใช้แหล่งคาร์บอนจากคาร์บอนไดออกไซด์ในรูปคาร์บอเนตในน้ำเสียสังเคราะห์ ของกลุ่มจุลินทรีย์ AOA และ AOB แล้ว การทดลองต่อไปคือการเลือกระบบบำบัดน้ำเสียชุมชนที่ ทำการศึกษาในการทดลองที่ 3 มา 1 ระบบ เพื่อทำการศึกษาการทำงานของ AOA และ AOB ภายใต้ ปัจจัยที่ต่างกัน โดยมีแผนการทดลอง ดังนี้

ระยะเวลา	ความเข้มข้นแอมโมเนีย (mgNH₄⁺-N/L)							
(วัน)	7		222/222	7	7(	)	(	)
0	กักตะก	อน	ปล่อยเ	ตะกอน	ปล่อยต	ะกอน	กักตะ	ะกอน
7	จุห	าลงก	รณ์มหา	วิทยาล่	٤			
14	Сни	ALON	ikorn	JNIVER	SITY			
21								
28		,						

ตารางที่ 4.7 แผนการทดลองการศึกษาการทำงานของ AOA และ AOB ภายใต้ปัจจัยที่แตกต่างกัน

จากตารางที่ 4.7 เป็นการบ่มตะกอนจุลินทรีย์ซ้ำรอบที่ 3 เพื่อยืนยันผลการทดลองจากการบ่มตะกอน จุลินทรีย์ในรอบที่ 1 และรอบที่ 2 (จากการทดลองที่ 3) โดยการบ่มตะกอนจุลินทรีย์จะมี 2 ปัจจัยที่ เกี่ยวข้องกับการศึกษาการทำงานของกลุ่มจุลินทรีย์ AOA และ AOB ได้แก่

 การปล่อยตะกอนออกไปกับน้ำทิ้งและการกักตะกอนจุลินทรีย์ไว้ภายในถังปฏิกรณ์ ขณะบ่ม เนื่องจากการออกแบบการทดลองสำหรับการบ่มตะกอนจุลินทรีย์ในการทดลองที่ 3 ตะกอน จะถูกกักไว้ภายในถังปฏิกรณ์ไม่มีการปล่อยออกไปกับน้ำทิ้ง มีเพียงการปั่นกวนเพียงเล็กน้อยด้วย Magnetic stirrer เพื่อให้ความเข้มข้นแอมโมเนียเท่ากันทั่วถังปฏิกรณ์ สำหรับตะกอนจุลินทรีย์เริ่มต้น สำหรับการบ่มในถังปฏิกรณ์ใช้ปริมาณน้อย (50 mgMLSS) และจำเป็นต้องเก็บตัวอย่างตะกอน จุลินทรีย์ทุกสัปดาห์ ทำให้ไม่สามารถปล่อยตะกอนออกไปกับน้ำทิ้งได้ แต่หากไม่มีการปล่อยตะกอน ออกไปกับน้ำทิ้งเซลล์เก่าซึ่งประกอบไปด้วยคาร์บอนไอโซโทป ¹²C จะยังคงอยู่ในถังปฏิกรณ์ ดังนั้น เพื่อลดปริมาณเซลล์เก่าให้น้อยลงโดยให้ในถังปฏิกรณ์มีแต่เซลล์ใหม่ที่เกิดจากคาร์บอนไอโซโทป ¹³C อาจทำให้ผลกราฟ DNA-SIP มีความชัดเจนมากยิ่งขึ้น

 2) ค่าความเข้มข้นแอมโมเนียในน้ำเสียขาเข้า โดยทำการทดลองเปรียบเทียบระหว่าง ความเข้มข้นแอมโมเนียสูง (70 mgNH4⁺-N/L) และต่ำ (7 mgNH4⁺-N/L) โดยมีวัตถุประสงค์เพื่อ ตรวจสอบผลของความเข้มข้นแอมโมเนียที่มีผลต่อการทำงานที่แตกต่างกันระหว่างกลุ่มจุลินทรีย์ AOA และ AOB

การทดลองที่ 4 แบ่งการทดลองออกเป็น 4 ชุดการทดลองย่อย ดังนี้

ชุดการทดลอง 4.1 - บ่มตะกอนจุลินทรีย์ที่ความเข้มข้นแอมโมเนียในน้ำเสียสังเคราะห์ ขาเข้า 7 mgNH4⁺-N/L โดยกักตะกอนจุลินทรีย์และใช้เป็นชุดควบคุมการทดลอง เพื่อยืนยันผลการ ทดลองที่สอดคล้องกับการบ่มในรอบที่ 1 และการบ่มตะกอนจุลินทรีย์ซ้ำในรอบที่ 2

ชุดการทดลอง 4.2 - บ่มตะกอนจุลินทรีย์ที่ความเข้มข้นแอมโมเนียในน้ำเสีย สังเคราะห์ขาเข้า 7 mgNH₄⁺-N/L โดยมีการปล่อยตะกอนจุลินทรีย์ออกไปกับน้ำทิ้งตั้งแต่เริ่มต้น เพื่อ เปรียบเทียบกับผลการบ่มตะกอนจุลินทรีย์แบบกักตะกอน (ชุดการทดลอง 1)

ชุดการทดลอง 4.3 - บ่มตะกอนจุลินทรีย์ที่ความเข้มข้นแอมโมเนียในน้ำเสีย สังเคราะห์ขาเข้า 70 mgNH4⁺-N/L โดยมีการปล่อยตะกอนจุลินทรีย์ออกไปกับน้ำทิ้งตั้งแต่เริ่มต้น เพื่อดูผลความเข้มข้นของแอมโมเนียต่อการทำงานของกลุ่มจุลินทรีย์ AOA และ AOB

ชุดการทดลอง 4.4 - บ่มตะกอนจุลินทรีย์ในสภาวะไม่เติมแอมโมเนียเพื่อตรวจสอบ การใช้แอมโมเนียเป็นแหล่งพลังงานโดยมีไบคาร์บอเนตเป็นแหล่งคาร์บอน

**4.2.5 การทดลองที่ 5** การศึกษาการทำงานและจำนวนประชากร AOA และ AOB ในถังปฏิกรณ์ กวนแบบต่อเนื่อง (Continuous stirred tank reactor, CSTR)

ถังปฏิกรณ์ที่สำหรับการศึกษาการทำงานของกลุ่มจุลินทรีย์ AOA และ AOB ในการทดลองนี้ เป็นถังปฏิกรณ์ที่มีการเดินระบบภายใต้สภาวะสนับสนุนการเจริญเติบโตของจุลินทรีย์กลุ่ม AOA และ AOB ที่มีการทำงานแบบออโตโทรป เป็นเวลาอย่างน้อย 3 ปี เรียกว่าระบบไนตริฟายอิงแอคติเวตเต็ด สลัดจ์ (Nitrifying activated sludge, NAS) ซึ่งมีข้อมูลการเดินระบบ ดังนี้

พารามิเตอร์	ค่าที่ตรวจวัดได้			
ระยะเวลากักน้ำ (HRT) (day)	5			
[NH3] น้ำเข้า (mg-N/L.d)	28.07±3			
อัตราการไหลเข้าของ NH3 (mg-N/L.d )	5.61±0.60			
[NH3] น้ำออก (mg-N/L.d)	0.13±0.10			
[NO _{2]} น้ำออก (mg-N/L.d)	0.02±0.02			
[NO3] น้ำออก (mg-N/L.d)	26.20±5			
ไนโตรเจนทั้งหมด (mg-N/L.)	26.35±5			
MLSS (mg/L)	100±20			

# ตารางที่ 4.8 ข้อมูลการเดินระบบของระบบในตริฟายอิงแอคติเวตเต็ดสลัดจ์

วิธีการดำเนินการทดลองในขั้นแรกคือการตรวจนับจำนวนประชากร AOA และ AOB ในถัง ปฏิกรณ์ จากนั้นนำตะกอนจุลินทรีย์ปริมาณ 50 mgMLSS มาทำการบ่มเช่นเดียวกับการทดลองที่ 3 ในถังปฏิกรณ์ปริมาตรน้ำเสียสังเคราะห์ 1 ลิตร ที่ความเข้มข้นแอมโมเนียในน้ำเสียขาเข้า 7 mgNH₄+-N/L จากนั้นระบุการใช้แหล่งคาร์บอนจากคาร์บอนไดออกไซด์ในรูปไบคาร์บอเนตของ AOA และ AOB โดยเทคนิค DNA-SIP และระบุกลุ่มประชากร AOA และ AOB โดยเทคนิค DNA-sequencing

> จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย Chulalongkorn University

# บทที่ 5 ผลการทดลองและวิจารณ์ผลการทดลอง

#### 5.1 การทดลองที่ 1 การคัดเลือกระบบบำบัดน้ำเสีย

ระบบบำบัดน้ำเสียที่ถูกคัดเลือกเพื่อนำมาศึกษาการทำงานของกลุ่มจุลินทรีย์แอมโมเนียออก ซิไดเซอร์ มีทั้งหมด 6 ระบบ เรียกว่า P1-P6 เบื้องต้นระบบบำบัดน้ำเสียทั้ง 6 ระบบจะถูกนับจำนวน ยีน amoA ของ AOA และ AOB (ภาพที่ 5.1) ซึ่งพบว่า 6 ระบบบำบัดที่ทำการตรวจนับจำนวน (กรกฎาคม ปี 2557) ทุกระบบพบจำนวนยีน amoA ของ AOA มากกว่า AOB แตกต่างจากข้อมูลที่ เคยศึกษาเมื่อปี 2554 (แสดงดังตารางที่ 4.1) ที่ในบางระบบบำบัดจะพบยีน amoA ของ AOA น้อย กว่า AOB ดังนั้นข้อมูลประกอบการพิจารณาการคัดเลือกระบบบำบัดสำหรับงานวิจัยนี้ จึงพิจารณา จากข้อมูล ณ ช่วงการทำวิจัย โดยข้อมูลทางกายภาพและทางเคมีเป็นข้อมูลเฉลี่ยในปี 2556-2557 (แสดงดังตารางที่ 5.1) จะถูกใช้ประกอบคัดเลือกระบบบำบัดเพื่อศึกษากิจกรรมของ AOA และ AOB ในระบบบำบัดน้ำเสีย โดยปัจจัยที่ใช้ประกอบการคัดเลือกระบบบำบัด มีดังนี้

1. ความเข้มข้นแอมโมเนียในน้ำเสียขาเข้าและขาออก

เนื่องจากระบบบำบัด 6 แห่งที่ทำการคัดเลือก เป็นระบบบำบัดน้ำเสียชุมชนทั้งหมด แต่ ระบบบำบัด P4 และ P5 เป็นระบบบำบัดขนาดเล็ก ซึ่งข้อมูลจากห้องปฏิบัติการของระบบบำบัดไม่ได้ แสดงปริมาณแอมโมเนียในน้ำเสียขาเข้าและขาออกทำให้ไม่ทราบแนวโน้มค่าความเข้มข้นแอมโมเนีย ที่แท้จริงในระบบ เหมือนดังระบบบำบัดขนาดใหญ่ ได้แก่ P1, P2, P3 และ P6 โดยการตรวจสอบ ข้อมูลย้อนหลังพบว่าความเข้มข้นแอมโมเนียในน้ำเสียขาเข้าและขาออกของระบบบำบัดขนาดใหญ่ ค่อนข้างคงที่และมีค่าต่ำ ดังจึงสนใจเลือกระบบบำบัดขนาดใหญ่มาศึกษาในงานวิจัยนี้

2. จำนวนยืน amoA ของ AOA และ AOB

จากการนับจำนวนยืน *amoA* ของ AOA และ AOB ทั้ง 6 ระบบบำบัด พบว่าทุกระบบมี จำนวน AOA สูงมาก (มากกว่า 1x10⁷ copies/mgMLSS) ยกเว้นระบบบำบัด P4 (1.25 x 10⁴ copies/mgMLSS) ขณะที่ยืน *amoA* ของ AOB พบจำนวนมากที่ระบบบำบัด P2 และ P6 ซึ่งเมื่อ เปรียบเทียบจำนวนระหว่าง AOA และ AOB ทำให้ไม่สามารถพิจารณาการเลือกระบบจากแผนการ ทดลองเดิมได้ (AOA > AOB, AOA < AOB และ AOA ≈ AOB) ดังนั้นจึงนำประเภทของระบบบำบัด และอัตราการกำจัดแอมโมเนียโดยกลุ่มจุลินทรีย์ออโตโทรปมาประกอบการพิจารณาเพิ่มเติม แสดง รายละเอียดในหัวข้อที่ 3 และ 4 ต่อไป

ประเภทของระบบบำบัด

ระบบบำบัดทั้ง 6 แห่งมีการเดินระบบที่แตกต่างกัน ดังนี้

<u>ระบบบำบัด P1</u> – Contact stabilization activated sludge หรือระบบปรับเสถียรสัมผัส เป็นระบบที่มีการนำตะกอนจุลินทรีย์เวียนกลับเข้ามาบริเวณทางน้ำเสียขาเข้า ซึ่งจะสัมผัสกับน้ำเสีย โดยตรง โดยตะกอนจุลินทรีย์ดังกล่าวก่อนเวียนกลับมาจะถูกเติมอากาศเพื่อปรับสภาพและกระตุ้น การทำงานให้เกิดประสิทธิภาพขณะทำการบำบัดอย่างเต็มที่

ระบบบำบัด P2 – Cyclic activated sludge system เป็นระบบเอสบีอาร์ (Sequencing batch reactor, SBR) มีจุดประสงค์เพื่อกำจัดสารอินทรีย์ อีกทั้งยังกำจัดธาตุอาหารไนโตรเจนและ ฟอสฟอรัสในน้ำเสียได้ โดยใน 1 รอบการบำบัด (3 ชั่วโมง) จะแบ่งออกเป็น 3 ช่วง คือ 1. เติมน้ำเสีย และเติมอากาศ (Fill – aeration) 2. หยุดการเติมอากาศเพื่อปล่อยตกตะกอนแต่ยังคงปล่อยน้ำเสีย เข้าสู่ระบบ (Fill – Settle) และเมื่อน้ำเสียถึงระดับที่กำหนดในบ่อเติมอากาศจะหยุดเติมน้ำเสีย 3. ปล่อยน้ำเสียออก Decant (Surface skim) โดยน้ำเสียในขั้นนี้เป็นน้ำเสียที่ผ่านการบำบัดจนได้ มาตรฐานแล้ว สามารถปล่อยลงสู่แหล่งน้ำธรรมชาติได้

<u>ระบบบำบัด P3</u> - Vertical looped reactor activated sludge เป็นระบบตะกอนเร่งที่ เพิ่มประสิทธิภาพการกำจัดธาตุอาหารไนโตรเจนและฟอสฟอรัส โดยการบำบัดจะแบ่งออกเป็น 2 ส่วน ส่วนแรกจะเป็นการเดินระบบด้วยวิธี Contact stabilization ซึ่งจะเกิดสภาวะ Anoxic เพื่อให้ เกิดการกำจัดธาตุอาหารไนโตรเจนและฟอสฟอรัสในระบบบำบัดน้ำเสีย ส่วนที่สองเป็นระบบเติม อากาศเพื่อกำจัดสารอินทรีย์ในระบบให้ได้มาตรฐาน

ระบบบำบัด P4 – Aerated lagoon เป็นระบบบ่อเติมอากาศ ซึ่งออกแบบให้เกิดการผสม ระหว่างตะกอนจุลินทรีย์และน้ำเสีย ในสภาวะที่มีออกซิเจนละลายน้ำอย่างเพียงพอเพื่อให้เกิด ประสิทธิภาพการบำบัดมากที่สุด นอกจากนี้จะต้องมีบ่อบ่ม (Polishing Pond หรือ Maturation Pond) รับน้ำเสียจากบ่อเติมอากาศเพื่อตกตะกอนและปรับสภาพน้ำทิ้งก่อนระบายออกสู่สิ่งแวดล้อม

ระบบบำบัด P5 – Oxidation ditch เป็นระบบบำบัดแบบคลองวนเวียน ซึ่งน้ำเสียจะปล่อย เข้าสู่ระบบบำบัดและไหลแบบตามแนวยาวในถังเติมอากาศซึ่งค่าการละลายออกซิเจนจะแตกต่างกัน ออกไปตามความยาวของถังจนกระทั้งค่าการละลายออกซิเจนมีค่าเป็นศูนย์ซึ่งจะอยู่ในสภาวะการ บำบัดแบบ Anoxic เพื่อให้เกิดการกำจัดธาตุอาหารไนโตรเจนและฟอสฟอรัส

<u>ระบบบำบัด P6</u> – Anoxic-oxic (AO) ช่วงการบำบัดในระบบจะถูกแบ่งออกเป็น 3 ช่วง มี ความแตกต่างที่ค่าการละลายออกซิเจน โดยช่วงเริ่มต้นของบ่อเติมอากาศกำหนดให้สร้างสภาวะการ คัดเลือกสายพันธุ์ทางชีวภาพ (Selector zone) มีค่าการละลายออกซิเจน 0 มิลลิกรัมต่อลิตร ซึ่งเกิด สภาวะ Anoxic และช่วงที่ 2 กำหนดให้เกิดการสร้างสภาวะพอดีขาดออกซิเจน (Anoxic zone) มีค่า การละลายออกซิเจน 0-1 มิลลิกรัมต่อลิตร ช่วงนี้จะเกิดการกำจัดธาตุอาหารไนโตรเจนและฟอสฟอรัส ได้ ช่วงที่ 3 กำหนดให้เกิดการสร้างสภาวะใช้ออกซิเจน (Oxic zone) มีค่าการละลายออกซิเจน 2-4 มิลลิกรัมต่อลิตร โดยสารอินทรีย์จะถูกกำจัดในช่วงนี้ หลังจากนั้นน้ำเสียที่ถูกบำบัดแล้วพร้อมตะกอน จุลินทรีย์จะถูกแบ่งออกเป็น 2 ส่วน คือ ส่วนแรกส่งไปยังถังตกตะกอนขั้นสุดท้าย (Clarifier tank) ส่วนที่สองส่งกลับไปยังระบบบำบัดช่วงที่ 2 เพื่อให้จุลินทรีย์ย่อยสลายไนเตรตที่เกิดจากปฏิกิริยาไนตริ ฟิเคชันในช่วงการบำบัดแบบใช้ออกซิเจน (Oxic zone)

4. อัตราการกำจัดแอมโมเนียในระบบบำบัดน้ำเสียด้วยจุลินทรีย์กลุ่มออโตโทรป

การคำนวณอัตราการกำจัดแอมโมเนียด้วยจุลิทรีย์กลุ่มออโตโทรปในระบบบำบัดน้ำเสีย คำนวณได้ ดังนี้

คำนวณปริมาณแอมโมเนียที่จุลินทรีย์กลุ่มเฮทเทอโรโทรปใช้ในกระบวนการสร้างเซลล์
 อัตราส่วน BOD: N: P = 100: 5: 1 ดังแสดงในสมการ ต่อไปนี้

แอมโมเนีย_{เฮทเทอโรโทรป} (mgNH₄⁺-N/L) = <u>[5 x (BOD น้ำเข้า - BOD น้ำออ</u>ก)] 100

คำนวณปริมาณแอมโมเนียที่ถูกออกซิไดซ์โดยกลุ่มจุลินทรีย์ออโตโทรป ดังสมการ

%แอมโมเนีย_{ออโตโทรป} = [แอม<u>โมเนีย_{น้ำเข้า}-แอมโมเนีย_{น้ำออก}-แอมโมเนีย_{เฮทเทอโรโทรป}]x100 (mgNH4⁺-N/L) (แอมโมเนีย_{น้ำเข้า}- แอมโมเนีย_{น้ำออก}) (mgNH4⁺-N/L)</u>

ผลการคำนวณจะได้เป็นสัดส่วนการกำจัดแอมโมเนียในระบบบำบัดน้ำเสียด้วยกลุ่มจุลินทรีย์ ออโตโทรปเมื่อเทียบกับการกำจัดแอมโมเนียทั้งหมดที่เกิดขึ้นในระบบบำบัด ซึ่งแต่ละระบบแสดงค่า ดังตางรางที่ 5.1

ดังนั้นจากประเภทการบำบัดของทั้ง 6 ระบบ พบว่า ระบบ P2, P3, P5 และ P6 มีการ ออกแบบระบบบำบัดเพื่อสนับสนุนการกำจัดไนโตรเจน ซึ่งสนับสนุนต่อการทำงานของกลุ่มจุลินทรีย์ เป้าหมายที่ต้องการศึกษา แต่เนื่องจากระบบบำบัด P4 และ P5 ไม่มีข้อมูลการตรวจวัดปริมาณ แอมโมเนียในน้ำเสียขาเข้าและขาออกดังนั้น 2 ระบบนี้จะไม่แสดงสัดส่วนการกำจัดแอมโมเนียโดย จุลินทรีย์กลุ่มออโตโทรปและไม่ถูกใช้ศึกษากิจกรรมของกลุ่มจุลินทรีย์ AOA และ AOB ในงานวิจัยนี้ หากพิจารณาอัตราการกำจัดแอมโมเนียโดยจุลินทรีย์กลุ่มออโตโทรป ซึ่งคำนวณได้เฉพาะระบบบำบัด P1, P2, P3 และ P6 พบว่าระบบบำบัดที่มีอัตราการกำจัดแอมโมเนียสูงสุด 2 อันดับแรกคือ P2 และ P6 (85.55% และ 82.83% ตามลำดับ) แสดงว่าแอมโมเนียที่หายไปส่วนมากขณะน้ำเสียถูกบำบัดเกิด จากกลุ่มจุลินทรีย์ออโตโทรป ดังนั้นระบบบำบัด P2 และ P6 จึงถูกใช้ศึกษากิจกรรม AOA และ AOB ในงานวิจัยนี้ ขณะที่ระบบบำบัด P1 และ P3 มีอัตราการกำจัดแอมโมเนียที่ค่อนข้างต่ำ (50.76% และ 43.73% ตามลำดับ) สาเหตุเพราะปริมาณแอมโมเนียในน้ำเสียข้าเข้ามีปริมาณต่ำแต่มีค่าปีโอดีที่สูง เมื่อเปรียบเทียบกับระบบอื่น ๆ โดยในกระบวนการกำจัดสารอินทรีย์ในน้ำเสีย จุลินทรีย์กลุ่ม เฮกเทอโรโทรปจะใช้แอมโมเนียบางส่วนเพื่อสร้างเซลล์ขณะย่อยสลายสารอินทรีย์ แต่เมื่อพิจารณา

ประเภทระบบบำบัดประกอบพบว่าระบบบำบัด P3 มีการออกแบบให้สนับสนุนการกำจัดธาตุอาหาร ้ในโตรเจนและฟอสฟอรัส ในขณะที่ระบบบำบัด P1 ไม่ได้ถูกออกแบบให้เกิดกระบวนการดังกล่าว ้ประกอบกับจำนวน AOB มีค่าต่ำมาก (4.88 x 10³ copies/meMLSS) เมื่อเทียบกับจำนวน AOA ซึ่ง จะทำให้การตรวจนับจำนวนดีเอ็นเอในแต่ละแฟรคชั่นโดยเทคนิค DNA-SIP ทำได้ยากเนื่องจาก ปริมาณดีเอ็นเอที่บรรจุในหลอด Ultracentrifuge ต้องอยู่ในช่วง 0.5 – 5 ไมโครกรัม และเมื่อทำการ ้ ปั่นแยกดีเอ็นเอซึ่งจะเกิดการกระจายตัวในหลอดจะถูกแบ่งเก็บแฟรคชันเพื่อนำไปตกตะกอนและดู การกระจายตัวของดีเอ็นเอ และยังถูกเจือจางซ้ำอีกครั้งด้วยตัวทำละลายดีเอ็นเอ (TE Buffer) ทำให้ ในแต่ละแฟรคชั่นอาจมีสัดส่วนดีเอ็นเอของ AOB น้อยมากเมื่อเปรียบเทียบกับ AOA ส่งผลต่อการ ตรวจนับจำนวนในแต่ละแฟรคชันด้วยเทคนิค Real-time PCR เป็นไปได้ยากเพราะปริมาณดีเอ็น แม่แบบ (Template) อาจไม่เพียงพอ ซึ่งจะส่งผลให้เห็นผลการทดลองที่ไม่ชัดเจน อย่างไรก็ตาม ตะกอนจุลินทรีย์จากระบบบำบัด P1 ซึ่งมี AOA มากที่สุดเมื่อเปรียบเทียบกับระบบบำบัดอื่นเป็น ระบบที่น่าสนใจในการศึกษากิจกรรมของ AOA และ AOB ในการออกซิไดซ์แอมโมเนียเช่นกัน แต่ อาจต้องมีการปรับเทคนิค DNA-SIP หรือเลือกใช้เทคนิคระดับโมเลกุลเทคนิคอื่นในการศึกษากิจกรรม ของกลุ่มจุลินทรีย์ดังกล่าวในระบบบำบัดนี้ ดังนั้นระบบบำบัดสำหรับการศึกษากิจกรรมของจุลินทรีย์ กลุ่ม AOA และ AOB ในงานวิจัยนี้มีทั้งหมด 3 ระบบ ได้แก่ P2, P3 และ P6 ซึ่งจะใช้ศึกษาต่อไปใน การทดลองที่ 3

> จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย Chulalongkorn University
ตารางที่ 5.1 ปัจจัยสำหรับการคัดเลือกระบบบำบัดน้ำเสีย

ปัจจัยที่เกี่ยวข้องใน	เการคัดเลือก			ระบบบำบัด	ะ้ำเสีย		
ระบบบำบัดเ	้นำเสีย	P1	P2	P3	P4	P5	9d
ประเภทระบเ	ານຳບັດ	Contact stabilization AS	Cyclic Activated sludge system	Vertical loop Reactor AS	Aerated Lagoon	Oxidation ditch	Anoxic-Oxic A
ความเข้มข้นแอมโมเนีย (ma NH ⁺-NA)	ขาเข้า	6.27	8.39	4.51		1	12.84
(ค่าเฉลี่ยปี 2556-2557)	ขาออก	ณ์มห (CTIN	1.47	1.51	, , , , , ,	ı	1.17
BOD	ขาเข้า	55.75	29.58	42.48	69.13	107.79	39.28
(mg/L)	ขาออก	4.95	5.81	8.45	6.75	4.25	5.56
จำนวนประชากร ยืน <i>ฉmoA</i>	เปรียบเทียบจำนวน ระหว่าง AOA และ AOB	AOA > AOB	AOA > AOB	AOA > AOB	AOA > AOB	AOA > AOB	AOA > AOB
(copies/mgMLSS)	AOA	$1.19 \times 10^{8}$	$1.74 \times 10^{7}$	$2.19 \times 10^{7}$	$1.25 \times 10^{4}$	$1.23 \times 10^{7}$	$1.00 \times 10^{7}$
(ตรวจวัดเมือ ก.ค. 2557)	AOB	$4.88 \times 10^{3}$	$1.74 \times 10^{4}$	2.56 × 10 ⁵	$3.44 \times 10^{3}$	$3.74 \times 10^{3}$	$5.85 \times 10^{5}$
% BOD ren	noval	91.13	80.37	80.11	90.24	96.06	85.86
% NH4 ⁺ -N removal	by autotroph	50.76	82.83	43.43	I	I	85.55



# ภาพที่ 5.1 จำนวนยืน amoA ของกลุ่มประชากร AOA และ AOB ในระบบบำบัดน้ำเสีย 5.2 การทดลองที่ 2 การหาสภาวะที่เหมาะสมสำหรับการแยกดีเอ็นเอนในเกรเดียนท์ของ สารละลาย

หลักการแยกดีเอ็นเอในช่วงเกรเดียนท์ของซีเซียมคลอไรด์ขึ้นอยู่กับปริมาณเบส G และ C (%GC content) ในดีเอ็นเอของแต่ละสายพันธุ์จุลินทรีย์ โดยกลุ่มจุลินทรีย์ AOA และ AOB ในระบบบำบัดน้ำ เสีย พบว่ามี %GC content โดยเฉลี่ยที่ 50 % ซึ่งงานวิจัยที่ผ่านยังไม่เคยมีการใช้เทคนิค DNA-SIP ศึกษากิจกรรมกลุ่มจุลินทรีย์ AOA และ AOB ในตัวอย่างจากสิ่งแวดล้อมดังกล่าวมาก่อน ดังนั้นงานวิจัย นี้จึงเป็นงานแรกที่เริ่มศึกษา โดยขั้นแรกจำเป็นต้องตรวจสอบหาสภาวะที่เหมาะสมสำหรับการกระจาย ตัวของดีเอ็นเอของกลุ่มจุลินทรีย์ AOA และ AOB จากระบบบำบัดน้ำเสียในซีเซียมคลอไรด์ โดยปัจจัย ที่คาดว่าน่าจะมีผลต่อการแยกมี 2 ปัจจัยหลักคือ

- 1. ช่วงเกรเดียนท์ของซีเซียมคลอไรด์ ซึ่งขึ้นกับความหนาแน่นเริ่มต้นของซีเซียมคลอไรด์
- 2. แรงหนีศูนย์กลาง (g-force) สำหรับการปั่นด้วยเครื่อง ultracentrifuge

ขั้นตอนสำหรับการทำ DNA-SIP ในเบื้องต้นอ้างอิงจาก Niu และคณะ (2013) ซึ่งเป็นงานวิจัยที่ เกี่ยวข้องกันกลุ่มจุลินทรีย์ AOA และ AOB ในตัวอย่างน้ำประปา งานวิจัยดังกล่าวใช้ความหนานแน่น ซีเซียมคลอไรด์เริ่มต้นที่ 1.88 กรัมต่อมิลลิลิตร ความเร็วรอบ 178,000xg ดังนั้นในการทดลองนี้จึงแปร ค่าตัวแปร 2 ชนิด ได้แก่ ความหนาแน่นซีเซียมคลอไรด์เริ่มต้นและความเร็วรอบของเครื่อง ultracentrifuge ซึ่งดีเอ็นที่ใช้ในการหาสภาวะที่เหมาะสมสำหรับการแยกดีเอ็นเอของ AOA และ AOB ในช่วงเกรเดียนท์ของซีเซียมคลอไรด์จะเป็นดีเอ็นเอที่สกัดจากตะกอนจุลินทรีย์ในระบบบำบัดน้ำเสีย โดยไม่ผ่านการบ่ม ซึ่งตำแหน่งยอดพีคของกราฟที่แสดงในการทดลองนี้จะเป็นตำแหน่งของคาร์บอน ไอโซโทป ¹²C โดยผลการทดลองแบ่งออกเป็น 2 ส่วน คือ

1) ผล DNA-SIP จากการแปรค่าความหนาแน่นเริ่มต้นของซีเซียมคลอไรด์

ค่าความหนาแน่นเริ่มต้นของซีเซียมคลอไรด์ที่ทำการทดลอง ค่าดังนี้ 1.80, 1.82, 1.84, 1.86 และ 1.88 g/mL⁻¹ ซึ่งทำการปั่นแยกด้วยเครื่อง Ultracentrifuge ที่อุณหภูมิ 20 องศาเซลเซียส ค่าความเร็วรอบของแรงหนีศูนย์กลาง (G-force) 178,000*xg* ระยะเวลา 72 ชั่วโมง

จากการแปรค่าความหนาแน่นของซีเซียมคลอไรด์เริ่มต้นก่อนผสมกับดีเอ็นเอและนำไปแยก ด้วยเครื่อง Ultracentrifuge พบว่าช่วงเกรเดียนท์การกระจายตัวของซีเซียมคลอไรด์จะแปรตามความ หนาแน่นเริ่มต้นของซีเซียมคลอไรด์ โดยค่าความหนาแน่นเริ่มต้นของซีเซียมคลอไรด์ต่ำจะทำให้ช่วง เกรเดียนท์ค่าความหนาแน่นของซีเซียมคลอไรด์ต่ำด้วย พิจารณาจากยอดพีคของคาร์บอนไอโซโทป ¹²C ของ AOA และ AOB พบว่าทุกค่าความหนาแน่นของซีเซียมคลอไรด์เริ่มต้น AOA ยอดพีคอยู่ที่ค่า ความหนาแน่นประมาณ 1.69 กรัมต่อมิลลิลิตร ขณะที่ AOB ยอดพีคอยู่ที่ค่าความหนาแน่นประมาณ 1.70 กรัมต่อมิลลิลิตร จากทฤษฎีระบุว่าหากเซลล์มีการสะสมคาร์บอนไอโซโทป ¹³C เข้าสู่เซลล์ 100% การเคลื่อนที่ของกราฟคาร์บอนไอโซโทป ¹³C จะเคลื่อนที่ไปทางขวาโดยยอดพีคของคาร์บอนไอโซโทป ¹³C จะห่างจากยอดพีคไอโซโทป ¹²C อยู่ 0.036 กรัมต่อมิลลิลิตร (Buckley และคณะ, 2007) ดังนั้น การเลือกช่วงการกระจายเกรเดียนท์ของซีเซียมคลอไรด์จึงต้องเลือกช่วงที่ครอบคลุมการเคลื่อนที่ของ กราฟ ¹³C เกิดจากการสะสมไบคาร์บอเนตคาร์บอนไอโซโทป ¹³C เข้าสู่เซลล์ ของ AOA และ AOB ซึ่ง มีค่า 1.726 และ 1.736 กรัมต่อมิลลิลิตรตามลำดับ จากภาพที่ 5.2 แสดงกราฟ DNA-SIP ที่เกิดจาก การแปรค่าความหนาแน่นซีเซียมคลอไรด์เริ่มต้น พบว่าที่ค่าความหนาแน่นเริ่มต้นของซีเซียมคลอไรด์ 1.88 กรัมต่อมิลลิลิตร เป็นค่าที่เหมาะสมสำหรับการแยกดีเอ็นเอของกลุ่มจุลินทรีย์ AOA และ AOB ซึ่ง ้ค่าความหนาแน่นดังกล่าวจะถูกใช้เป็นค่าความหนาแน่นเริ่มต้นของซีเซียมคลอไรด์ในการแปรค่า ความเร็วรอบของแรงหนีศูนย์กลางเพื่อหาค่าที่เหมาะสม



ภาพที่ 5.2 DNA-SIP การแปรค่าความหนาแน่นเริ่มต้นของซีเซียมคลอไรด์

2) ผล DNA-SIP จากการแปรค่าความเร็วรอบของแรงหนีศูนย์กลาง (G-force)

ค่าความเร็วรอบที่ทำการทดลอง มี 3 ค่า ดังนี้ 178,000xg, 184,000xg และ 190,000xg สำหรับการทดลองนี้ใช้ดีเอ็นเอที่สกัดได้จากตัวอย่างในน้ำประปา (Niu และคณะ 2013) ที่พบว่าเซลล์มี การสะสมคาร์บอนไอโซโทป ¹²C และ ¹³C เข้าสู่เซลล์อย่างแน่นอน ซึ่งผล DNA-SIP จะแสดงการแยก ระหว่างกราฟ ¹²C และ ¹³C ซึ่งจะทำให้เหลือตัวแปรของค่าความเร็วรอบเพียงตัวแปรเดียวซึ่งถูกสนใจ ในการทดลองนี้



Buoyant density (g/mL)

ภาพที่ 5.3 DNA-SIP การแปรค่าความเร็วรอบของแรงหนีศูนย์กลาง (G-force)

ผลการแปรค่าความเร็วรอบของแรงหนีศูนย์กลางพบว่า ทั้ง AOA และ AOB มีลักษณะการ เคลื่อนที่ของกราฟ ¹²C และ ¹³C ที่เหมือนกัน คือ AOA มีพื้นที่ใต้กราฟบางส่วนเบ้มาทางด้านขวาของ กราฟ ¹³C ซึ่งไม่มีการซ้อนทับกับกราฟ ¹²C พื้นที่ดังกล่าวแสดงถึงสัดส่วนดีเอ็นเอที่เกิดจากการสะสม ของคาร์บอนไอโซโทป ¹³C ซึ่งหนักกว่าดีเอ็นเอปกติที่สร้างจากคาร์บอนไอโซโทป ¹²C ดังนั้นช่วงค่า ความหนาแน่นของช่วงพีค ¹³C (1.68-1.76 g/mL) จึงมีค่าสูงกว่าช่วงค่าความหนาแน่นของพีค ¹²C (1.68-1.72 g/mL) ขณะที่ AOB เกิดการแยกพีคระหว่าง กราฟ ¹²C และ ¹³C อย่างชัดเจน โดยยอดพีค ของทั้งสองกราฟมีค่าความหนาแน่นต่างกันอยู่ประมาณ 0.04 g/mL ซึ่งใกล้เคียงกับค่าตามทฤษฎีที่ได้ กล่าวไปเบื้องต้นแสดงว่ายืน *amoA* ของ AOB ที่พบที่ค่าความหนาแน่นประมาณ 1.74 g/mL เป็นเซลล์ ใหม่ที่มีการสะสมคาร์บอนไอโซโทป ¹³C เข้าสู่เซลล์ 100% ดังนั้นการพิจารณาเลือกค่าความเร็วรอบที่ เหมาะสมจึงเลือกพิจารณาจากผล DNA-SIP ของ AOA เป็นหลักเพราะพบว่ามีการแยกที่ไม่ชัดเจน ดังเช่น AOB ซึ่งค่าความเร็วรอบมีการแยกของพีค ¹³C ชัดเจนที่สุดคือ 178,000xg และเปรียบเทียบผล DNA-SIP เมื่อมีการปรับค่าความเร็วรอบสูงขึ้นพบว่าพีค ¹³C ของ AOA มีการแยกที่น้อยลง อย่างไรก็ ตามเนื่องจากตัวอย่างที่ใช้ศึกษาในการทดลองนี้สกัดจากตัวอย่างที่บ่มด้วยคาร์บอนไอโซโทป ¹³C แต่ ยังคงมีเซลล์เก่าที่ประกอบด้วยคาร์บอนไอโซโทป ¹²C เท่านั้นของ AOA และ AOB ปะปนอยู่ด้วย จึงทำ ให้กราฟ ¹³C ยังคงเห็นพีคบางส่วนซ้อนทับกับพีคของกราฟ ¹²C

ดังนั้น สภาวะที่เหมาะสมที่ใช้สำหรับการแยกยีน *amoA* ของ AOA และ AOB ด้วยเครื่อง Ultracentrifuge มีดังนี้ ค่าความหนาแน่นเริ่มต้นของซีเซียมคลอไรด์ 1.88 g/mL, ค่าความเร็วรอบของ แรงหนีศูนย์กลาง 178,000×g, อุณหภูมิขณะปั่นแยก 20 องศาเซลเซียส, ระยะเวลาการปั่น 72 ชั่วโมง

# 5.3 การทดลองที่ 3 การพิสูจน์การใช้แหล่งคาร์บอนจากคาร์บอนไดออกไซด์ของกลุ่มประชากร AOAและ AOB ในระบบบำบัดน้ำเสียชุมชนในสภาวะมีแอมโมเนียโดยเทคนิค DNA stable isotope probing (DNA-SIP)

การพิสูจน์การใช้แหล่งคาร์บอนจากคาร์บอนไดออกไซด์ของกลุ่มประชากร AOA และ AOB ใช้คาร์บอนไดออกไซด์ในรูปไบคาร์บอเนต (HCO₃⁻) ที่ความเข้มข้น 0.01 มิลลิโมลาร์ เป็นแหล่ง คาร์บอนให้แก่กลุ่มจุลินทรีย์ในระบบบำบัด โดยความเข้มข้นแอมโมเนียในน้ำเสียสังเคราะห์ขาเข้า สำหรับการบ่มตะกอนจุลินทรีย์มี 2 ค่า ได้แก่ 7 mgNH₄⁺-N/L และน้ำเสียขาเข้าแบบไม่เติม แอมโมเนีย โดยมีระยะเวลากักเก็บน้ำ (HRT) 5 วัน โดยไม่มีการเวียนตะกอนออก ระหว่างการบ่มจะ วัดค่าพารามิเตอร์ทางเคมี ได้แก่ แอมโมเนีย ไนไตรต์ ไนเตรต และค่าความเป็นกรดด่างทุก 3 วัน แสดงในตารางที่ 5.2 โดยการบ่มตะกอนจุลินทรีย์แต่ละสัปดาห์จะมีการเก็บตะกอนจุลินทรีย์ตัวอย่าง เพื่อมาทำการวิเคราะห์ DNA-SIP ซึ่งผลการทดลองจะแสดงเรียงตามระบบบำบัด คือ P2, P3 และ P6

#### 5.3.1 DNA-SIP ของกลุ่มประชากร AOA และ AOB ระบบบำบัด P2

้จากภาพที่ 5.4 – 5.6 แสดงผลการทำ DNA-SIP ที่ความเข้มข้นแอมโมเนียต่าง ๆ โดยคอลัมน์ ทางซ้ายแสดง DNA-SIP ของยีน amoA ของ AOA ขณะที่คอลัมน์ทางขวาแสดง DNA-SIP ของยีน amoA ของ AOB แต่ละคอลัมน์จากกราฟบนสุดจะแสดง DNA-SIP วันที่ 0 ซึ่งเป็นวันเริ่มต้นของการ บ่มตะกอนจุลินทรีย์ โดยกราฟจากบนลงล่างจะเรียงตามวันของการบ่มตะกอนจุลินทรีย์ คือ วันที่ 7, 14, 28 ตามลำดับ ในแต่ละกราฟแกน x คือค่า Buoyant density ที่วัดได้จากแต่ละแฟรคชันของ DNA-SIP แกน y คือสัดส่วนที่เกิดจากจำนวนยืน amoA ของ AOA หรือ AOB แต่ละแฟรคชันต่อ จำนวนยืน amoA ของ AOA หรือ AOB ที่มากที่สุดต่อแฟรคชันทั้งหมด ซึ่งทำให้ยอดพีคของกราฟ แต่ละเส้นจะมีค่าเป็น 1.00 เสมอ โดยผลของแต่ละกราฟจะเป็นการเปรียบเทียบระหว่างการบุ่ม ด้วยไบคาร์บอเนตคาร์บอนไอโซโทป ¹³C แสดงด้วยกราฟเส้นทึบ (¹³C) และไบคาร์บอเนตคาร์บอน ไอโซโทป ¹²C แสดงด้วยกราฟเส้นประ (¹²C) ผลการทดลอง DNA-SIP ของระบบบำบัด P2 มีดังนี้ ที่ ความเข้มข้นแอมโมเนียในน้ำเสียขาเข้า 7 mgNH₄+-N/L และมีความเข้มข้นแอมโมเนียเริ่มต้นในถัง ปฏิกรณ์ 0.5 mgNH₄⁺-N/L ที่ความเข้มข้นดังกล่าวแบ่งการบ่มตะกอนจุลินทรีย์ออกเป็น 2 รอบ แต่ ละรอบเก็บตะกอนจุลินทรีย์จากระบบระยะเวลาต่างกัน 1 เดือน พบว่ารอบที่ 1 (ภาพที่ 5.4) ผล DNA-SIP ของ AOA ที่การบุ่มได้ 7 วัน มีการเคลื่อนที่ของกราฟ ¹³C ไปทางขวาเมื่อเปรียบเทียบกับ กราฟ ¹²C แสดงว่า AOA มีการสะสมไบคาร์บอเนตเข้าสู่เซลล์ แต่ยังพบว่าพื้นที่ใต้กราฟของ ¹³C บางส่วนมีการซ้อนทับกับ ¹²C วิเคราะห์ได้ว่า AOA อาจมีการเจริญเติบโตที่ช้า ทำให้สัดส่วนของเซลล์ ใหม่ซึ่งประกอบไปด้วย ¹³C มีสัดส่วนใกล้เคียงกับเซลล์เก่าซึ่งประกอบไปด้วย ¹²C และเมื่อผ่านไป 14 วัน พบว่า AOA มีการเคลื่อนที่ของกราฟ ¹³C ไปทางขวามากขึ้นแสดงว่า AOA มีการสะสมไบ คาร์บอเนตและมีการเจริญเติบโตของเซลล์ที่ประกอบไปด้วย ¹³C ที่เพิ่มมากขึ้นเมื่อเปรียบเทียบกับ การบ่มที่ 7 วัน ขณะที่ผล DNA-SIP ของ AOB ที่การบ่ม 7 วัน พบว่ากราฟ ¹³C มีการเคลื่อนที่แยก ออกจากกราฟ ¹²C อย่างชัดเจน แสดงว่า AOB มีการสะสมไบคาร์บอเนตเข้าสู่เซลล์โดยใช้เป็นแหล่ง คาร์บอน และมีการเจริญเติบโตที่เร็วส่งผลให้สัดส่วนเซลล์ใหม่ซึ่งประกอบไปด้วย ¹³C มีมากกว่าเซลล์ ้เก่าซึ่งประกอบไปด้วย ¹²C อย่างเห็นได้ชัด และเมื่อการบ่มผ่านไป 28 วันพบว่ากราฟไม่มีการ เปลี่ยนแปลง สรุปได้ว่าทั้ง AOA และ AOB มีการใช้แหล่งคาร์บอนจากไบคาร์บอเนตเพื่อสร้างเซลล์ อย่างแน่นอน



Buoyant density (g/mL)

ภาพที่ 5.4 DNA-SIP ระบบบำบัด P2 (รอบ 1) ที่ความเข้มข้นแอมโมเนีย 7 mgNH4⁺-N/L

สำหรับแหล่งพลังงานของ AOA และ AOB ซึ่งคาดว่ามาจากแอมโมเนีย สามารถพิสูจน์ได้ จากผลการบ่มตะกอนจุลินทรีย์แบบไม่เติมแอมโมเนียให้แก่น้ำเสียสังเคราะห์ขาเข้าในสภาวะมี ไบคาร์บอเนต (ใช้ตะกอนจุลินทรีย์ที่ถูกเก็บรอบ 2) โดยผล DNA-SIP เมื่อการบ่มตะกอนจุลินทรีย์ผ่าน ไป 14 วัน (ภาพที่ 5.5) พบว่าไม่มีการเคลื่อนที่ของกราฟ ¹³C จากทั้งยีน *amoA* ของ AOA และ AOB ขณะที่การบ่มที่แอมโมเนียในน้ำเสียขาเข้า 7 mgNH₄⁺-N/L มีการเคลื่อนที่ของกราฟ ¹³C ตั้งแต่การ บ่มวันที่ 7 แสดงให้เห็นว่าทั้ง AOA และ AOB ใช้แอมโมเนียเป็นแหล่งพลังงานเมื่อใช้ไบคาร์บอเนต เป็นแหล่งคาร์บอน เพื่อยืนยันผลดังกล่าวจึงทำการบ่มตะกอนจุลินทรีย์ในระบบบำบัด P2 ซ้ำรอบที่ 2 (ภาพที่ 5.6) โดยเก็บตะกอนจุลินทรีย์ห่างจากการบ่มรอบแรกเป็นระยะเวลา 1 เดือน พบว่า AOA และ AOB มีการเคลื่อนที่ของกราฟ ¹³C เมื่อการบ่มผ่านไป 14 วัน ต่างจากรอบแรกที่มีการเคลื่อนที่ของกราฟ ¹³C เมื่อการบ่มผ่านไป 7 วัน ซึ่งอาจมาจาก AOA อาจมีการเจริญเติบโตที่ซ้าทำให้เห็นการเคลื่อนที่ ของกราฟ ¹³C ซ้ากว่าการบ่มรอบที่ 1 นอกจากนี้ผลการทดลองยังยืนยันได้ว่าการสะสมไบคาร์บอเนต คาร์บอนไอโซโทป ¹³C ของ AOA ไม่ได้เกิดจาก Cross feeding เนื่องจากการเกิด Cross feeding เป็นการที่เซลล์ตั้งต้นย่อยเซลล์ตาย โดยเซลล์ที่ตายต้องเกิดจากการแบ่งตัวของเซลล์ตั้งต้นที่มีการ สะสมไบคาร์บอเนตคาร์บอนไอโซโทป ¹³C เข้าสู่เซลล์ก่อน โดยระยะเวลาดังกล่าวต้องใช้เวลาอย่างต่ำ ประมาณ 14 วัน ซึ่งจากการบ่มรอบที่ 1 ที่ความเข้มข้นแอมโมเนียในน้ำเสียขาเข้า 7 mgNH₄⁺-N/L กราฟ ¹³C มีการเคลื่อนที่ไปทางขวาตั้งแต่ 7 วัน ขณะที่ระยะเวลาการแบ่งตัวของ AOA ใช้เวลา ประมาณ 3-4 วัน (Limpiyakorn และคณะ, 2013) ซึ่งระยะเวลาใกล้เคียงกัน จากผล DNA-SIP ที่ ความเข้มข้นแอมโมเนียในน้ำเสียขาเข้า 7 mgNH₄⁺-N/L ทั้ง 2 รอบ ยืนยันได้ว่า AOA และ AOB ใน ระบบบำบัดน้ำเสีย P2 มีการทำงานแบบออโตโทรปและมีความสามารถในการกำจัดแอมโมเนียใน ระบบบำบัดน้ำเสีย ณ ความเข้มข้นแอมโมเนียที่ทำการทดลอง (7 mgNH₄⁺-N/L) โดยใช้ไบคาร์บอเนต เป็นแหล่งคาร์บอน



Buoyant density (g/mL)

ภาพที่ 5.5 DNA-SIP ระบบบำบัด P2 ไม่เติมแอมโมเนีย



Buoyant density (g/mL)

ภาพที่ 5.6 DNA-SIP ระบบบำบัด P2 (รอบ 2) ที่ความเข้มข้นแอมโมเนีย 7 mgNH₄+-N/L



#### 5.3.2 DNA-SIP ของกลุ่มประชากร AOA และ AOB ระบบบำบัด P3

ภาพที่ 5.7 DNA-SIP ระบบบำบัด P3 (รอบ 1) ที่ความเข้มข้นแอมโมเนีย 7 mgNH4⁺-N/L

จากภาพที่ 5.7 – 5.9 แสดงผลการทำ DNA-SIP ที่ความเข้มข้นแอมโมเนียต่าง ๆ โดยคอลัมน์ ทางซ้ายแสดง DNA-SIP ของยีน amoA ของ AOA ขณะที่คอลัมน์ทางขวาแสดง DNA-SIP ของยีน amoA ของ AOB แต่ละคอลัมน์จากกราฟบนสุดจะแสดง DNA-SIP วันที่ 0 ซึ่งเป็นวันเริ่มต้นของการ บ่มตะกอนจุลินทรีย์ โดยกราฟจากบนลงล่างจะเรียงตามวันของการบ่มตะกอนจุลินทรีย์คือ วันที่ 7, 14, 28 ตามลำดับ ในแต่ละกราฟแกน x คือค่า Buoyant density ที่วัดได้จากแต่ละแฟรคชันของ DNA-SIP แกน y คือสัดส่วนที่เกิดจากจำนวนยีน amoA ของ AOA หรือ AOB แต่ละแฟรคชันต่อ จำนวนยีน amoA ของ AOA หรือ AOB ที่มากที่สุดต่อแฟรคชันทั้งหมด ซึ่งทำให้ยอดพีคของกราฟ แต่ละเส้นจะมีค่าเป็น 1.00 เสมอ โดยผลของแต่ละกราฟจะเป็นการเปรียบเทียบระหว่างการบ่ม ด้วยไบคาร์บอเนตคาร์บอนไอโซโทป ¹³C แสดงด้วยกราฟเส้นทีบ (¹³C) และไบคาร์บอเนตคาร์บอน ไอโซโทป ¹²C แสดงด้วยกราฟเส้นประ (¹²C) ผลการทดลอง DNA-SIP ของระบบบำบัด P2 มีดังนี้ ที่ ความเข้มข้นแอมโมเนียในน้ำเสียขาเข้า 7 mgNH₄⁺-N/L และมีความเข้มข้นแอมโมเนียเริ่มต้นในถัง ปฏิกรณ์ 0.5 mgNH₄⁺-N/L ที่ความเข้มข้นดังกล่าวแบ่งการบ่มตะกอนจุลินทรีย์ออกเป็น 2 รอบ แต่ ละรอบเก็บตะกอนจุลินทรีย์จากระบบระยะเวลาต่างกัน พบว่ารอบที่ 1 (ภาพที่ 5.7) ผล DNA-SIP ของ AOA เมื่อการบ่มผ่านไป 28 วันพบว่าไม่มีการเคลื่อนที่ของกราฟ ¹³C ขณะที่ AOB มีการเคลื่อนที่ ของกราฟ ¹³C แยกออกจากกราฟ ¹²C อย่างชัดเจนเมื่อการบ่มผ่านไป 7 วัน เมื่อทำการบ่มซ้ำรอบที่ 2 ซึ่งตะกอนจุลินทรีย์ถูกเก็บห่างจากรอบที่ 1 เป็นระยะเวลา 5 เดือน (ภาพที่ 5.9) พบว่าเมื่อผ่านไป 14 วัน AOA ไม่การเคลื่อนของกราฟ ¹³C เช่นเดียวกับรอบแรก ขณะที่ AOB มีการเคลื่อนที่ของกราฟ ¹³C แยกออกจากกราฟ ¹²C อย่างชัดเจน แต่การบ่มตะกอนจุลินทรีย์ยังดำเนินต่อไปที่ 28 วันจึงหยุดบ่ม ซึ่งผล DNA-SIP ที่ 28 วัน AOA ไม่การเคลื่อนของกราฟ ¹³C เช่นกัน (ผลไม่ได้แสดง) ขณะที่การ ตรวจสอบการใช้แอมโมเนียของ AOA และ AOB โดยการบ่มตะกอนจุลินทรีย์แบบไม่เติมแอมโมเนีย ให้แก่น้ำเสียสังเคราะห์ขาเข้า (ใช้ตะกอนจุลินทรีย์ที่ถูกเก็บรอบ 2) ในสภาวะมีไบคาร์บอเนตพบว่าเมื่อ บ่มตะกอนจุลินทรีย์ผ่านไป 28 วัน (ภาพที่ 5.8) ทั้ง AOA และ AOB ไม่มีการเคลื่อนที่ของกราฟ ¹³C วิเคราะห์ได้ว่า AOA ในระบบบำบัดน้ำเสีย P3 ณ ความเข้มข้นแอมโมเนีย 7 mgNH₄⁺-N/L อาจไม่มี การทำงานแบบออโตโทรป ซึ่งปริมาณแอมโมเนียที่ลดลงระหว่างการบ่มน่าจะเกิดจากการออกซิไดซ์ แอมโมเนียชอง AOB ที่มีการทำงานแบบออโตโทรปและใช้ไบคาร์บอเนตเป็นแหล่งคาร์บอนและ แอมโมเนียเป็นแหล่งพลังงาน



Buoyant density (g/mL) ภาพที่ 5.8 DNA-SIP ระบบบำบัด P3 ไม่เติมแอมโมเนีย



Buoyant density (g/mL)

ภาพที่ 5.9 DNA-SIP ระบบบำบัด P3 (รอบ 2) ที่ความเข้มข้นแอมโมเนีย 7 mgNH4⁺-N/L อย่างไรก็ตามการทำงานของ AOA ในระบบบำบัด P3 ยังไม่สามารถยืนยันได้อย่างชัดเจนว่า AOA ในระบบดังกล่าวไม่ได้มีการทำงานแบบออโตโทรป เพราะมีหลายประเด็นที่ต้องพิสูจน์เพิ่มเติม เพื่อยืนยันการทำงานของ AOA ในระบบบำบัดน้ำเสีย P3 ประเด็นที่หนึ่งเนื่องจากงานที่ผ่านมา AOA บางสายพันธุ์มีการทำงานรูปแบบอื่น เช่น มิกโซโทรป (Mixotroph) หรือ เฮทเทอโรโทรป (Heterotroph) (Tourna และคณะ, 2011, Mußmann และคณะ, 2011) แต่การศึกษาการทำงาน รูปแบบอื่นซึ่งเกี่ยวข้องกับการใช้สารอินทรีย์ต้องมีการศึกษาเพิ่มเติมต่อไปซึ่งใช้ระยะเวลานาน เนื่องจากสารอินทรีย์ที่เซลล์ทั่วไปใช้ในการเจริญโตมีหลากหลายชนิด ประเด็นที่สองคือสภาวะการ บ่ม เมื่อพิจารณาจากค่า Ks (ตารางที่ 4.2) พบว่าความเข้มข้นแอมโมเนียในน้ำเสียมีผลต่อการ เจริญเติบโตที่แตกต่างกันทั้งในระหว่างกลุ่มจุลินทรีย์ AOA และ AOB และในระดับสายพันธุ์ของ AOA และ AOB ด้วยกันเอง ซึ่งการเพิ่มหรือลดความเข้มข้นแอมโมเนียในน้ำเสียขาเข้าอาจทำให้ผลการ ทดลองเกิดการเปลี่ยนแปลงได้ ขณะเดียวกันการตรวจสอบระดับสายพันธ์ของ AOA ในระบบบำบัด P3 เพื่อวิเคราะห์และเปรียบเทียบการทำงานในระดับสายพันธุ์กับระบบอื่น ๆ ซึ่งการทดลองส่วนนี้ เป็นงานในอนาคตต้องมีการศึกษาต่อไป



#### 5.3.3 DNA-SIP ของกลุ่มประชากร AOA และ AOB ระบบบำบัด P6

ภาพที่ 5.10 DNA-SIP ระบบบำบัด P6 (รอบ 1) ที่ความเข้มข้นแอมโมเนีย 7 mgNH₄⁺-N/L จากภาพที่ 5.10 แสดงผลการทำ DNA-SIP ที่ความเข้มข้นแอมโมเนียต่าง ๆ โดยคอลัมน์ ทางซ้ายแสดง DNA-SIP ของยีน *amoA* ของ AOA ขณะที่คอลัมน์ทางขวาแสดง DNA-SIP ของยีน *amoA* ของ AOB แต่ละคอลัมน์จากกราฟบนสุดจะแสดง DNA-SIP วันที่ 0 ซึ่งเป็นวันเริ่มต้นของการ บ่มตะกอนจุลินทรีย์ โดยกราฟจากบนลงล่างจะเรียงตามวันของการบ่มตะกอนจุลินทรีย์คือ วันที่ 7, 14, 28 ตามลำดับ ในแต่ละกราฟแกน × คือค่า Buoyant density ที่วัดได้จากแต่ละแฟรคชันของ DNA-SIP แกน y คือสัดส่วนที่เกิดจากจำนวนยีน *amoA* ของ AOA หรือ AOB แต่ละแฟรคชันของ DNA-SIP แกน y คือสัดส่วนที่เกิดจากจำนวนยืน *amoA* ของ AOA หรือ AOB แต่ละแฟรคชันต่อ จำนวนยืน *amoA* ของ AOA หรือ AOB ที่มากที่สุดต่อแฟรคชันทั้งหมด ซึ่งทำให้ยอดพีคของกราฟ แต่ละเส้นจะมีค่าเป็น 1.00 เสมอ โดยผลของแต่ละกราฟจะเป็นการเปรียบเทียบระหว่างการบ่ม ด้วยไบคาร์บอเนตคาร์บอนไอโซโทป ¹³C แสดงด้วยกราฟเส้นทีบ (¹³C) และไบคาร์บอเนตคาร์บอน ไอโซโทป ¹²C แสดงด้วยกราฟเส้นประ (¹²C) ผลการทดลอง DNA-SIP ของระบบบำบัด P2 มีดังนี้ ที่ ความเข้มข้นแอมโมเนียในน้้ำเสียขาเข้า 7 mgNH₄⁺-N/L และความเข้มข้นแอมโมเนียเริ่มต้นในถัง ปฏิกรณ์ 0.5 mgNH₄⁺-N/L ที่ความเข้มข้นดังกล่าวแบ่งการบ่มตะกอนจุลินทรีย์ออกเป็น 2 รอบ แต่ ละรอบเก็บตะกอนจุลินทรีย์จากระบบระยะเวลาต่างกัน โดยพบว่าการบ่มตะกอนจุลินทรีย์รอบที่ 1 AOA มีการเคลื่อนที่ของกราฟ ¹³C ไปทางขวาเมื่อการบ่มผ่านไป 7 วัน และที่ 28 วัน กราฟยังคงเป็น เช่นเดิมโดยมีพื้นที่ใต้กราฟบางส่วนของกราฟ ¹³C ซ้อนทับกับกราฟ ¹²C ขณะที่ AOB กราฟ ¹³C มี การเคลื่อนไปทางขวาแยกออกจากกราฟ ¹²C อย่างชัดเจนเมื่อการบ่มผ่านไป 7 วัน วิเคราะห์ได้ว่า AOB ในระบบบำบัด P6 มีการทำงานแบบออโตโทรปโดยใช้ไบคาร์บอเนตเป็นแหล่งคาร์บอนและใช้ แอมโมเนียเป็นแหล่งพลังงาน



ภาพที่ 5.11 DNA-SIP ระบบบำบัด P6 (รอบ 2) ที่ความเข้มข้นแอมโมเนีย 7 mgNH₄⁺-N/L ก่อน ปล่อยตะกอนจุลินทรีย์ออกไปกับน้ำทิ้งที่ 28 วัน



buoyant density (grint)

ภาพที่ 5.12 DNA-SIP ระบบบำบัด P6 (รอบ 2) ที่ความเข้มข้นแอมโมเนีย 7 mgNH₄⁺-N/Lหลังปล่อย ตะกอนจุลินทรีย์ออกไปกับน้ำทิ้งที่ 42 และ 56 วัน

หากพิจารณากราฟ AOA เมื่อระยะเวลาการบุ่มผ่านไป 28 วัน พบว่ากราฟ ¹³C ไม่มีการแยก ออกจากกราฟ ¹²C อย่างชัดเจนและเมื่อทำการเก็บตะกอนจุลินทรีย์ตัวอย่างรอบสอง โดยมีระยะเวลา ้ห่างจากรอบแรก 3 เดือน เพื่อทำการบ่มตะกอนจุลินทรีย์ที่ความเข้มข้นแอมโมเนียในน้ำเสียขาเข้า 7 mุNH₄⁺-N/L พบว่าเมื่อบ่มตะกอนจุลินทรีย์ที่ 28 วัน ผล DNA-SIP ของ AOA ยังคงเหมือนกับการ บ่มตะกอนจุลินทรีย์รอบแรก ซึ่งพื้นที่ใต้กราฟของกราฟ ¹³C บางส่วนยังคงซ้อนทับกับกราฟ ¹²C ซึ่ง บริเวณกราฟ ¹³C ส่วนที่ซ้อนทับอาจเป็นดีเอ็นเอที่เกิดจากคาร์บอนไอโซโทป ¹²C ทำให้คาดการณ์ว่า สาเหตุน่าจากการบ่ม เพราะการทดลองที่ผ่านมามีเพียงการปั่นกวนด้วย Magnetic stirrer เพียง เพื่อให้ความเข้มข้นแอมโมเนียในถังปฏิกรณ์เท่ากันทั้งถังแต่ไม่มีการฟุ้งกระจายของตะกอนจุลินทรีย์ อีกทั้งตะกอนจุลินทรีย์เริ่มต้นสำหรับการบ่มมีปริมาณน้อยและต้องมีการเก็บตัวอย่างทุกสัปดาห์ ดังนั้นจึงไม่มีการปล่อยตะกอนจุลินทรีย์ออกไปกับน้ำทิ้ง ทำให้เซลล์เก่ายังคงอยู่ในถังปฏิกรณ์ จึงเกิด ้สมมติฐานว่าการปล่อยตะกอนจุลินทรีย์ออกไปกับน้ำทิ้งโดยให้เกิดการปั่นกวนอย่างสมบูรณ์ (ตะกอน ้มีการฟุ้งกระจายทั่วถังปฏิกรณ์) จะทำให้เซลล์เก่าถูกระบายออกไปเพื่อเพิ่มอัตราส่วนเซลล์ใหม่ให้มาก ู้ขึ้นและเห็นผลการเคลื่อนที่ของกราฟ DNA-SIP ของ AOA ที่ชัดเจนขึ้น ดังนั้นจึงเริ่มทำการตะกอน ้จุลินทรีย์ออกไปกับน้ำทิ้งหลังการบ่มผ่านไป 28 วัน เพื่อระบายเซลล์เก่าที่ประกอบด้วยไอโซโทป ¹²C ออกไปจากถังปฏิกรณ์เพื่อพิสูจน์สาเหตุของการซ้อนทับของกราฟระหว่าง ¹²C และ ¹³C ดังกล่าว การ ้ปล่อยตะกอนจุลินทรีย์ออกไปกับน้ำทิ้งทำโดยการปั่นกวนด้วย Magnetic stirrer โดยมีการฟุ้ง กระจายของตะกอนจุลินทรีย์ทั่วถั่งปฏิกรณ์โดยระยะเวลาการปั่นกวนต่อวันโดยประมาณคือ 8 ชั่วโมง ต่อวันซึ่งยังคงเป็นข้อจำกัดที่ต้องปรับแก้ต่อไปในอนาคตเนื่องจากไม่สามารถเปิด Stirrer ไว้ได้ ตลอดเวลา ผลหลังการปล่อยตะกอนจุลินทรีย์ออกไปกับน้ำทิ้ง พบว่า AOA ที่ 42 วัน (ภาพที่ 5.12) กราฟ ¹³C มีการเคลื่อนที่ไปทางขวามากขึ้นและเกิดการแยกพีคที่ชัดเจนออกจากกราฟ ¹²C ขณะที่ AOB กราฟยังคงลักษณะเดิมเช่นเดียวกับการบ่มที่ 28 วันแรก เมื่อบ่มตะกอนจุลินทรีย์และปล่อย ตะกอนจุลินทรีย์ออกไปกับน้ำทิ้งที่ 56 วัน พบว่ากราฟ DNA-SIP ของ AOA เกิดพีครบกวนเนื่องจาก ระยะเวลาการบ่มที่นานและต้องมีการปล่อยตะกอนจุลินทรีย์ออกตลอดเวลาทำให้ตะกอนจุลินทรีย์ใน ้ถังปฏิกรณ์เหลืออยู่น้อยมากและเมื่อทำการเก็บตัวอย่างสำหรับสกัดเพื่อทำ DNA-SIP ทำให้ปริมาณ DNA ไม่มากพอที่จะทำให้เห็นผล DNA-SIP ได้อย่างชัดเจน แต่เมื่อเปรียบเทียบกับผล DNA-SIP ของ AOA ที่ 42 วันพบว่าการแยกพีคระหว่างกราฟ ¹³C และ ¹²C มีลักษณะใกล้เคียงกัน จากผล DNA-SIP ที่ความเข้มข้นแอมโมเนียในน้ำเสียขาเข้า 7 mgNH4⁺-N/L ทั้ง 2 รอบ ยืนยันได้ว่า AOA และ AOB ในระบบบำบัดน้ำเสีย P6 มีการทำงานแบบออโตโทรปและมีความสามารถในการกำจัด แอมโมเนียในระบบบำบัดน้ำเสีย ณ ความเข้มข้นแอมโมเนียที่ทำการทดลอง (7 mgNH4⁺-N/L) โดย ใช้ไบคาร์บอเนตเป็นแหล่งคาร์บอน และผลการทดลองยังยืนยันได้ว่าการสะสมไบคาร์บอเนตคาร์บอน ไอโซโทป ¹³C ของ AOA ไม่ได้เกิดจาก Cross feeding เนื่องจากการเกิด Cross feeding เป็นการที่ เซลล์ตั้งต้นกินเซลล์ตาย โดยเซลล์ที่ตายต้องเกิดจากการแบ่งตัวของเซลล์ตั้งต้นที่มีการสะสมไบ คาร์บอเนตคาร์บอนไอโซโทป ¹³C เข้าสู่เซลล์ก่อน โดยระยะเวลาดังกล่าวต้องใช้เวลาอย่างต่ำประมาณ 14 วัน ซึ่งจากการบ่มรอบที่ 1 ที่ความเข้มข้นแอมโมเนียในน้ำเสียขาเข้า 7 mgNH4⁺-N/L กราฟ ¹³C มีการเคลื่อนที่ไปทางขวาตั้งแต่ 7 วัน ขณะที่ระยะเวลาการแบ่งตัวของ AOA ใช้เวลาประมาณ 3-4 วัน (Limpiyakorn และคณะ, 2013) ซึ่งระยะเวลาใกล้เคียงกัน

จากผล DNA-SIP ของระบบบำบัด P6 เบื้องต้นที่อภิปรายไป เนื่องจากผล DNA-SIP ใน 28 วันแรก ของ AOA ไม่ชัดเจนจึงได้นำตัวอย่างตะกอนจุลินทรีย์จากระบบบำบัดที่ใช้ทำการบ่มรอบที่ 1 และรอบที่ 2 ไปสกัดดีเอ็นและถอดรหัสพันธุกรรมของ AOA โดยเริ่มจาก เพิ่มปริมาณดีเอ็นเอด้วย เทคนิค PCR-cloning โดยใช้ไพร์เมอร์จำเพาะต่อยีน *amoA* ของ AOA (Pester และคณะ, 2012) จากนั้นทำการถอดรหัสพันธุกรรมด้วยเทคนิค DNA-Sequencing และนำรหัสพันธุกรรมทั้งหมดที่ได้ ไปวิเคราะห์ด้วยโปรแกรม ARB เพื่อสร้างต้นไม้วิวัฒนาการ (Phylogenetic tree) โดยใช้ฐานข้อมูล สำหรับการวิเคราะห์จาก Pester และคณะ (2012) ผลจากการถอดรหัสพันธุกรรม (DNAsequencing) พบว่า AOA จากระบบบำบัด P6 ทั้ง 2 รอบ มีความน่าสนใจที่จะนำมาศึกษาการ ทำงานของ AOA ในแบบเชิงลึก เพราะ AOA ถูกจัดอยู่ในกลุ่ม *Nitrososphaera* cluster (ชี้ด้วย ลูกศรในภาพที่ 5.13) โดย cluster นี้ถูกแบ่งย่อยออกเป็น 11 Subcluster ซึ่งเมื่อขยายต้นไม้ วิวัฒนาการลงในระดับ Subcluster พบว่า AOA ในระบบบำบัด P6 อยู่ระหว่าง Subcluster 1 และ 2 ซึ่ง AOA ในระบบบำบัด P6 มีความจำเพาะทางสายพันธุ์โดยอยู่ในกลุ่มเดียวกันทั้งหมด ดังแสดงใน ภาพที่ 5.14 และ 5.15 จากนั้นเพื่อตรวจสอบการเปลี่ยนกลุ่มของ AOA เมื่อผ่านการบ่มตะกอน จุลินทรีย์ในสภาวะจำกัดเป็นเวลานาน และยืนยันผลการถอดรหัสพันธุกรรมจากตะกอนจุลินทรีย์ตั้ง ต้นก่อนการบ่ม จึงนำตะกอนจุลินทรีย์ที่ผ่านการบ่มด้วยคาร์บอนไอโซโทป ¹³C ที่ 56 วัน ไปถอดรหัส พันธุกรรม พบว่า AOA ที่การบ่มตะกอนจุลินทรีย์ที่ 56 วัน ยังคงเป็นกลุ่มเดียวกับ AOA ในตะกอน จุลินทรีย์ตั้งต้นก่อนการบ่ม



ภาพที่ 5.13 ต้นไม้วิวัฒนาการของยืน AOA amoA ที่ได้จากตัวอย่างระบบบำบัด P6 ตัวเลขในวงเล็บแสดงจำนวนรหัสพันธุกรรมโดยลูกศรแสดงที่ตั้งตำแหน่งรหัสพันธุกรรม





ภาพที่ 5.14 ต้นไม้วิวัฒนาการ (Phylogenetic tree) ของยีน AOA amoA ที่ได้จากตัวอย่างระบบ บำบัด P6 (ขยายจากภาพที่ 5.13)

จากภาพที่ 5.14 ตัวเลขในวงเล็บแสดงจำนวนรหัสพันธุกรรม (Sequence) โดยลูกศรแสดง ที่ตั้งตำแหน่งรหัสพันธุกรรมที่ได้จากตัวอย่างระบบบำบัด P6



ภาพที่ 5.15 ต้นไม้วิวัฒนาการ (Phylogenetic tree) ของยีน AOA amoA ที่ได้จากตัวอย่างระบบ บำบัด P6 (ขยายจากภาพที่ 5.14)

ตัวเลขในวงเล็บแสดงจำนวนรหัสพันธุกรรม (Sequence) โดยรหัสพันธุกรรมที่ได้จากตะกอน จุลินทรีย์ในระบบบำบัด P6 รอบที่ 1 แสดงด้วยตัวอักษร AOA-DD-R1-0 จากตะกอนจุลินทรีย์ใน ระบบบำบัด P6 รอบที่ 2 แสดงด้วยตัวอักษร AOA-DD-R2-0 และตะกอนจุลินทรีย์จากการบ่มที่ 56 วัน ของ ¹³C แสดงด้วยตัวอักษร AOA-DD-R2-8

### 5.3.4 การออกแบบไพร์เมอร์จำเพาะต่อกลุ่มประชากร AOA ในระบบบำบัด P6

ผลการถอดรหัสพันธุกรรม AOA ในระบบบำบัด P6 พบว่าในระบบบำบัดดังกล่าวมี AOA เพียงกลุ่มเดียวเท่านั้น ดังนั้นจึงทำการออกแบบไพร์เมอร์จำเพาะกับตำแหน่งยืน amoA ของ AOA ใน ระบบ P6 ด้วยโปรแกรม ARB ซึ่งไพร์เมอร์ที่ได้ ประกอบด้วยลำดับเบส ดังนี้

- 1. Forward 5' TACTGGGCKACCAGAAGA 3'
- 2. Reverse 5' TAACGCAACGGGACTGTT 3'

ไพร์เมอร์ที่ออกแบบจถูกตรวจสอบประสิทธิภาพเบื้องต้นโดยใช้นับจำนวนยืน amoA ของ AOA กลุ่ม ดังกล่าวด้วย Real-time PCR ซึ่งพบว่า ไพร์เมอร์ดังกล่าวสามารถตรวจนับจำนวนได้ทั้งในระบบ P2 และ P3 แต่ไม่สามารถรายงานเป็นจำนวนที่แน่นอนได้เนื่องจากไพร์เมอร์ที่ออกแบบไม่จำเพาะกับ สแตนดาร์ดที่ใช้สำหรับการนับจำนวน ทำให้ไม่สามารถสร้างกราฟมาตรฐานได้เพราะฉะนั้นจึง แสดงผลจากการรัน Agarose gel ซึ่งพบว่ามีเพียงแบนเดียวที่ตำแหน่งประมาณ 230 คู่เบส แสดงว่า ไพร์เมอร์ที่ใช้และสภาวะสำหรับการทำ Real-time PCR มีความจำเพาะต่อกลุ่มจุลินทรีย์เป็นอย่างดี นอกจากนี้ได้มีการตรวจสอบไพรเมอร์ที่ออกแบบเพิ่มเติมโดยแบ่งออกเป็น 2 ส่วน คือ

1. ทำ DNA-sequencing ในระบบบำบัดน้ำเสีย P2 และ P6

ผลการทำ DNA-sequencing โดยใช้ไพร์เมอร์ที่ออกแบบทำการเพิ่มจำนวนยืน amoA ของ AOA โดยเทคนิคพีซีอาร์ จากนั้นทำการโคลนนิ่งและเก็บโคโลนีตัวอย่างละ 20 โคโลนีเพื่อทำพีซีอาร์ อีกครั้งและถอดรหัสพันธุกรรมด้วย DNA-sequencing ผลการทดลองทุกโคโลนีของ AOA ในระบบ P2 และ P6 ที่ถูกเพิ่มจำนวนจากไพร์เมอร์ที่ออกแบบ มีรหัสพันธุกรรมถูกจัดในกลุ่มเดียวกันหมด แสดงว่าไพร์เมอร์ดังกล่าวมีความจำเพาะที่ดีต่อยีน amoA ของ AOA กลุ่มนี้ ผลแสดงดังภาพที่ 5.16



ภาพที่ 5.16 ต้นไม้วิวัฒนาการ (Phylogenetic tree) ของยีน AOA amoA จากตัวอย่างระบบบำบัด P2 และ P3 โดยใช้ไพรเมอร์ที่ออกแบบ



ภาพที่ 5.17 ต้นไม้วิวัฒนาการ (Phylogenetic tree) ของยีน AOA amoA จากตัวอย่างระบบบำบัด P2 และ P3 โดยใช้ไพรเมอร์ที่ออกแบบ (ขยายจากภาพที่ 5.16)

132	Nitrososphaera subcluster 1 (132)
	AQA-DD-R1-0-15, Pornkulwat
	Nitrososphaera subcluster 1 (132) AOA-DD-R2-b1, Portkuwa JD-14 DindangF, Portkuwa JD-14 DindangF, Portkuwa AOA-DD-R2-b1, Portkuwa AOA-DD-R2-b2, Portkuwa AOA-DD-R2-b2, Portkuwa AOA-DD-R2-b3, P
	<ul> <li>AOA-DD-R1-0-2, Pernkulwat</li> <li>CH-30 DindangF, Pernkulwat</li> <li>CH-31 DindangF, Pernkulwat</li> <li>S7-7-3 Arch-ameAF, Giao</li> <li>DD-5 DindangF, Pernkulwat</li> <li>CH-34 DindangF, Pernkulwat</li> <li>CH-34 DindangF, Pernkulwat</li> <li>CH-34 DindangF, Pernkulwat</li> <li>CH-35 DindangF, Pernkulwat</li> <li>CH-36 DindangF, Pernkulwat</li> <li>CH-37 DindangF, Pernkulwat</li> <li>CH-38 DindangF, Pernkulwat</li> <li>CH-39 DindangF, Pernkulwat</li> <li>CH-30 DindangF, Pernkulwat</li> </ul>
100	

ภาพที่ 5.18 ต้นไม้วิวัฒนาการ (Phylogenetic tree) ของยีน AOA amoA จากตัวอย่างระบบบำบัด P2 และ P3 โดยใช้ไพรเมอร์ที่ออกแบบ (ขยายจากภาพที่ 5.17) ภาพที่ 5.18 ขยายจากภาพที่ 5.17 โดยตัวเลขในวงเล็บแสดงจำนวนรหัสพันธุกรรม ขณะที่ รหัสพันธุกรรมที่ได้แสดงด้วยตัวอักษร DindangF และรหัสพันธุกรรมเดิมที่ได้จากการใช้ไพรเมอร์ของ Pester และคณะ (2012) กับตัวอย่างในระบบำบัด P6 แสดงด้วยตัวอักษร AOA-DD

 ทำ Real-time PCR กับ DNA-SIP ระบบบำบัด P6 (รอบ 2) ที่ความเข้มข้น แอมโมเนีย 7 mgNH4⁺-N/L ที่ระยะการบ่ม 7 วัน ด้วยไพร์เมอร์ที่ออกแบบ

สภาวะที่เหมาะสมในการทำ Real-time PCR สำหรับไพร์เมอร์ที่ออกแบบ ใช้สภาวะเดียวกับ ไพร์เมอร์ที่ใช้นับจำนวนยีน amoA ของ AOA ไพร์เมอร์ดังกล่าวจะถูกใช้นับจำนวนยีน amoA ของ กลุ่ม AOA ที่พบในระบบ P6 ซึ่งพบเพียงกลุ่มเดียวเท่านั้น โดยผล DNA-SIP แสดงดังภาพที่ 5.19 ซึ่ง พบว่ากราฟที่ได้จากการนับจำนวนด้วยไพร์เมอร์ที่ออกแบบ มีลักษณะเช่นเดียวกับกราฟที่เกิดจากการ ใช้ไพร์เมอร์ที่สำหรับนับจำนวนยีน amoA ของ AOA (Pester และคณะ 2012) แสดงว่าไพร์เมอร์ที่ อออกแบบมีความจำเพาะต่อกลุ่ม AOA ที่พบในระบบ P6 เท่านั้น อย่างไรก็ตามเนื่องจากกลุ่ม AOA ที่พบในระบบ P6 อาจพบในระบบบำบัดอื่นได้เช่นกัน ดังนั้นจึงทดสอบโดยใช้ไพร์เมอร์ดังกล่าวกับ DNA-SIP ของระบบ P3 เพิ่มเติม ซึ่งจากภาพที่ 5.20 พบว่าลักษณะกราฟ DNA-SIP ของ ¹³C และ ¹²C ทางขวามีลักษณะพีคที่ชัดเจนกว่ากราฟเดิมซึ่งแสดงทางาย ถึงแม้ว่าจะไม่มีการเคลื่อนที่ของกราฟ ไปทางขวาเช่นกัน ซึ่งผลการทดลองดังกล่าววิเคราะห์ได้ว่า กลุ่ม AOA ที่ตรวจสอบจากการบ่มตะกอน จุลินทรีย์ในระบบ P3 กลับพบว่ามีการทำงานแบบออโตโทรปนั้น เมื่อทำตรวจตรวจสอบกลุ่ม AOA เดียวกันในระบบ P3 กลับพบว่ามีมารทำงานแบบออโตโทรปนั้น เมื่อทำตรวจตรวจสอบกลุ่ม AOA เดียวกันในระบบ P3 กลับพบว่ามีมารกรางานเบบออโตโกรปนั้น เมื่อกำตรวจสอบจากการบมตะกอน จุงิกก่าวสรุปได้ว่า สภาวะการบมของตะกอนจุลินทรีย์จากระบบ P3 อาจไม่เหมาะสมต่อจุลินทรีย์ (อธิบายในข้อ 5.3.2) ซึ่งจำเป็นต้องมีการศึกษาต่อไปในอนาคต



ภาพที่ 5.19 DNA-SIP ระบบบำบัด P6 (รอบ 2) ที่ความเข้มข้นแอมโมเนีย 7 mgNH4⁺-N/L ที่ระยะ การบ่ม 7 วัน โดยใช้ไพร์เมอร์ที่ออกแบบ



ภาพที่ 5.20 DNA-SIP ระบบบำบัด P3 (รอบ 1) ที่ความเข้มข้นแอมโมเนีย 7 mgNH₄+-N/L ที่ระยะ การบ่ม 7 วัน โดยใช้ไพร์เมอร์ที่ออกแบบ

## 5.3.5 ค่าพารามิเตอร์ของระบบบำบัด P2, P3 และ P6 ต่อผล DNA-SIP

ประเภทระบบบำบัดทั้ง 3 ระบบที่เลือกมาศึกษาการทำงานแบบออโตโทรปของกลุ่มจุลินทรีย์ AOA และ AOB ขณะออกซิไดซ์แอมโมเนีย ในเบื้องต้นทั้ง 3 ระบบถูกออกแบบเพื่อเพิ่มประสิทธิภาพ การกำจัดธาตุอาหารในโตรเจนและฟอสฟอรัสในน้ำ ซึ่งบางช่วงของการบำบัดจะมีค่าการละลาย ้ออกซิเจนที่ต่ำ (0-1 มิลลิกรัมต่อลิตร) ประกอบกับค่าความเข้มข้นแอมโมเนียในระบบบำบัดมีค่าต่ำ ใกล้เคียงกับน้ำเสียขาออก (1.11-1.51 mgNH₄⁺-N/L) ซึ่งสนับสนุนต่อการเจริญเติบโตทั้ง AOA และ AOB ดังนั้นอาจเป็นปัจจัยสำคัญที่ทำให้พบ AOA จำนวนมากในระบบบำบัดน้ำเสียในประเทศไทย และเมื่อพิจารณาผล DNA-SIP ของระบบบำบัด P2 และ P6 พบว่า AOA และ AOB มีการทำงาน แบบออโตโทรปขณะออกซิไดซ์แอมโมเนียในระบบบำบัดน้ำเสีย ซึ่งสอดคล้องกับสัดส่วนการกำจัด แอมโมเนียโดยกลุ่มจุลินทรีย์ออโตโทรปที่คำนวณได้ในแต่ละระบบ (P2 = 82.83% และ P3 = 85.55%) ขณะที่ระบบบำบัด P3 พบเพียง AOB เท่านั้นที่มีการทำงานแบบออโตโทรป แต่ AOA ไม่มี การทำงานในรูปแบบดังกล่าว แต่มิได้หมายความว่า AOA ในระบบบำบัด P3 จะไม่สามารถทำงาน แบบออโตโทรปได้ เพราะหากดูสัดส่วนการกำจัดแอมโมเนียในระบบบำบัดน้ำเสียโดยจุลินทรีย์กลุ่มออ โตโทรปพบว่า ระบบบำบัด P3 มีสัดส่วนการกำจัดแอมโมเนียอยู่ที่ 43.43% โดยสัดส่วนดังกล่าวอาจ เป็นการทำงานของกลุ่มจุลินทรีย์ AOB เพียงอย่างเดียวหรืออาจเป็นการทำงานร่วมกันกับจุลินทรีย์ กลุ่ม AOA ด้วย ดังนั้นกิจกรรมของ AOA ในระบบบำบัดน้ำเสีย ขณะออกซิไดซ์แอมโมเนียยังไม่ สามารถระบุได้ว่าเป็นแบบใด โดยอาจเกิดจากสภาวะการบ่มที่ไม่เหมาะและค่อนข้างแตกต่างจาก ระบบบำบัดจริง อีกทั้งอัตราการเจริญเติบโตของ AOA ค่อนข้างช้ากว่า AOB จึงทำให้ AOA อาจต้อง ใช้เวลานานในการเจริญเติบโตจึงจะแสดงผล DNA-SIP ได้อย่างชัดเจนดังเช่นระบบบำบัด P2 และ P6 สำหรับค่าพารามิเตอร์อื่นในระบบบำบัด เช่น ประเภทระบบบำบัด ค่าบีโอดี หรือค่าความเข้มข้น แอมโมเนีย เป็นต้น ยังไม่สามารถวิเคราะห์ความสัมพันธ์ระหว่างระบบบำบัดแต่ละประเภทกับการ ทำงานแบบออโตโทรปของจุลินทรีย์กลุ่ม AOA และ AOB ในขณะออกซิไดซ์แอมโมเนียได้ โดยอาจ ต้องการศึกษาระบบบำบัดประเภทเดียวกันแต่พื้นที่การเก็บตัวอย่างต่างกันเพื่อพิสูจน์การทำงานที่ แท้จริงและหาปัจจัยอื่นที่มีผลต่อการทำงานของจุลินทรีย์กลุ่มดังกล่าว

## 5.4 การทดลองที่ 4 การศึกษาการทำงานของกลุ่มประชากร AOA และ AOB ในระบบบำบัดน้ำ เสีย P6 ภายใต้ปัจจัยต่างกันโดยเทคนิค DNA –SIP

ผลจากการถอดรหัสพันธุกรรมของระบบบำบัด P6 ในการทดลองที่ 3 พบว่า AOA ในระบบ บำบัดดังกล่าว มีเพียงกลุ่มเดียวซึ่งอยู่ระหว่าง *Nitrososphaera* subcluster 1 และ 2 จาก ความจำเพาะของกลุ่มจุลินทรีย์ AOA ที่พบในระบบบำบัด P6 จึงสนใจที่จะศึกษาปัจจัยอื่น เช่น ความ เข้มข้นแอมโมเนียหรือการปล่อยตะกอนจุลินทรีย์ออกไปกับน้ำทิ้ง ที่อาจมีผลต่อกลุ่มจุลินทรีย์ AOA รวมทั้ง AOB ในระบบบำบัด และการแสดงผล DNA-SIP ที่ชัดเจนยิ่งขึ้น

จากตารางที่ 4.8 ผล DNA-SIP ทั้ง 4 ชุดการทดลองแสดงดังนี้

5.4.1 ชุดการทดลอง 1 : DNA-SIP ระบบบำบัด P6 ที่ความเข้มข้นแอมโมเนีย 7 mgNH4⁺-N/L

ผลการทำ DNA-SIP จากการบ่มตะกอนจุลินทรีย์จากระบบบำบัด P6 ในรอบที่ 3 เพื่อใช้เป็น ชุดการทดลองควบคุมของการศึกษากิจกรรมของ AOA และ AOB ภายใต้ปัจจัยที่แตกต่างกัน (ภาพที่ 5.21) แสดงให้เห็นว่ากราฟ ¹³C ของ AOA และ AOB มีการเคลื่อนที่ไปทางขวาเช่นเดียวกับการบ่ม ตะกอนจุลินทรีย์รอบที่ 1 และ 2 ซึ่งยืนยันได้ว่า AOA และ AOB สามารถสะสมไบคาร์บอเนตเข้าสู่ เซลล์ได้และมีการทำงานแบบออโตโทรป

**Chulalongkorn University** 



ภาพที่ 5.21 DNA-SIP ระบบบำบัด P6 (รอบที่ 3) ที่ความเข้มข้นแอมโมเนีย 7 mgNH4⁺-N/L

5.4.2 ชุดการทดลอง 2 : DNA-SIP ระบบบำบัด P6 ที่ความเข้มข้นแอมโมเนีย 7 mgNH₄⁺-N/L (มี การปล่อยตะกอนจุลินทรีย์ออกไปกับน้ำทิ้ง)

การปล่อยตะกอนจุลินทรีย์ออกไปกับน้ำทิ้ง คือ การระบายเซลล์เก่าออกไปเพื่อให้ในถัง ปฏิกรณ์มีแต่สัดส่วนเซลล์ใหม่ที่เกิดจากการสะสมไบคาร์บอเนตเข้าสู่เซลล์ สำหรับการบ่มในถัง ปฏิกรณ์กวนแบบต่อเนื่องมีระยะเวลาการกักเก็บน้ำ (HRT) 5 วัน ส่วนระยะเวลาการกักเก็บตะกอน (SRT) ไม่สามารถระบุได้เนื่องจากการกวนในถังปฏิกรณ์ที่เป็นระบบปิดนั้นต้องใช้เครื่องกวน สารละลายด้วยแม่เหล็ก (Magnetic stirrer) ในการปั่นกวนอย่างสมบูรณ์ในถัง จึงทำให้ในระยะเวลา 1 วันไม่สามารถเปิดเครื่องได้ตลอด 24 ชั่วโมง เนื่องจากต้องพักเครื่อง ซึ่งปัจจัยนี้ยังคนเป็นข้อจำกัด ข้อหนึ่งในการศึกษาปัจจัยของการการปล่อยตะกอนจุลินทรีย์ออกไปกับน้ำทิ้งต่อกิจกรรมของ AOA และ AOB ในระบบบำบัด P6 สำหรับสมมติฐานของผล DNA-SIP ที่คาดการณ์ คือ กราฟ ¹³C จะมี การเคลื่อนที่ของกราฟไปทางขวามากขึ้นและพีคแยกออกจากกราฟ ¹²C อย่างชัดเจน

ภาพที่ 5.22 ผล DNA-SIP จากการปล่อยตะกอนจุลินทรีย์ออกไปกับน้ำทิ้งพบว่าเมื่อการบ่ม ตะกอนจุลินทรีย์ผ่านไป 7 วัน AOA มีการเคลื่อนที่ของกราฟ ¹³C ไปทางขวาเพียงเล็กน้อยซึ่งยังไม่ สามารถระบุได้ว่ามีการสะสมไบคาร์บอเนตเข้าสู่เซลล์หรือไม่ แต่เมื่อผ่านไป 28 วัน พบว่ากราฟ ¹³C เคลื่อนที่ไปทางขวามากขึ้น แต่ยอดพีคของ ¹³C ยังคงซ้อนทับกับ ¹²C เช่นเดิมซึ่งผลการทดลองมี ลักษณะเหมือนกับการบ่มตะกอนจุลินทรีย์แบบไม่มีการปล่อยตะกอนจุลินทรีย์ออกไปกับน้ำทิ้งขณะที่ AOB เมื่อการบ่มตะกอนจุลินทรีย์ผ่านไป 7 วันพบว่ามีการเคลื่อนที่ของกราฟ ¹³C ไปทางขวาโดยเมื่อ เปรียบเทียบ Buoyant density ของยอดพีค ¹³C และ ¹²C พบว่ายอดพีคแยกออกจากกันโดยมี ค่าประมาณ 0.01 g/mL เมื่อพิจารณาการบ่มที่ 28 วัน พบว่า AOB มียอดพีค ¹³C แยกออกจาก ¹²C มากขึ้น โดยมีค่า Buoyant density ห่างกันประมาณ 0.03 g/mL แสดงว่า AOB ที่ยังคงอยู่ในถัง ปฏิกรณ์ส่วนใหญ่เป็นเซลล์ใหม่ที่เกิดจากการสะสมไบคาร์บอเนตเข้าสู่เซลล์ สำหรับ AOA ส่วนของ กราฟ ¹²C ที่ยังคงซ้อนทับกับ ¹³C อาจเป็นเซลล์เก่าจากตะกอนจุลินทรีย์ตั้งต้นในการบ่มเนื่องจาก ข้อจำกัดของการปั่นกวนอย่างสมบูรณ์ในถัง หรืออีกกรณีหนึ่ง AOA สายพันธุ์ที่พบในระบบบำบัด P6 อาจไม่ได้มีการทำงานแบบออโตโทรป ซึ่งอาจมีการทำงานแบบมิกโซโทรปที่สามารถใช้แหล่งคาร์บอน ได้จากทั้งคาร์บอนไดออกไซด์และสารอินทรีย์ที่อาจมากจากเซลล์เก่าในถังปฏิกรณ์ (Mußmann และ คณะ, 2011)

> จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย Chulalongkorn University



Buoyant density (g/mL)

ภาพที่ 5.22 DNA-SIP ระบบบำบัด P6 (รอบที่ 3) ที่ความเข้มข้นแอมโมเนีย 7 mgNH4⁺-N/L (มีการปล่อยตะกอนจุลินทรีย์ออกไปกับน้ำทิ้ง)

5.4.3 ชุดการทดลอง 3 : DNA-SIP ระบบบำบัด P6 ที่ความเข้มข้นแอมโมเนีย 70 mgNH₄⁺-N/L (มี การปล่อยตะกอนจุลินทรีย์ออกไปกับน้ำทิ้ง)

ปัจจัยด้านความเข้มข้นแอมโมเนียต่อการทำงานของกลุ่มจุลินทรีย์ AOA และ AOB จัดว่า เป็นปัจจัยหนึ่งที่มีผลต่อการทำงานระหว่าง AOA และ AOB ที่แตกต่างกัน โดย AOA จะทำงานได้ดีที่ ความเข้มข้นแอมโมเนียต่ำกว่า AOB โดยพิจารณาจากค่า Ks (ตารางที่ 4.2) ดังนั้นจึงทำการปรับความ เข้มข้นแอมโมเนียในน้ำเสียขาเข้าเข้มข้นขึ้น 10 เท่า เป็น 70 mgNH₄⁺-N/L ความเข้มข้นแอมโมเนีย เริ่มต้นในถังปฏิกรณ์คือ 5 mgNH₄⁺-N/L เพื่อให้ความเข้มข้นแอมโมเนียในถังปฏิกรณ์ขณะบ่มสูงขึ้น ซึ่งคาดการณ์ว่าความเข้มข้นแอมโมเนียในถังปฏิกรณ์จะทำให้กลุ่มจุลินทรีย์ AOB เท่านั้นที่สามารถ เจริญเติบโตได้ อย่างไรก็ตามเนื่องจากความเข้มข้นแอมโมเนียที่สูงและดำเนินการบ่มในระบบปิด ทำ ให้ต้องพิจารณาถึงปริมาณออกซิเจนในถังปฏิกรณ์ เพราะหากออกซิเจนไม่เพียงพอจะส่งผลต่อการ ้สะสมของไนไตรต์ ซึ่งมีความสามารถยับยั้งการทำงานของกลุ่มจุลินทรีย์แอมโมเนียออกซิไดซ์เซอร์ได้ ดังนั้นจึงต้องมีการเติมอากาศวันละ 2 รอบเพื่อลดการสะสมสารดังกล่าว และเมื่อพิจารณาผลความ เข้มข้น แอมโมเนียในถังปฏิกรณ์แต่ละชุด (H¹²CO₃- และ H¹³CO₃-) ประกอบกับผล DNA-SIP ในแต่ ้ละช่วงเวลาพบว่า เมื่อบ่มตะกอนจุลินทรีย์ได้ 7 วันช่วงความเข้มข้นแอมโมเนียในถังปฏิกรณ์ H¹²CO₃-และ H¹³CO₃ จากเริ่มต้นที่ 4.78 และ 5.06 męNH₄+-N/L ตามลำดับ พบว่าการสะสมแอมโมเนียใน ้ถังปฏิกรณ์มีแนวโน้มเพิ่มสูงขึ้นและมีค่าลดลงเมื่อเข้าสู่วันที่ 7 คือ H¹²CO₃⁻ (สูงสุด19.50 ต่ำสุด 0.32 mgNH4⁺-N/L) H¹³CO3⁻ (สูงสุด 19.51 ต่ำสุด 0.43 mgNH4⁺-N/L) และเมื่อเข้าสู่ช่วงการบ่มที่ 8 - 16 ้วัน แอมโมเนียมีค่าสะสมสูงขึ้นจนมีค่าสูงสุดในช่วงดังกล่าวที่ 18.34 mgNH₄⁺-N/L ( H¹²CO₃⁻) และ 22.27 mgNH₄⁺-N/L (H¹³CO₃⁻) หลังจากนั้นความเข้มข้นแอมโมเนียสะสมมีค่าลดลงอย่างต่อเนื่อง โดยความเข้มข้นแอมโมเนียสุดท้ายคือ 0.08 mgNH₄⁺-N/L ( H¹²CO₃⁻) และ 0.07 mgNH₄⁺-N/L (H¹³CO₃⁻) ดังแสดงในภาพที่ 5.23 โดยผลความเข้มข้นแอมโมเนียในถังปฏิกรณ์สอดคล้องกับผล DNA-SIP ดังนี้ การบ่มที่ 7 วันซึ่งมีความเข้มข้นแอมโมเนียสะสมในถังปฏิกรณ์สูงถึง 19.50-19.51 mgNH4+-N/L ซึ่งความเข้มข้นดังกล่าว เมื่อพิจารณาประกอบกับค่า Ks พบว่าเหมาะสมต่อการทำงานของ AOB ซึ่งผล DNA-SIP ของ AOA พบว่ากราฟ ¹³C ของ AOA ยังคงซ้อนทับกับกราฟ ¹²C วิเคราะห์ได้ว่า ณ ความเข้มข้นแอมโมเนียในช่วงดังกล่าวในระบบบำบัด P6 ไม่สนับสนุนการเจริญเติบโตของ AOA แต่ เมื่อพิจารณาผล DNA-SIP ของ AOA ที่ 14 วัน พบว่า AOA มีการเคลื่อนที่ของกราฟ ¹³C ไปทางขวา บางส่วน ซึ่งสอดคล้องกับผลการทดลองที่ความเข้มข้นแอมโมเนียในน้ำเสียขาเข้า 7 mgNH₄⁺-N/L เพราะช่วงระยะเวลาการบ่มที่ 8-16 วัน ความเข้มข้นแอมโมเนียในถังปฏิกรณ์ลดต่ำลงโดยมีค่า ใกล้เคียงกับค่าความเข้มข้นแอมโมเนียในถังของการทดลองชุดที่ 1 ซึ่งเป็นชุดควบคุม ขณะที่ AOB พบว่ามีมีการเคลื่อนที่ของกราฟ ¹³C โดยแยกพีคออกจากกราฟ ¹²C อย่างชัดเจน ดังนั้นความเข้มข้น แอมโมเนียจัดว่าเป็นปัจจัยที่มีผลต่อการทำงานของกลุ่มจุลินทรีย์ที่แตกต่างกัน โดยเฉพาะระหว่าง AOA และ AOB จากผลการทดลองนี้ทำให้การศึกษาการทำงานที่แตกต่างกันในระดับสายพันธุ์ของ กลุ่ม AOA ในระบบบำบัดน้ำเสียมีความน่าสนใจอย่างมากสำหรับงานในอนาคตที่จะนำปัจจัยความ เข้มข้นแอมโมเนียใช้แบ่งแยกการทำงานระหว่างสายพันธุ์ของ AOA ซึ่งอาจพบแตกต่างกันออกไปใน แต่ละระบบบำบัด



ภาพที่ 5.23 ความเข้มข้นแอมโมเนีย ไนไตรต์และไนทเตรต ในถังปฏิกรณ์สำหรับการบ่มตะกอน จุลินทรีย์ ความเข้มข้นแอมโมเนีย 70 mgNH4⁺-N/L



Buoyant density (g/mL)

ภาพที่ 5.24 DNA-SIP ระบบบำบัด P6 (รอบที่ 3) ที่ความเข้มข้นแอมโมเนีย 70 mgNH4⁺-N/L



### 5.4.4 ชุดการทดลอง 4 : DNA-SIP ระบบบำบัด P6 ในสภาวะไม่เติมแอมโมเนีย

#### Buoyant density (g/mL)

ภาพที่ 5.25 DNA-SIP ระบบบำบัด P6 (รอบที่ 3) แบบไม่เติมแอมโมเนีย การทดลองชุดที่ 4 เป็นการยืนยันการใช้แหล่งพลังงานจากแอมโมเนียของ AOA และ AOB ในระบบบำบัด P6 โดยการบ่มตะกอนจุลินทรีย์ในสภาวะไม่เติมแอมโมเนียและมีไบคาร์บอเนตเป็น แหล่งคาร์บอน ผล DNA-SIP (ภาพที่ 5.25) พบว่า เมื่อการบ่มผ่านไป 28 วัน ทั้ง AOA และ AOB ไม่มี การเคลื่อนที่ของกราฟ ¹³C แต่อย่างใด โดยกราฟยังคงซ้อนทับกับกราฟ ¹²C วิเคราะห์ได้ว่าทั้ง AOA และ AOB ไม่สามารถทำงานแบบออโตโทรปได้ในสภาวะที่ไม่มีแอมโมเนีย

# 5.5 การทดลองที่ 5 การศึกษาความเข้มข้นแอมโมเนียต่อการทำงานและจำนวนประชากร AOA และ AOB ในถังปฏิกรณ์กวนแบบต่อเนื่อง (Continuous stirred tank reactor, CSTR)



ภาพที่ 5.26 DNA-SIP ของตะกอนจุลินทรีย์จากระบบในตริฟายอิงแอคติเวตเต็ดสลัดจ์ ที่ความเข้มข้น แอมโมเนีย 7 mgNH4⁺-N/L

การทดลองที่ 5.3 และ 5.4 เป็นการตรวจสอบการทำงานของกลุ่มจุลินทรีย์ในระบบบำบัดน้ำ เสียจริง ซึ่งมีปัจจัยทางกายภาพที่และเคมีที่หลากหลายและอาจมีผลต่อการทำงานที่แตกต่างกัน

้ออกไปในแต่ละระบบ ดังนั้นการทดลองที่ 5 จึงเป็นการนำตะกอนจุลินทรีย์ที่มีการเดินระบบภายใต้ สภาวะที่สนับสนุนการทำงานของกลุ่มจุลินทรีย์แอมโมเนียออกซิไดเซอร์หรือเรียกว่าระบบในตริฟาย ้อิงแอคติเวตเต็ดสลัดจ์ (Nitrifying activated sludge, NAS) สำหรับตะกอนจุลินทรีย์ที่นำมาศึกษาใน การทดลองนี้ มาจากระบบบำบัดระดับห้องปฏิบัติการ (Lab scale) ซึ่งมีการเจริญเติบโตในน้ำเสีย ้สังเคราะห์ที่สนับสนุนการเจริญเติบโตของ AOA ที่ความเข้มข้นแอมโมเนียในน้ำเสียขาเข้า 28 mุeNH₄+-N/L โดยความเข้มข้นแอมโมเนียในถังคือ 0.13-0.11 mุeNH₄+-N/L สำหรับข้อมูลการเดิน ระบบแสดงดังตารางที่ 4.9 จากการตรวจสอบจำนวน AOA และ AOB ในระบบ NAS เบื้องต้นพบว่า กลุ่มประชากร AOB เป็นกลุ่มเด่นในระบบ ซึ่งพบจำนวนยืน amoA ของ AOB 1.68x10⁷ copies/mgMLSS ขณะที่ AOA พบเพียง 1.31x103 copies/mgMLSS จากลักษณะการเดินระบบที่ กล่าวมาคาดการณ์ได้ว่า AOA ที่พบในระบบน่าจะมีการทำงานแบบออโตโทรป เนื่องจากน้ำเสีย สังเคราะห์ที่ป้อนให้กับระบบประกอบไปด้วยสารอนินทรีย์ (Inorganic medium) และใช้ไบ คาร์บอเนตเป็นแหล่งคาร์บอน ผลจากการทำ DNA-SIP พบว่าเมื่อบ่มตะกอนจุลินทรีย์ผ่านไป 14 วัน AOA กราฟ ¹³C ของ AOA ยังคงซ้อนทับกราฟ ¹²C ขณะที่ AOB มีกราฟ ¹³C มีการเคลื่อนที่ไป ทางขวาเล็กน้อย และเมื่อบ่มผ่านไป 28 วัน ผล DNA-SIP ของทั้ง AOA และ AOB มีการเคลื่อนทีของ กราฟ ¹³C ไปทางขวาและยอดพีคของ ¹³C แยกออกจาก ¹²C อย่างชัดเจน ทั้งสองพีคของ ¹²C และ ¹³C ทั้ง AOA และ AOB มีช่วง buoyant density ห่างกัน 0.02 g/mL สำหรับ AOA และเมื่อบ่ม ตะกอนจุลินทรีย์จนถึงวันที่ 56 พบว่า AOA มีจำนวนเพิ่มมากขึ้น (13C= 5.82x104, 12C=2.95x104 copies/mgMLSS) ขณะที่ AOB มีจำนวนลดลง (¹³C= 2.47x10⁵ ¹²C=3.10x10⁵ copies/mgMLSS) เมื่อเปรียบกับจำนวนในระบบก่อนนำมาบ่ม ดังนั้น AOA ที่โตขึ้นจากการบ่มเมื่อผ่านไป 56 วันน่าจะ เป็น AOA ที่มีการทำงานแบบออโตโทรป ซึ่งตัวอย่างดังกล่าวได้ถูกนำไประบุสายพันธุ์ที่พบด้วยเทคนิค PCR-cloning และ DNA sequencing ซึ่งผลที่ได้แสดงดังภาพที่ 5.27 และ 5.28



ภาพที่ 5.27 ต้นไม้วิวัฒนาการ (Phylogenetic tree) ของยีน AOA amoA ที่ได้จากตัวอย่าง NAS ที่ 56 วันของ ¹³C ตัวเลขในวงเล็บแสดงจำนวนรหัสพันธุกรรม (Sequence) โดยลูกศรแสดงที่ตั้งตำแหน่งรหัส พันธุกรรม ซึ่งตัวอย่าง NAS ถูกจัดอยู่ในกลุ่ม *Nitrososphaera* sistercluster ซึ่งชี้ด้วยลูกศรในภาพ ที่ 5.27 ซึ่งเมื่อขยายออกมาจะแสดงถึงความใกล้เคียงของรหัสพันธุกรรมดังภาพที่ 5.28



ภาพที่ 5.28 ต้นไม้วิวัฒนาการ ของยีน AOA *amoA* ที่ได้จากตัวอย่าง NAS ที่56 วันของ ¹³C โดยขยายจากภาพที่ 5.27
โดยลูกศรแสดงที่ตั้งตำแหน่งรหัสพันธุกรรมที่ได้จากตัวอย่าง NAS แสดงด้วยตัวอักษร AOA-NAS2

จากผล DNA-SIP และการถอดรหัสพันธุกรรม AOA ของตะกอนจุลินทรีย์จากถังปฏิกรณ์ แบบ NAS ที่ผ่านการบ่มมาแล้วที่ 56 วัน พบว่าเป็น AOA กลุ่ม Nitrososphaera sistercluster ดังนั้น AOA ในกลุ่มดังกล่าวน่าจะมีการทำงานแบบออโตโทรป เพราะตะกอนจุลินทรีย์ที่นำมาทำการ บ่มเป็นตะกอนที่ถูกเลี้ยงในสภาวะการสนับสนุนการทำงานแบบออโตโทรปอยู่แล้ว อีกทั้ง AOA ระหว่างการบ่มจุลินทรีย์มีจำนวนเพิ่มขึ้นอย่างเห็นได้ชัด และในสภาวะการบ่มเป็นสภาวะที่สนับสนุน การเจริญเติบโตแบบออโตโทรปเท่านั้นอีกด้วย



จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย Chulalongkorn University

# บทที่ 6 สรุปผลการทดลองและข้อเสนอแนะ

การตรวจสอบระบบบำบัดน้ำเสียในประเทศไทยพบการเจริญเติบโตร่วมกันระหว่าง AOA และ AOB โดยในแต่ละระบบที่ทำการตรวจสอบจะพบจำนวน AOA เป็นกลุ่มหลัก ดังนั้นการพิสูจน์ การทำงานแบบออโตโทรปของกลุ่มจุลินทรีย์ AOA และ AOB ในระบบบำบัดน้ำเสียที่เลือกมา 3 ระบบ พบว่า AOA ในระบบบำบัด P2 และ P6 มีการทำงานแบบออโตโทรป (Autotroph) ขณะ ้ออกซิไดซ์แอมโมเนีย โดยใช้คาร์บอนไดออกไซด์เป็นแหล่งคาร์บอนและแอมโมเนียเป็นแหล่งพลังงาน ภายใต้สภาวะการบ่มที่แอมโมเนียในน้ำเสียสังเคราะห์ขาเข้า 7 mgNH4⁺-N/L โดย AOA ที่พบจัดอยู่ ในกลุ่มย่อย 1.1b ของไฟลัม Thaumachaoeta ซึ่งเป็นกลุ่มเดียวกับ AOA ที่พบในสิ่งแวดล้อมในดิน ซึ่งเมื่อถอดรหัสพันธุกรรมของระบบบำบัด P6 พบว่า AOA ในระบบดังกล่าวมีความจำเพาะอยู่ใน กลุ่มย่อย Nitrososphaeara cluster ของไฟลัม Thaumachaoeta เท่านั้น จึงทำการออกแบบไพร์ เมอร์ที่จำเพาะกับจุลินทรีย์กลุ่มดังกล่าว และนำไปใช้ถอดรหัสพันธุกรรมเทียบกับตัวอย่างอื่นและทำ DNA-SIP โดยสามารถยืนยันได้ว่า AOA ใน กลุ่มย่อย Nitrososphaeara cluster ที่พบในระบบ ้บำบัดน้ำเสียมีการทำงานแบบออโตโทรปขณะออกซิไดซ์แอมโมเนีย โดยใช้แอมโมเนียเป็นแหล่ง พลังงาน ขณะที่ระบบบำบัด P3 พบว่า AOA ไม่มีการทำงานแบบออโตโทรปภายใต้สภาวะการบ่มที่ แอมโมเนียในน้ำเสียสังเคราะห์ขาเข้า 7 mgNH₄+-N/L ดังนั้นในตัวอย่างในระบบนี้จำเป็นต้องหา สภาวะการบ่มที่เหมาะสมต่อไปในอนาคต ขณะที่ AOB พบว่าทุกระบบบำบัด P2, P3 และ P6 AOB มีการทำงานแบบออโตโทรปทั้งหมดขณะออกซิไดซ์แอมโมเนีย โดยใช้คาร์บอนไดออกไซด์เป็นแหล่ง คาร์บอนและแอมโมเนียเป็นแหล่งพลังงาน ปัจจัยหลักที่น่าจะมีความสัมพันธ์กับการทำงานของกลุ่ม จุลินทรีย์ AOA และ AOB ในระบบบำบัดคือความเข้มข้นแอมโมเนียซึ่งมีผลต่อการดำรงอยู่และการ เจริญเติบโตของจุลินทรีย์กลุ่ม AOA และ AOB ขณะที่ปริมาณแอมโมเนียในน้ำเสียขาเข้าน้อยแต่ค่า ปีโอดีมาก สัดส่วนดังกล่าวอาจมีผลต่อการย่อยแอมโมเนียระหว่างกลุ่มจุลินทรีย์ AOA และ AOB เพราะแอมโมเนียบางส่วนจะถูกกลุ่มจุลินทรีย์เฮทเทอโรโทรปใช้ โดยแอมโมเนียที่เหลือจะขึ้นอยู่กับ อัตราการเจริญเติบโตของ AOA และ AOB ที่อยู่ในระบบบำบัด

ผลของความเข้มข้นแอมโมเนียในน้ำเสียขาเข้าต่อการทำงานของกลุ่มจุลินทรีย์ AOA และ AOB พบว่า AOA มีการทำงานได้ดีที่ความเข้มข้นแอมโมเนียต่ำ (ต่ำกว่า 1 mgNH₄⁺-N/L) ขณะที่ AOB มีช่วงความเข้มข้นแอมโมเนียที่ทำงานได้กว้างกว่า AOA ( ต่ำกว่า 1 – มากกว่า 20 mgNH₄⁺-N/L) อย่างไรก็ตามไม่ได้หมายความ AOA ทุกสายพันธุ์จะทำงานได้ที่ความเข้มข้นแอมโมเนียต่ำ เท่านั้น แต่อาจมีบางสายพันธุ์ทำงานได้ที่ความเข้มข้นแอมโมเนียสูงได้เช่นกัน ดังนั้นการกำจัด แอมโมเนียในระบบบำบัดน้ำเสียชุมชนซึ่งมีความเข้มข้นแอมโมเนียต่ำจึงเป็นการทำงานร่วมกัน ระหว่าง AOA และ AOB แต่สำหรับกิจกรรมที่แท้จริงของ AOA ในระบบบำบัดน้ำเสียอื่น ๆ ซึ่งมีสาย พันธุ์ที่หลากหลาย ยังไม่สามารถสรุปได้อย่างชัดเจนว่า AOA ที่พบในระบบบำบัดน้ำเสียนั้นเป็นออโต โทรปหรือไม่ เนื่องจากยังไม่ได้มีการตรวจสอบการใช้สารอินทรีย์เป็นแหล่งคาร์บอนของ AOA ใน ระบบบำบัดน้ำเสีย ซึ่ง AOA ในระบบบำบัดอาจมีการทำงานแบบมิกโซโทรป (Mixotroph) ได้เช่นกัน ซึ่งต้องมีการศึกษาต่อไปในอนาคต

สำหรับ AOA และ AOB ในถังปฏิกรณ์ NAS ซึ่งถูกเลี้ยงภายใต้สภาวะสนับสนุนการทำงาน แบบออโตโทรปเท่านั้นเนื่องจากไม่มีการเติมสารอินทรีย์ให้แก่ถังปฏิกรณ์ตลอดระยะเวลา 3 ปี และผล DNA-SIP พบว่ากราฟของ AOA และ AOB มีการแยกพีคระหว่าง ¹³C และ ¹²C ที่สมบูรณ์ ดังนั้น AOA กลุ่ม *Nitrososphaera* sistercluster ที่พบในถังปฏิกรณ์ NAS จึงมีการทำงานแบบออโตโทรป แน่นอน

ดังนั้นงานวิจัยนี้เป็นงานแรกที่ตรวจสอบและพบว่า AOA ในระบบบำบัดน้ำเสียมีการทำงาน แบบออโตโทรปขณะออกซิไดซ์แอมโมเนีย โดยจากการทดลอง AOA สายพันธุ์ *Nitrososphaera* เป็นสายพันธุ์หนึ่งที่มีการทำงานในรูปแบบดังกล่าว นอกจากนี้ปัจจัยความเข้มข้นแอมโมเนียยังส่งผล ต่อการเจริญเติบโตระหว่างกลุ่มลินทรีย์ AOA และ AOB ที่แตกต่างกันออกไป

#### 6.1 ข้อเสนอแนะ

เนื่องจากกิจกรรมของ AOA ในระบบบำบัดน้ำเสียยังไม่สามารถระบุได้อย่างแน่ชัด หาก AOA สามารถใช้แหล่งคาร์บอนจากสารอินทรีย์ได้เช่นกัน รูปแบบการทำงานของ AOA จะกลายเป็นแบบ มิกโซโทรป ดังนั้นงานวิจัยในอนาคตจะต้องมีการศึกษาการใช้แหล่งคาร์บอนจากสารอินทรีย์ของกลุ่ม จุลินทรีย์ AOA ต่อไปเพื่อตรวจสอบการทำงานในรูปแบบดังกล่าว

ควรมีการศึกษาค่า Kinetic ของ AOA ในระบบบำบัดน้ำเสีย เนื่องจากในประเทศไทยการ ออกแบบระบบบำบัดน้ำเสียที่มีประสิทธิภาพการกำจัดไนโตรเจนด้วยนั้นใช้ค่า Kinetics ซึ่งคำนวณได้ จากกลุ่มจุลินทรีย์ AOB เท่านั้น แต่เนื่องจากปัจจุบันรระบบบำบัดหลายแห่งพบ AOA เป็นจำนวน มากและบางระบบพบเป็นกลุ่มเด่น อีกทั้งการศึกษาค่า Kinetic ของกลุ่ม AOA ในระบบบำบัดน้ำเสีย ยังไม่เคยมีมาก่อน ทำให้ในอนาคตการออกแบบระบบบำบัดอาจต้องมีการปรับค่า Kinetic ใน เหมาะสมต่อกลุ่มจุลินทรีย์ที่ทำงานจริงในระบบบำบัดน้ำเสียซึ่งจะช่วยเพิ่มประสิทธิภาพและลดต้นทุน การบำบัดได้

ผลการทดลองที่ได้สามารถนำไปประยุกต์ใช้กับระบบบำบัดแบบ Bioaugmentation ได้เป็น อย่างดี โดยเฉพาะกรณีระบบบำบัดมีปัญหาไม่สามารถย่อยแอมโมเนียได้ เช่น สภาวะมีสารพิษ ปนเปื้อนในน้ำทำให้กิจกรรมของกลุ่มจุลินทรีย์ที่ทำงานได้หยุดชะงักไป แต่หากทราบช่วงค่าความ เข้มข้นแอมโมเนียในระบบและทราบกลุ่มจุลินทรีย์ที่ทำงานได้ ณ ความเข้มข้นดังกล่าว จะทำให้ สามารถเลือกกลุ่มจุลินทรีย์ที่จะเติมเข้าสู่ระบบได้ทันทีเพื่อยังคงประสิทธิภาพการบำบัดของระบบ บำบัดน้ำเสียได้อย่างต่อเนื่อง

ดังนั้นหากมีการศึกษาช่วงของความเข้มข้นแอมโมเนียในระบบบำบัดน้ำเสียที่สามารถ แบ่งแยกการทำงานระหว่าง AOA และ AOB หรือแบ่งแยกในระดับสายพันธุ์ภายในกลุ่ม AOA และ AOB ด้วยกันได้ จะช่วยเพิ่มประสิทธิภาพการกำจัดแอมโมเนียในระบบบำบัดน้ำเสียและอาจช่วยลด ขนาดระบบบำบัดได้เป็นอย่างดี



จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย Chulalongkorn University

#### รายการอ้างอิง

- Bai, Y., Sun, Q., Wen, D. and Tang, X. (2012) Abundance of ammonia-oxidizing bacteria and archaea in industrial and domestic wastewater treatment systems. FEMS Microbiology Ecology 80(2), 323-330.
- Bartossek, R., Spang, A., Weidler, G., Lanzen, A. and Schleper, C. (2012) Metagenomic analysis of ammonia-oxidizing archaea affiliated with the soil group. Front Microbiol 3(JUN).
- Bower, C.E. and Holm-Hansen, T. (1980) A salicylate-hypochlorite method for determining ammonia in seawater. 37, 794-798.
- Brochier-Armanet, C., Boussau, B., Gribaldo, S. and Forterre, P. (2008) Mesophilic crenarchaeota: Proposal for a third archaeal phylum, the Thaumarchaeota. Nature Reviews Microbiology 6(3), 245-252.
- Buckley, D.H., Huangyutitham, V., Hsu, S.F. and Nelson, T.A. (2007) Stable isotope probing with 15N achieved by disentangling the effects of genome G+C content and isotope enrichment on DNA density. Appl Environ Microbiol 73(10), 3189-3195.
- Jin, T., Zhang, T. and Yan, Q. (2010) Characterization and quantification of ammoniaoxidizing archaea (AOA) and bacteria (AOB) in a nitrogen-removing reactor using T-RFLP and qPCR. Appl Microbiol Biotechnol 87(3), 1167-1176.
- Jung, M.Y., Park, S.J., Min, D., Kim, J.S., Rijpstra, W.I.C., Damsté, J.S.S., Kim, G.J., Madsen, E.L. and Rhee, S.K. (2011) Enrichment and characterization of an autotrophic ammonia-oxidizing archaeon of mesophilic crenarchaeal group I.1a from an agricultural soil. Appl Environ Microbiol 77(24), 8635-8647.
- Junier, P., Molina, V., Dorador, C., Hadas, O., Kim, O.S., Junier, T., Witzel, K.P. and Imhoff, J.F. (2010) Phylogenetic and functional marker genes to study ammoniaoxidizing microorganisms (AOM) in the environment. Appl Microbiol Biotechnol 85(3), 425-440.

- Kayee, P., Sonthiphand, P., Rongsayamanont, C. and Limpiyakorn, T. (2011) Archaeal amoA genes outnumber bacterial amoA genes in municipal wastewater treatment plants in Bangkok. Microb Ecol 62(4), 776-788.
- Könneke, M., Bernhard, A.E., de la Torre, J.R., Walker, C.B., Waterbury, J.B. and Stahl, D.A. (2005) Isolation of an autotrophic ammonia-oxidizing marine archaeon. Nature 437(7058), 543-546.
- Koops, H.P., Purkhold, U., Pommerening-Roser, A., Timmermann, G. and Wagner, M. (2003) Lithoautotrophic Ammonia-Oxidizing Bacteria, Springer-Verlag, Newyork.
- Kreuzer-Martin, H.W. (2007) Stable isotope probing: Linking functional activity to specific members of microbial communities. Soil Science Society of America Journal 71(2), 611-619.
- Limpiyakorn, T., Sonthiphand, P., Rongsayamanont, C. and Polprasert, C. (2011) Abundance of amoA genes of ammonia-oxidizing archaea and bacteria in activated sludge of full-scale wastewater treatment plants. Bioresour Technol 102(4), 3694-3701.
- Limpiyakorn, T., Fürhacker, M., Haberl, R., Chodanon, T., Srithep, P. and Sonthiphand, P. (2013) AmoA-encoding archaea in wastewater treatment plants: A review. Appl Microbiol Biotechnol 97(4), 1425-1439.
- Lin, Y.-M., Tay, J.-H., Liu, Y. and Hung, Y.-T. (2009) Biological Treatment Processes. Wang, L., Pereira, N. and Hung, Y.-T. (eds), pp. 539-588, Humana Press.
- Martens-Habbena, W., Berube, P.M., Urakawa, H., de la Torre, J.R. and Stahl, D.A. (2009) Ammonia oxidation kinetics determine niche separation of nitrifying Archaea and Bacteria. Nature 461(7266), 976-979.

Metcalf and Eddy (2004) Wastewater Engineering Treatment and Reuse, McGraw-Hill.

Muβmann, M., Brito, I., Pitcher, A., Sinninghe Damste, J.S., Hatzenpichler, R., Richter, A., Nielsen, J.L., Nielsen, P.H., Muller, A., Daims, H., Wagner, M. and Head, I.M. (2011) Thaumarchaeotes abundant in refinery nitrifying sludges express amoA but are not obligate autotrophic ammonia oxidizers. Proc Natl Acad Sci U S A 108(40), 16771-16776.

- Neufeld, J.D., Dumont, M.G., Vohra, J. and Murrell, J.C. (2007) Methodological considerations for the use of stable isotope probing in microbial ecology. Microb Ecol 53(3), 435-442.
- Niu, J., Kasuga, I., Kurisu, F., Furumai, H. and Shigeeda, T. (2013) Evaluation of autotrophic growth of ammonia-oxidizers associated with granular activated carbon used for drinking water purification by DNA-stable isotope probing. Water Res 47(19), 7053-7065.
- Okabe, S., Kindaichi, T. and Ito, T. (2005) Fate of 14C-labeled microbial products derived from nitrifying bacteria in autotrophic nitrifying biofilms. Appl Environ Microbiol 71(7), 3987-3994.
- Park, B.J., Park, S.J., Yoon, D.N., Schouten, S., Damsté, J.S.S. and Rhee, S.K. (2010) Cultivation of autotrophic ammonia-oxidizing archaea from marine sediments in coculture with sulfur-oxidizing bacteria. Appl Environ Microbiol 76(22), 7575-7587.
- Park, H.D., Wells, G.F., Bae, H., Criddle, C.S. and Francis, C.A. (2006) Occurrence of ammonia-oxidizing archaea in wastewater treatment plant bioreactors. Appl Environ Microbiol 72(8), 5643-5647.
- Pester, M., Rattei, T., Flechl, S., Gröngröft, A., Richter, A., Overmann, J., Reinhold-Hurek,
  B., Loy, A. and Wagner, M. (2012) AmoA-based consensus phylogeny of ammonia-oxidizing archaea and deep sequencing of amoA genes from soils of four different geographic regions. Environ Microbiol 14(2), 525-539.
- Purkhold, U., Pommerening-Roser, A., Juretschko, S., Schmid, M.C., Koops, H.P. and Wagner, M. (2000) Phylogeny of All Recognized Species of Ammonia Oxidizers Based on Comparative 16S rRNA and amoA Sequence Analysis: Implications for Molecular Diversity Surveys. Appl Environ Microbiol 66(12), 5368-5382.
- Rotthauwe, J.H., Witzel, K.P. and Liesack, W. (1997) The ammonia monooxygenase structural gene amoa as a functional marker: Molecular fine-scale analysis of natural ammonia-oxidizing populations. Appl Environ Microbiol 63(12), 4704-4712.

- Sauder, L.A., Peterse, F., Schouten, S. and Neufeld, J.D. (2012) Low-ammonia niche of ammonia-oxidizing archaea in rotating biological contactors of a municipal wastewater treatment plant. Environ Microbiol 14(9), 2589-2600.
- Schleper, C. and Nicol, G.W. (2010) Ammonia-oxidising archaea--physiology, ecology and evolution. Adv Microb Physiol 57, 1-41.
- Smith, C.A. (1992) Physiology of the bacterial cell. A molecular approach. By F C Neidhardt, J L Ingraham and M Schaechter. pp 507. Sinauer associates, Sunderland, MA. 1990. \$43.95 ISBN 0–87893–608–4. Biochemical Education 20(2), 124-125.
- Sonthiphand, P. and Limpiyakorn, T. (2011) Change in ammonia-oxidizing microorganisms in enriched nitrifying activated sludge. Appl Microbiol Biotechnol 89(3), 843-853.
- Spang, A., Hatzenpichler, R., Brochier-Armanet, C., Rattei, T., Tischler, P., Spieck, E., Streit, W., Stahl, D.A., Wagner, M. and Schleper, C. (2010) Distinct gene set in two different lineages of ammonia-oxidizing archaea supports the phylum Thaumarchaeota. Trends in Microbiology 18(8), 331-340.
- Tourna, M., Freitag, T.E. and Prosser, J.I. (2010) Stable isotope probing analysis of interactions between ammonia oxidizers. Appl Environ Microbiol 76(8), 2468-2477.
- Treusch, A.H., Leininger, S., Kletzin, A., Schuster, S.C., Klenk, H.P. and Schleper, C. (2005) Novel genes for nitrite reductase and Amo-related proteins indicate a role of uncultivated mesophilic crenarchaeota in nitrogen cycling. Environ Microbiol 7(12), 1985-1995.
- Venter, J.C., Remington, K., Heidelberg, J.F., Halpern, A.L., Rusch, D., Eisen, J.A., Wu, D.,
  Paulsen, I., Nelson, K.E., Nelson, W., Fouts, D.E., Levy, S., Knap, A.H., Lomas,
  M.W., Nealson, K., White, O., Peterson, J., Hoffman, J., Parsons, R., Baden-Tillson,
  H., Pfannkoch, C., Rogers, Y.H. and Smith, H.O. (2004) Environmental genome
  shotgun sequencing of the Sargasso Sea. Science 304(5667), 66-74.
- Wells, G.F., Park, H.D., Yeung, C.H., Eggleston, B., Francis, C.A. and Criddle, C.S. (2009) Ammonia-oxidizing communities in a highly aerated full-scale activated sludge

bioreactor: betaproteobacterial dynamics and low relative abundance of Crenarchaea. Environ Microbiol 11(9), 2310-2328.

- Widdel, F. and Bak, F. (1992) The Prokaryotes. Balows, A., Trüper, H., Dworkin, M., Harder, W. and Schleifer, K.-H. (eds), pp. 3352-3378, Springer New York.
- Ye, L. and Zhang, T. (2011) Ammonia-oxidizing bacteria dominates over ammoniaoxidizing archaea in a saline nitrification reactor under low DO and high nitrogen loading. Biotechnol Bioeng 108(11), 2544-2552.
- Yu, T., Li, D., Qi, R., Li, S.T., Xu, S.W. and Yang, M. (2011) Structure and dynamics of nitrifier populations in a full-scale submerged membrane bioreactor during start-up. Appl Microbiol Biotechnol 90(1), 369-376.
- Zhang, T., Jin, T., Yan, Q., Shao, M., Wells, G., Criddle, C. and HH, P.F. (2009) Occurrence of ammonia-oxidizing Archaea in activated sludges of a laboratory scale reactor and two wastewater treatment plants. J Appl Microbiol 107(3), 970-977.

ธรรมวงศ์, พ. (2551) ข้อมูลเบื้องต้น Real-Time PCR.

จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย Chulalongkorn University





#### ภาคผนวก ก

วิธีมาตรฐานสำหรับการวัดแอมโมเนีย ไนไตรต์และไนเตรต

## **ก.1 การวิเคราะห์ความเข้มข้นของแอมโมเนีย** (Bower และคณะ, 1980)

กรองน้ำตัวอย่างนำมาเจือจางด้วยน้ำกลั่น 10, 50, 100 เท่า และนำสารละลายมา 10 มิลลิลิตร ใส่ลงในหลอดทดลองที่มีฝาปิดเป็นเกลียวเพื่อป้องกันการระเหยของแอมโมเนีย เติม Salicylate catalyst solution 1.2 มิลลิลิตร เขย่าให้เข้ากัน เติม Alkaline hypochlorite solution 2.0 มิลลิลิตร เขย่าให้เข้ากันและทิ้งไว้ประมาณ 1 ชั่วโมง ในที่มืด จากนั้นนำไปวัดค่าการดูดกลืนแสง ที่ความยาวคลื่น 640 นาโนเมตรด้วยเครื่อง UV spectrophotometer และนำค่าการดูดกลืนแสงที่ ได้ไปคำนวณหาความเข้มข้นของแอมโมเนียในตัวอย่างจากกราฟมาตรฐานที่สร้างจากความเข้มข้น แอมโมเนียที่แน่นอน

#### <u>การสร้างกราฟมาตรฐานสำหรับการวัดแอมโมเนีย</u>

เตรียมแอมโมเนียมซัลเฟต ((NH₄)₂SO₄) ความเข้มข้น 0.2, 0.4, 0.6, 0.8, 1.0 มิลลิกรัมไนโตรเจนต่อ ลิตร จากนั้นเติม Salicylate catalyst solution 1.2 มิลลิลิตร และ Alkaline hypochlorite solution 2.0 มิลลิลิตร เขย่าให้เข้ากันและทิ้งไว้ประมาณ 1 ชั่วโมง ในที่มืด และนำไปวัดค่าการ ดูดกลืนแสงที่ความยาวคลื่น 640 นาโนเมตรด้วยเครื่อง UV spectrophotometer จากนั้นนำค่าการ ดูดกลืนแสงที่ได้ของแต่ละความเข้มข้นมาสร้างกราฟมาตรฐาน แสดงดังรูปที่ ก.1



### ภาพที่ ก.1 กราฟมาตรฐานแอมโมเนีย

### **ก.2 การวิเคราะห์ความเข้มข้นของในไตรต์** (Standard Methods 4500-NO₂⁻ B.)

ช่วงความเข้มข้นของไนไตรต์ที่วัดได้คือ 10 - 1000 mg NO₂⁻-N/L วิธีการวิเคราะห์ คือ กรอง น้ำตัวอย่างนำมาเจือจางด้วยน้ำกลั่น 10, 50, 100 เท่า และนำสารละลายมา 10 มิลลิลิตร เติม Color reagent 0.4 มิลลิลิตร เขย่าให้เข้ากันและตั้งทิ้งไว้ 10 นาที เพื่อให้เกิดปฏิกิริยาสมบูรณ์ จากนั้นนำไป วัดค่าการดูดกลืนแสงที่ความยาวคลื่น 540 นาโนเมตร ด้วยเครื่อง UV spectrophotometer และนำ ค่าการดูดกลืนแสงที่ได้ไปคำนวณหาความเข้มข้นของไนไตรต์ในตัวอย่างจากกราฟมาตรฐานจากกราฟ มาตรฐานที่สร้างจากความเข้มข้นไนไตรต์ที่แน่นอน

### <u>การสร้างกราฟมาตรฐานสำหรับการวัดไนไตรต์</u>

เตรียมโซเดียมไนไตรต์ (NaNO₂) ความเข้มข้น 0.2, 0.4, 0.6, 0.8, 1.0 มิลลิกรัมไนโตรเจนต่อลิตร เติม Color reagent 0.4 มิลลิลิตร เขย่าให้เข้ากันและตั้งทิ้งไว้ 10 นาที เพื่อให้เกิดปฏิกิริยาสมบูรณ์ และ นำไปวัดค่าการดูดกลืนแสงที่ความยาวคลื่น 540 นาโนเมตร ด้วยเครื่อง UV spectrophotometer จากนั้นนำค่าการดูดกลืนแสงที่ได้ของแต่ละความเข้มข้นมาสร้างกราฟมาตรฐาน แสดงดังรูป ก.2



ภาพที่ ก.2 กราฟมาตรฐานไนไตรต์

### **ก.3 การวิเคราะห์ความเข้มข้นของในเตรต** (Standard Methods 4500-NO₃⁻⁻B.)

กรองน้ำตัวอย่างนำมาเจือจางด้วยน้ำกลั่น 10, 50, 100 เท่า และนำสารละลายมา 10 มิลลิลิตร เติมสารละลายไฮโดรคลอริค 1 นอรมัล 0.2 มิลลิลิตร เขย่าให้เข้ากัน วัดค่าการดูดกลืนแสง ด้วยเครื่อง UV spectrophotometer ที่ 220 นาโนเมตรซึ่งเป็นค่าการดูดกลืนแสงของไนเตรต และ วัดซ้ำอีกครั้งที่ 275 นาโนเมตรซึ่งไนเตรตจะไม่ดูดกลืนแสงที่ความยาวคลื่นนี้เพื่อใช้เป็นค่าปรับแก้ค่า การดูดกลืนแสงของไนเตรตซึ่งไม่ควรเกิน 10 % ของค่าที่วัดได้จากความยาวคลื่น 220 นาโนเมตร จากนั้นนำค่าการดูดกลืนแสงที่ได้ไปคำนวณหาความเข้มข้นของไนเตรตตัวอย่างจากกราฟมาตรฐานที่ สร้างจากความเข้มข้นในเตรตที่แน่นอน

# <u>การสร้างกราฟมาตรฐานสำหรับการวัดไนเตรต</u>

เตรียมโซเดียมในเตรต (NaNO₃) ความเข้มข้น 0.2, 0.4, 0.6, 0.8, 1.0 มิลลิกรัมในโตรเจนต่อลิตร เติม สารละลายไฮโดรคลอริค 1 นอรมัล 0.2 มิลลิลิตร เขย่าให้เข้ากัน นำไปวัดค่าการดูดกลืนแสงที่ความ ยาวคลื่น 220 นาโนเมตร ด้วยเครื่อง UV spectrophotometer จากนั้นนำค่าการดูดกลืนแสงที่ได้ ของแต่ละความเข้มข้นมาสร้างกราฟมาตรฐาน แสดงดังรูป ก.3





#### ภาคผนวก ข

ค่าแอมโมเนีย ไนไตรต์ ไนเตรต และค่าความเป็นกรดด่างระหว่างการบ่มตะกอนจุลินทรีย์ ตารางที่ ข.1 ความเข้มข้นของสารประกอบไนโตรเจนระหว่างการบ่มตะกอนจุลินทรีย์ P2-¹³C รอบ 1 ความเข้มข้นเริ่มต้น 7 มก.ไนโตรเจน/ลิตร

P2- ¹³ C (7 มก.ไนโตรเจน/ลิตร, รอบ 1)				
วันที่ทำ	แอมโมเนีย (มก.	ไนไตรต์ (มก.	ไนเตรต (มก.	ค่าความเป็น
การทดลอง	ในโตรเจน/ลิตร)	ไนโตรเจน/ลิตร)	ไนโตรเจน/ลิตร)	กรดด่าง
28/12/57	0.18	0.13	0.42	8.2
29/12/57	0.64	0.05	0.11	8.66
30/12/57	0.14	0.02	1.60	7.73
1/1/58	0.79	0.14	2.71	7.71
2/1/58	0.15	0.00	0.04	7.69
4/1/58	0.28	0.10	4.78	7.56
6/1/58	0.35	0.20	0.43	7.7
8/1/58	0.23	1.02	0.44	7.41
10/1/58	0.57	0.00	0.54	7.61
13/1/58	0.07	0.00	0.13	7.69
15/1/58	0.78	3.71	6.71	7.23
17/1/58	0.75	0.62	5.62	7.53
19/1/58	0.16	0.43	6.56	7.42
22/1/58	0.16	0.00	0.66	7.33
26/1/58	0.06	0.00	0.66	7.35
28/1/58	0.20	0.22	0.94	7.56
31/1/58	0.17	0.15	1.02	7.56

ตารางที่ ข.2 ความเข้มข้นของสารประกอบไนโตรเจนระหว่างการบ่มตะกอนจุลินทรีย์ P2- ¹² C รอบ 1
ความเข้มข้นเริ่มต้น 7 มก.ไนโตรเจน/ลิตร

P2- ¹² C (7 มก.ไนโตรเจน/ลิตร, รอบ 1)				
วันที่ทำ	แอมโมเนีย (มก.	ไนไตรต์ (มก.	ไนเตรต (มก.	ค่าความเป็น
การทดลอง	ไนโตรเจน/ลิตร)	ในโตรเจน/ลิตร)	ในโตรเจน/ลิตร)	กรดด่าง
28/12/57	0.53	0.05	0.02	8.09
29/12/57	0.68	0.22	0.11	8.53
30/12/57	0.15	0.00	0.32	7.53
1/1/58	0.69	0.12	2.41	7.63
2/1/58	0.97	0.00	0.00	7.63
4/1/58	0.37	0.17	4.40	7.52
6/1/58	0.31	0.13	0.43	7.91
8/1/58	0.12	0.20	0.49	7.83
10/1/58	0.80	0.33	0.51	7.49
13/1/58	0.57	0.00	0.24	7.46
15/1/58	0.38	0.54	6.15	7.24
17/1/58	0.20	4.16	4.71	7.66
19/1/58	0.15	4.77	7.62	7.56
22/1/58	0.06	0.13	0.66	7.37
26/1/58	0.14	0.51	0.67	7.12
28/1/58	0.25	0.34	1.58	7.65
31/1/58	0.18	0.20	1.44	7.68

P2- ¹³ C (7 มก.ไนโตรเจน/ลิตร, รอบ 2)				
วันที่ทำ	แอมโมเนีย (มก.	ไนไตรต์ (มก.	ไนเตรต (มก.	ค่าความเป็น
การทดลอง	ไนโตรเจน/ลิตร)	ไนโตรเจน/ลิตร)	ในโตรเจน/ลิตร)	กรดด่าง
26/2/58	0.82	0.00	-0.01	7.47
27/2/58	1.46	0.02	0.96	8.12
28/2/58	1.10	0.03	1.99	8.05
1/3/58	0.78	0.03	2.33	7.95
2/3/58	0.45	0.05	3.26	7.74
3/3/58	0.36	0.06	3.93	7.80
4/3/58	0.10	0.02	4.10	8.02
6/3/58	0.54	0.06	0.71	7.99
7/3/58	0.43	0.07	4.60	7.56
8/3/58	0.41	0.10	4.81	7.61
10/3/58	0.35	0.12	5.18	7.63
11/3/58	0.27	0.10	5.59	7.75
13/3/58	0.58	0.29	5.34	7.66
14/3/58	0.40	0.52	5.66	7.54
16/3/58	0.28	1.36	6.77	7.60
19/3/58	0.17	0.52	6.01	7.65
21/3/58	0.17	0.17	5.90	7.72
23/3/58	0.27	0.27	6.05	7.68

ตารางที่ ข.3 ความเข้มข้นของสารประกอบไนโตรเจนระหว่างการบ่มตะกอนจุลินทรีย์ P2-¹³C รอบ 2 ความเข้มข้นเริ่มต้น 7 มก.ไนโตรเจน/ลิตร ตารางที่ ข.4 ความเข้มข้นของสารประกอบไนโตรเจนระหว่างการบ่มตะกอนจุลินทรีย์ P2-¹²C รอบ 2 ความเข้มข้นเริ่มต้น 7 มก.ไนโตรเจน/ลิตร

	P2- ¹² C (7 มก.ไนโตรเจน/ลิตร, รอบ 2)				
วันที่ทำ	แอมโมเนีย (มก.	ไนไตรต์ (มก.	ไนเตรต (มก.	ค่าความเป็น	
การทดลอง	ไนโตรเจน/ลิตร)	ในโตรเจน/ลิตร)	ในโตรเจน/ลิตร)	กรดด่าง	
26/2/58	0.83	0.00	0.06	7.51	
27/2/58	1.37	0.01	0.91	8.16	
28/2/58	1.15	0.02	1.70	7.83	
1/3/58	0.88	0.05	2.72	7.90	
2/3/58	0.43	0.04	2.86	7.95	
3/3/58	0.43	0.04	2.75	7.84	
4/3/58	0.11	0.03	3.70	7.90	
6/3/58	0.38	0.05	4.91	8.00	
7/3/58	0.28	0.04	4.89	7.87	
8/3/58	0.37	0.08	4.70	7.67	
10/3/58	0.24	0.09	5.12	7.68	
11/3/58	0.21	0.07	5.24	7.74	
13/3/58	0.49	0.22	5.39	7.61	
14/3/58	0.06	0.26	5.59	7.67	
16/3/58	0.13	0.10	6.46	7.71	
19/3/58	0.08	0.09	6.41	7.73	
21/3/58	0.17	0.10	5.87 S.87	7.64	
23/3/58	0.31	0.25	6.00	7.59	

	P2- ¹³ C (ไม่เติมแอมโมเนีย)				
วันที่ทำ	แอมโมเนีย (มก.	ไนไตรต์ (มก.	ไนเตรต (มก.	ค่าความเป็น	
การทดลอง	ในโตรเจน/ลิตร)	ในโตรเจน/ลิตร)	ในโตรเจน/ลิตร)	กรดด่าง	
21/12/57	0.10	0.00	0.06	6.63	
23/12/57	0.11	0.00	0.06	6.43	
26/12/57	0.82	0.00	0.01	7.68	
28/12/57	0.07	0.01	0.12	7.60	
30/12/57	0.08	0.00	0.14	7.61	
1/1/58	0.05	0.00	0.07	7.49	
4/1/58	0.06	0.00	0.09	7.71	
6/1/58	0.08	0.00	0.07	7.77	
8/1/58	0.07	0.02	-0.03	7.73	
13/1/58	0.07	0.20	5.56	7.39	
15/1/58	0.05	0.00	0.08	7.40	
17/1/58	0.06	0.00	0.02	7.53	
19/1/58	0.06	0.00	0.04	7.70	
21/1/58	0.06	0.00	0.03	7.93	
26/1/58	0.05	0.00	0.05	7.76	
28/1/58	0.04	0.00	0.05	7.72	
31/1/58	0.06	0.00	0.07	7.57	
4/2/58	0.07	0.00	0.06	7.70	
7/2/58	0.25	0.00	0.13	7.86	

ตารางที่ ข.5 ความเข้มข้นของสารประกอบไนโตรเจนระหว่างการบ่มตะกอนจุลินทรีย์ P2-¹³C แบบไม่ เติมแอมโมเนีย

	P2- ¹² C (ไม่เติมแอมโมเนีย)				
วันที่ทำ	แอมโมเนีย (มก.	ไนไตรต์ (มก.	ไนเตรต (มก.	ค่าความเป็น	
การทดลอง	ไนโตรเจน/ลิตร)	ในโตรเจน/ลิตร)	ในโตรเจน/ลิตร)	กรดด่าง	
21/12/57	0.09	0.00	0.07	6.55	
23/12/57	0.07	0.00	0.05	6.25	
26/12/57	0.79	0.00	0.03	7.71	
28/12/57	0.06	0.00	0.09	7.50	
30/12/57	0.08	0.02	2.31	7.75	
1/1/58	0.04	0.00	0.07	7.49	
4/1/58	0.07	0.00	0.11	7.86	
6/1/58	0.05	0.01	0.08	7.89	
8/1/58	0.05	0.02	0.12	8.04	
13/1/58	0.06	0.00	0.15	7.60	
15/1/58	0.06	0.00	0.10	7.51	
17/1/58	0.05	0.00	0.24	7.76	
19/1/58	0.05	0.00	0.07	7.78	
21/1/58	0.06	0.00	0.03	7.97	
26/1/58	0.06	0.00	0.01	7.82	
28/1/58	0.03	0.00	0.06	7.89	
31/1/58	0.05	0.00	0.02	7.85	
4/2/58	0.04	0.00	0.00	7.88	
7/2/58	0.06	0.00	0.06	7.93	

ตารางที่ ข.6 ความเข้มข้นของสารประกอบไนโตรเจนระหว่างการบ่มตะกอนจุลินทรีย์ P2-¹²C แบบไม่ เติมแอมโมเนีย

P3- ¹³ C (7 มก.ไนโตรเจน/ลิตร, รอบ 1)				
วันที่ทำ	แอมโมเนีย (มก.	ไนไตรต์ (มก.	ไนเตรต (มก.	ค่าความเป็น
การทดลอง	ไนโตรเจน/ลิตร)	ไนโตรเจน/ลิตร)	ไนโตรเจน/ลิตร)	กรดด่าง
14/9/57	0.7996	0.0003	0.0477	7.92
16/9/57	0.4433	0.0785	2.8902	8.39
19/9/57	0.2488	0.0351	4.5178	7.96
21/9/57	0.5178	0.0962	5.6154	7.00
26/9/57	0.1731	0.0009	6.5238	7.63
28/9/57	0.2558	0.0813	6.8266	7.47
30/9/57	0.1195	0.0123	6.7888	7.48
2/10/57	0.1021	0.0311	6.9780	7.50
4/10/57	0.0532	0.0779	7.2430	7.45
6/10/57	0.0695	0.3398	7.5458	7.30
8/10/57	0.0671	0.1036	7.8107	7.27
10/10/57	0.1393	0.0448	7.8864	7.49

ตารางที่ ข.7 ความเข้มข้นของสารประกอบไนโตรเจนระหว่างการบ่มตะกอนจุลินทรีย์ P3-¹³C รอบ 1 ความเข้มข้นเริ่มต้น 7 มก.ไนโตรเจน/ลิตร

ตารางที่ ข.8 ความเข้มข้นของสารประกอบไนโตรเจนระหว่างการบ่มตะกอนจุลินทรีย์ P3-¹²C รอบ 1 ความเข้มข้นเริ่มต้น 7 มก.ไนโตรเจน/ลิตร

P3- ¹² C (7 มก.ไนโตรเจน/ลิตร, รอบ 1)				
วันที่ทำ	แอมโมเนีย (มก.	ไนไตรต์ (มก.	ไนเตรต (มก.	ค่าความเป็น
การทดลอง	ในโตรเจน/ลิตร)	ไนโตรเจน/ลิตร)	ไนโตรเจน/ลิตร)	กรดด่าง
14/9/57	0.7810	-0.0002	0.0363	7.92
16/9/57	0.4421	0.0534	2.2468	8.39
19/9/57	0.2383	0.0340	4.5178	7.96
21/9/57	0.5295	0.0819	5.4640	7.00
26/9/57	0.0753	0.0021	6.8645	7.63
28/9/57	0.3059	0.0562	6.9023	7.47
30/9/57	0.1032	0.0232	7.2808	7.48
2/10/57	0.1359	0.0209	7.0537	7.50
4/10/57	0.1172	0.0226	7.5458	7.45
6/10/57	0.1359	0.0642	7.3187	7.30
8/10/57	0.1137	0.0483	7.7350	7.27
10/10/57	0.0730	0.0123	7.5836	7.49

จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย Chulalongkorn University ตารางที่ ข.9 ความเข้มข้นของสารประกอบไนโตรเจนระหว่างการบ่มตะกอนจุลินทรีย์ P3-¹³C รอบ 2 ความเข้มข้นเริ่มต้น 7 มก.ไนโตรเจน/ลิตร

	P3- ¹³ C (7 มก.ไนโตรเจน/ลิตร, รอบ 2)				
วันที่ทำ	แอมโมเนีย (มก.	ไนไตรต์ (มก.	ไนเตรต (มก.	ค่าความเป็น	
การทดลอง	ไนโตรเจน/ลิตร)	ในโตรเจน/ลิตร)	ไนโตรเจน/ลิตร)	กรดด่าง	
26/2/58	0.7589	0.0021	0.0288	7.28	
26/2/58	0.6273	0.0306	0.0363	8.01	
27/2/58	0.8648	0.1606	0.8880	8.13	
28/2/58	0.7041	0.1886	1.8229	8.21	
1/3/58	0.6645	0.1270	2.6064	7.98	
2/3/58	0.4014	0.0751	3.1552	7.82	
3/3/58	0.3012	0.0511	5.2086	7.70	
4/3/58	0.3024	0.0317	6.4860	8.00	
6/3/58	0.3757	0.1150	7.4001	7.99	
7/3/58	0.2605	0.1013	7.4640	7.80	
8/3/58	0.3839	0.1646	7.9054	7.74	
10/3/58	0.2418	0.0659	7.1677	7.84	
11/3/58	0.2593	0.0283	7.6972	7.72	
13/3/58	0.3653	0.0808	7.4088	7.96	
14/3/00	0.2069	0.0540	7.5269	7.92	
19/3/58	0.1137	0.0905	7.3081	7.84	
21/3/58	0.0671	0.0716	7.3490	7.86	
23/3/58	0.0834	0.0928	7.3853	7.47	

	P3- ¹² C (7 มก.ไนโตรเจน/ลิตร, รอบ 2)				
วันที่ทำ	แอมโมเนีย (มก.	ไนไตรต์ (มก.	ในเตรต (มก.	ค่าความเป็น	
การทดลอง	ไนโตรเจน/ลิตร)	ไนโตรเจน/ลิตร)	ไนโตรเจน/ลิตร)	กรดด่าง	
26/2/58	0.4910	0.0038	0.0704	7.26	
26/2/58	0.6680	0.0260	0.0855	7.94	
27/2/58	0.8986	0.1452	0.7933	8.03	
28/2/58	0.7006	0.1606	1.8645	8.14	
1/3/58	0.7728	0.1281	2.4966	8.17	
2/3/58	0.4002	0.0967	3.1211	7.80	
3/3/58	0.3420	0.0614	5.5946	7.94	
4/3/58	0.3851 🦯	0.0637	6.2021	8.03	
6/3/58	0.5108	0.1087	7.0765	8.20	
7/3/58	0.3769	0.1025	8.1968	8.04	
8/3/58	0.3955	0.1270	8.0700	7.61	
10/3/58	0.2709	0.0802	7.5416	7.54	
11/3/58	0.3315	0.0825	7.9054	7.68	
13/3/58	0.4177	0.0956	7.5220	7.84	
14/3/00	0.2721	0.0620	7.6794	7.63	
19/3/58	0.2348	0.1213	ERS 7.5670	7.51	
21/3/58	0.2302	0.0648	7.2808	7.79	
23/3/58	0.2942	0.0545	7.3490	7.74	

ตารางที่ ข.10 ความเข้มข้นของสารประกอบไนโตรเจนระหว่างการบ่มตะกอนจุลินทรีย์ P3-¹²C รอบ 2 ความเข้มข้นเริ่มต้น 7 มก.ไนโตรเจน/ลิตร

	P3- ¹³ ⊂ (ไม่เติมแอมโมเนีย)				
วันที่ทำ	แอมโมเนีย (มก.	ไนไตรต์ (มก.	ไนเตรต (มก.	ค่าความเป็น	
การทดลอง	ไนโตรเจน/ลิตร)	ไนโตรเจน/ลิตร)	ในโตรเจน/ลิตร)	กรดด่าง	
26/2/58	0.1056	0.0015	0.1272	7.34	
27/2/58	0.0590	0.0003	0.0515	7.14	
28/2/58	0.0637	-0.0002	0.0704	7.32	
1/3/58	0.0625	-0.0002	0.0931	7.31	
2/3/58	0.0986	0.0003	0.1385	7.64	
3/3/58	0.0928	0.0026	0.1877	7.74	
4/3/58	0.0765	0.0015	0.1953	7.30	
6/3/58	0.0543	0.0015	0.8388	7.82	
7/3/58	0.0730	0.0009	0.4375	7.74	
8/3/58	0.1021	0.0021	0.5889	7.63	
10/3/58	0.0695	-0.0002	0.7403	7.70	
11/3/58	0.0625	-0.0002	0.8653	7.78	
13/3/58	0.0660	0.0009	0.6760	7.65	
14/3/58	0.0555	0.0003	0.5587	7.54	
16/3/58	0.0869	0.0003	0.5057	7.57	
19/3/58	0.0520	-0.0008	0.2483	7.59	
21/3/58	0.0590	-0.0014	0.2256	7.61	
23/3/58	0.0473	-0.0008	0.1158	7.64	

ตารางที่ ข.11 ความเข้มข้นของสารประกอบไนโตรเจนระหว่างการบ่มตะกอนจุลินทรีย์ P3-¹³C แบบ ไม่เติมแอมโมเนีย

P3- ¹² C (ไม่เติมแอมโมเนีย)				
วันที่ทำ	แอมโมเนีย (มก.	ไนไตรต์ (มก.	ไนเตรต (มก.	ค่าความเป็น
การทดลอง	ไนโตรเจน/ลิตร)	ในโตรเจน/ลิตร)	ในโตรเจน/ลิตร)	กรดด่าง
26/2/58	0.0602	0.0015	0.0931	7.34
27/2/58	0.0637	0.0003	0.0401	7.19
28/2/58	0.0834	-0.0002	0.0742	7.24
1/3/58	0.0567	-0.0002	0.1310	7.29
2/3/58	0.0834	0.0009	0.1688	7.71
3/3/58	0.0846	0.0009	0.1764	7.77
4/3/58	0.0881	0.0009	0.2672	7.69
6/3/58	0.0532	0.0015	4.4421	7.61
7/3/58	0.0590	0.0009	0.5132	7.78
8/3/58	0.0695	0.0009	0.5057	7.64
10/3/58	0.0485	-0.0008	0.5322	7.50
11/3/58	0.0578	-0.0002	0.7441	7.75
13/3/58	0.0776	0.0009	0.4981	7.49
14/3/58	0.0567	0.0003	0.4792	7.86
16/3/58	0.0637	0.0003	0.3846	7.89
19/3/58	0.0543	-0.0008	0.2824	8.04
21/3/58	0.0578	-0.0014	0.1915	7.60
23/3/58	0.0578	-0.0014	0.1158	7.51

ตารางที่ ข.12 ความเข้มข้นของสารประกอบไนโตรเจนระหว่างการบ่มตะกอนจุลินทรีย์ P3-¹²C แบบ ไม่เติมแอมโมเนีย

P6- ¹³ C (7 มก.ไนโตรเจน/ลิตร, รอบ 1)				
วันที่ทำ	แอมโมเนีย (มก.	ไนไตรต์ (มก.	ไนเตรต (มก.	ค่าความเป็น
การทดลอง	ไนโตรเจน/ลิตร)	ในโตรเจน/ลิตร)	ไนโตรเจน/ลิตร)	กรดด่าง
14/7/57	2.8037	0.0540	11.9364	7.55
15/7/57	3.2695	0.1315	6.3346	7.57
17/7/57	1.1688	0.1395	7.5458	7.59
19/7/57	0.3827	0.1412	7.8486	7.46
24/7/57	0.1743	0.0813	8.1893	7.36
25/7/57	0.2011	0.0796	8.1514	7.35
30/7/57	0.1114	0.1110	8.4921	7.52
1/8/57	0.1114	0.0819	8.5299	7.36
4/8/57	0.3920	0.0950	7.7729	7.56
8/8/57	0.2686	0.0922	7.6026	7.31
11/8/57	1.0500	0.2262	7.3187	7.61

ตารางที่ ข.13 ความเข้มข้นของสารประกอบในโตรเจนระหว่างการบ่มตะกอนจุลินทรีย์ P6-¹³C รอบ 1 ความเข้มข้นเริ่มต้น 7 มก.ในโตรเจน/ลิตร



120

P6- ¹² C (7 มก.ไนโตรเจน/ลิตร, รอบ 1)				
วันที่ทำ	แอมโมเนีย (มก.	ไนไตรต์ (มก.	ไนเตรต (มก.	ค่าความเป็น
การทดลอง	ไนโตรเจน/ลิตร)	ไนโตรเจน/ลิตร)	ไนโตรเจน/ลิตร)	กรดด่าง
14/7/57	2.1050	0.5018	8.5299	7.53
15/7/57	0.2174	0.0682	8.0757	7.58
17/7/57	0.2768	0.2006	9.0598	7.59
19/7/57	0.0555	-0.0002	8.0999	7.55
24/7/57	0.1184	0.0448	8.0757	7.45
25/7/57	0.1463	0.1053	8.0379	7.42
30/7/57	0.0718	0.0523	8.4164	7.55
1/8/57	0.1067	0.0437	8.2271	7.35
4/8/57	0.1917	0.0351	7.5269	7.56
8/8/57	0.1813	0.0408	7.3755	7.56
11/8/57	0.1021	0.0175	7.6593	7.72

ตารางที่ ข.14 ความเข้มข้นของสารประกอบในโตรเจนระหว่างการบ่มตะกอนจุลินทรีย์ P6-¹²C รอบ 1 ความเข้มข้นเริ่มต้น 7 มก.ในโตรเจน/ลิตร



P6- ¹³ C (7 มก.ไนโตรเจน/ลิตร, รอบ 2)				
วันที่ทำ	แอมโมเนีย (มก.	ไนไตรต์ (มก.	ไนเตรต (มก.	ค่าความเป็น
การทดลอง	ไนโตรเจน/ลิตร)	ในโตรเจน/ลิตร)	ไนโตรเจน/ลิตร)	กรดด่าง
12/8/57	1.0046	0.0745	-0.0091	7.78
14/8/57	0.3979	0.1019	3.0416	7.64
15/8/57	0.2197	0.0739	4.8206	7.43
17/8/57	0.0427	0.0015	5.8425	7.51
19/8/57	0.0695	0.0009	6.5617	7.42
22/8/57	0.1661	0.0015	7.1673	7.36
25/8/57	0.0602	0.0568	7.7729	7.28
28/8/57	0.1440	0.1122	7.5079	7.42
1/9/57	0.3187	0.1327	7.6593	7.34
5/9/57	0.0916	0.3654	8.0000	7.26
8/9/57	0.1673	0.1686	8.8706	7.45
11/9/57	0.0683	0.2445	8.8327	7.50
13/9/57	0.0706	0.0431	8.6435	7.56
16/9/57	0.0648	0.0003	10.4603	8.03
19/9/57	0.0625	0.0003	11.1794	7.97
26/9/57	0.0765	0.0009	8.4164	7.53
28/9/57	0.0590	0.0637	8.3028	7.52
30/9/57	0.0846	0.0003	8.2271	7.45
2/10/57	0.0730	0.0021	8.0757	7.55
4/10/57	0.0660	0.0003	8.2650	7.60
6/10/57	0.0555	0.0135	8.1514	7.50
8/10/57	0.0881	0.0129	8.4921	7.57

ตารางที่ ข.15 ความเข้มข้นของสารประกอบในโตรเจนระหว่างการบ่มตะกอนจุลินทรีย์ P6-¹³C รอบ 2 ความเข้มข้นเริ่มต้น 7 มก.ไนโตรเจน/ลิตร

P6- ¹² C (7 มก.ไนโตรเจน/ลิตร, รอบ 2)				
วันที่ทำ	แอมโมเนีย (มก.	ไนไตรต์ (มก.	ไนเตรต (มก.	ค่าความเป็น
การทดลอง	ไนโตรเจน/ลิตร)	ในโตรเจน/ลิตร)	ในโตรเจน/ลิตร)	กรดด่าง
12/8/57	0.5295	0.2274	1.1870	7.78
14/8/57	0.1789	0.2342	3.4201	7.64
15/8/57	0.1871	0.1538	4.8963	7.43
17/8/57	0.0671	0.0055	5.8804	7.51
19/8/57	0.0508	0.0038	6.4103	7.42
22/8/57	0.0555	0.0842	7.3944	7.36
25/8/57	0.2115	0.0346	7.4701	7.28
28/8/57	0.0660	0.0066	7.7729	7.42
1/9/57	0.0800	0.0574	7.8864	7.34
5/9/57	0.0578	0.0038	8.1136	7.26
8/9/57	0.0753	-0.0002	8.6056	7.45
11/9/57	0.0671	0.0032	8.3785	7.50
13/9/57	0.0718	0.0836	8.4921	7.56
16/9/57	0.0590	0.0003	8.4921	8.03
19/9/57	0.0613	-0.0002	8.6056	7.97
26/9/57	0.0660	0.0140	8.2650	7.53
28/9/57	0.0590	0.0448	8.3407	7.52
30/9/57	0.0695	0.0003	10.1196	7.45
2/10/57	0.0695	0.0026	8.0379	7.55
4/10/57	0.0543	0.0009	8.5299	7.60
6/10/57	0.0706	0.0642	8.0757	7.50
8/10/57	0.0625	0.0214	8.2650	7.57

ตารางที่ ข.16 ความเข้มข้นของสารประกอบในโตรเจนระหว่างการบ่มตะกอนจุลินทรีย์ P6-¹²C รอบ 2 ความเข้มข้นเริ่มต้น 7 มก.ไนโตรเจน/ลิตร

P6- ¹³ C (7 มก.ไนโตรเจน/ลิตร, รอบ 3)				
วันที่ทำ	แอมโมเนีย (มก.	ไนไตรต์ (มก.	ไนเตรต (มก.	ค่าความเป็น
การทดลอง	ในโตรเจน/ลิตร)	ไนโตรเจน/ลิตร)	ในโตรเจน/ลิตร)	กรดด่าง
21/12/57	0.7845	0.0032	0.0363	7.34
22/12/57	0.7111	0.0488	1.0696	7.50
23/12/57	0.4677	0.0648	2.0840	7.58
24/12/57	0.2931	0.1452	3.1098	8.03
25/12/57	0.1731	0.0277	4.0636	7.89
26/12/57	0.2115	0.0483	5.3883	7.65
28/12/57	0.1056	0.0140	5.8047	7.62
30/12/57	0.2698	0.0374	5.6154	7.52
1/1/58	0.1848	0.0403	6.2589	7.35
4/1/58	0.0963	0.0032	6.5617	7.52
6/1/58	0.5190	0.0808	6.6752	7.54
8/1/58	0.2907	0.0842	7.2430	7.37
10/1/58	0.2337	0.0095	7.6593	7.41
13/1/58	0.4281	0.1224	7.3565	7.22
15/1/58	0.8113	0.6113	6.7509	7.35
17/1/58	0.3455	0.5001	8.0000	7.49
19/1/58	0.1987	0.0893	7.5836	7.44
22/1/58	0.1370	0.0551	7.5458	7.58

ตารางที่ ข.17 ความเข้มข้นของสารประกอบไนโตรเจนระหว่างการบ่มตะกอนจุลินทรีย์ P6-¹³C รอบ 3 ความเข้มข้นเริ่มต้น 7 มก.ไนโตรเจน/ลิตร

P6- ¹² C (7 มก.ไนโตรเจน/ลิตร, รอบ 3)				
วันที่ทำ	แอมโมเนีย (มก.	ไนไตรต์ (มก.	ไนเตรต (มก.	ค่าความเป็น
การทดลอง	ในโตรเจน/ลิตร)	ในโตรเจน/ลิตร)	ในโตรเจน/ลิตร)	กรดด่าง
21/12/57	0.7810	0.0043	0.7876	7.32
22/12/57	0.7787	0.0483	1.8322	7.74
23/12/57	0.5295	0.0716	2.6548	7.69
24/12/57	0.1952	0.1007	3.4474	8.01
25/12/57	0.1487	0.0340	4.1327	8.09
26/12/57	0.1522	0.0300	5.4191	7.81
28/12/57	0.1102	0.0129	5.6250	7.80
30/12/57	0.3105	0.0369	5.6600	7.54
1/1/58	0.2465	0.0620	6.9080	7.35
4/1/58	0.1114	0.0038	6.8283	7.49
6/1/58	0.4002	0.0734	7.4137	7.58
8/1/58	0.2453	0.1253	7.1594	7.51
10/1/58	0.3350	0.0979	7.7894	7.56
13/1/58	0.1964	0.1914	7.5930	7.31
15/1/58	0.3839	0.6358	9.2847	7.28
17/1/58	0.2791	0.2029	7.9899	7.52
19/1/58	0.1859	0.1424	8.2905	7.53
22/1/58	0.1743	0.1310	0.9585	7.70

ตารางที่ ข.18 ความเข้มข้นของสารประกอบในโตรเจนระหว่างการบ่มตะกอนจุลินทรีย์ P6-¹²C รอบ 3 ความเข้มข้นเริ่มต้น 7 มก.ไนโตรเจน/ลิตร

				ע ע
P6- ¹³ C (7 มก.ไนโตรเจน/ลิตร, รอบ 3 มีการปล่อยตะกอนออกไปกับน้ำทิ้ง)				
วันที่ทำ	แอมโมเนีย (มก.	ไนไตรต์ (มก.	ในเตรต (มก.	ค่าความเป็น
การทดลอง	ในโตรเจน/ลิตร)	ไนโตรเจน/ลิตร)	ในโตรเจน/ลิตร)	กรดด่าง
18/12/57	0.7204	0.0055	1.7169	7.97
19/12/57	0.8019	0.0272	1.7017	7.95
20/12/57	0.5597	0.0294	1.7396	7.94
21/12/57	0.2756	0.0671	2.1067	7.79
22/12/57	0.0951	0.0106	2.8448	7.69
23/12/57	0.2861	0.0272	3.0871	7.70
24/12/57	0.0637	0.1099	3.6132	8.04
25/12/57	0.1161	0.0397	3.6472	8.45
26/12/57	0.1475	0.0380	4.8963	8.12
28/12/57	0.0695	-0.0002	4.9720	8.14
30/12/57	0.1382	0.0682	5.5019	7.76
4/1/58	0.1207	0.0323	6.2589	7.34
6/1/58	0.0869	0.0021	6.9780	7.51
8/1/58	0.0671	0.0009	7.0916	7.72
10/1/58	0.0986	0.0192	7.0916	7.87
13/1/58	0.0741	0.0123	7.5836	7.35
15/1/58	0.0765	0.0534	7.2808	7.21
17/1/58	0.1137	0.1338	7.8864	7.68
19/1/58	0.0590	0.0043	7.7729	7.68
21/1/58	0.0683	0.0032	7.7350	7.17
22/1/58	0.0485	0.1481	7.6593	7.72
26/1/58	0.0637	0.0254	7.7729	7.67
28/1/58	0.1079	0.0460	7.6593	7.74
31/1/58	0.1533	0.0893	7.2808	7.76

ตารางที่ ข.19 ความเข้มข้นของสารประกอบไนโตรเจนระหว่างการบ่มตะกอนจุลินทรีย์ P6- ¹¹	³ C
รอบ 3 (มีการปล่อยตะกอนจุลินทรีย์ออกไปกับน้ำทิ้ง) ความเข้มข้นเริ่มต้น 7 มก.ไนโตรเจน/ลิตร	

วันที่ทำ	แอมโมเนีย (มก.	ในไตรต์ (มก.	ในเตรต (มก.	ค่าความเป็น
การทดลอง	ในโตรเจน/ลิตร)	ไนโตรเจน/ลิตร)	ในโตรเจน/ลิตร)	กรดด่าง
18/12/57	0.6867	0.0060	1.8304	8.01
19/12/57	0.6273	0.0294	1.8683	7.99
20/12/57	0.6121	0.0226	3.0795	8.02
21/12/57	0.1219	0.0043	2.9167	7.71
22/12/57	0.0800	0.0083	3.1211	7.69
23/12/57	0.2069	0.0443	3.4845	7.72
24/12/57	0.1149	0.0956	3.8857	8.21
25/12/57	0.0718	0.0032	4.1771	8.27
26/12/57	0.0695	0.0015	4.9720	8.15
28/12/57	0.0706	0.0015	4.2377	8.35
30/12/57	0.0706	0.0032	6.2210	7.73
4/1/58	0.0788	0.0026	6.7888	7.40
6/1/58	0.1591	0.1350	7.7350	7.46
8/1/58	0.0660	0.0003	6.7131	7.75
10/1/58	0.1032	0.0448	7.2808	7.68
13/1/58	0.0718	0.0300	8 7.8107	7.70
15/1/58	0.0695	0.0003	6.4254	7.71
17/1/58	0.0613	0.0802	6.8645	7.66
19/1/58	0.0916	0.0043	7.8107	7.59
21/1/58	0.1428	-0.0002	7.6972	7.74
22/1/58	0.0450	0.0003	7.7729	7.69
26/1/58	0.0590	0.0842	7.9243	7.59
28/1/58	0.0928	0.0819	8.2271	7.72
31/1/58	0.1580	0.1709	7.5079	7.76

ตารางที่ ข.20 ความเข้มข้นของสารประกอบในโตรเจนระหว่างการบ่มตะกอนจุลินทรีย์ P6-¹²C รอบ 3 (มีการปล่อยตะกอนออกไปกับน้ำทิ้ง) ความเข้มข้นเริ่มต้น 7 มก.ไนโตรเจน/ลิตร

P6- ¹³ C (70 มก.ไนโตรเจน/ลิตร, รอบ 3)				
วันที่ทำ	แอมโมเนีย (มก.	ไนไตรต์ (มก.	ไนเตรต (มก.	ค่าความเป็น
การทดลอง	ในโตรเจน/ลิตร)	ในโตรเจน/ลิตร)	ไนโตรเจน/ลิตร)	กรดด่าง
18/12/57	5.0629	0.0135	2.5496	7.99
19/12/57	12.3876	0.2114	1.7169	7.84
20/12/57	12.9116	0.3763	2.4890	8.02
21/12/57	19.5143	6.1835	9.9682	6.87
22/12/57	13.7384	15.5731	17.7653	7.13
23/12/57	6.3438	9.4978	53.1552	7.38
24/12/57	0.4281	0.1709	74.1620	7.42
25/12/57	0.4281	15.4818	39.6427	6.50
26/12/57	0.4747	2.7436	51.7547	6.78
28/12/57	5.2026	0.7071	51.7547	6.11
30/12/57	19.2115	0.3135	48.5375	6.81
21/1/58	22.2742	0.8281	45.0174	7.44
22/1/58	20.2479	0.2531	53.0416	5.55
6/1/58	14.7224	0.0882	59.5140	6.57
8/1/58	0.4747	0.3215	74.4648	6.47
10/1/58	2.5010	7.7237	110.2332	6.89
13/1/58	7.7179	1.6427	68.7873	6.70
15/1/58	0.2651	1.7111	78.6283	5.68
16/1/58	0.1766	1.7568	78.4391	6.58
17/1/58	0.1359	0.0967	62.3528	6.36
19/1/58	0.0741	0.0511	66.1378	6.45
21/1/58	0.1475	0.2240	80.1423	7.18
22/1/58	0.0706	0.0021	109.6654	6.57

ตารางที่ ข.21 ความเข้มข้นของสารประกอบในโตรเจนระหว่างการบ่มตะกอนจุลินทรีย์ P6-¹³C รอบ 3 ความเข้มข้นเริ่มต้น 70 มก.ในโตรเจน/ลิตร
P6- ¹² C (70 มก.ไนโตรเจน/ลิตร, รอบ 3)				
วันที่ทำ	แอมโมเนีย (มก.	ไนไตรต์ (มก.	ไนเตรต (มก.	ค่าความเป็น
การทดลอง	ในโตรเจน/ลิตร)	ไนโตรเจน/ลิตร)	ในโตรเจน/ลิตร)	กรดด่าง
18/12/57	4.7834	0.0118	2.3225	8.15
19/12/57	11.8985	0.1937	2.3603	8.11
20/12/57	16.0674	0.3306	2.5155	8.19
21/12/57	19.5027	4.0671	7.3944	7.28
22/12/57	15.2522	17.9690	21.2475	6.96
23/12/57	8.2070	48.1743	5.1310	7.43
24/12/57	0.3233	0.0511	73.7078	7.20
25/12/57	0.1254	1.2890	75.2218	6.62
26/12/57	0.0625	1.5970	53.4580	6.52
28/12/57	2.8037	0.4847	45.6987	6.02
30/12/57	15.7763	0.1424	49.4837	7.12
21/1/58	15.3803	0.2645	54.3285	6.85
22/1/58	18.3382	0.1732	57.0537	5.46
6/1/58	9.3366	0.0967	65.3808	6.78
8/1/58	0.1487	0.0021	71.6260	6.79
10/1/58	2.6174	7.7009	110.4224	6.70
13/1/58	10.0469	0.1692	70.1120	7.63
15/1/58	0.1720	0.1481	77.4928	5.41
16/1/58	0.1289	0.1025	74.4648	6.70
17/1/58	0.1312	0.0397	58.9463	6.37
19/1/58	0.0881	0.0340	63.2990	6.46
21/1/58	0.0718	0.1601	82.6026	7.23
22/1/58	0.0753	0.1538	84.6843	6.75

ตารางที่ ข.22 ความเข้มข้นของสารประกอบในโตรเจนระหว่างการบ่มตะกอนจุลินทรีย์ P6-¹²C รอบ 3 ความเข้มข้นเริ่มต้น 70 มก.ในโตรเจน/ลิตร

P6- ¹³ C (ไม่เติมแอมโมเนีย)				
วันที่ทำ	แอมโมเนีย (มก.	ไนไตรต์ (มก.	ไนเตรต (มก.	ค่าความเป็น
การทดลอง	ไนโตรเจน/ลิตร)	ในโตรเจน/ลิตร)	ไนโตรเจน/ลิตร)	กรดด่าง
19/12/57	0.0543	0.0015	0.0129	7.25
20/12/57	0.1056	0.0003	0.1075	7.12
21/12/57	0.0811	0.0003	0.1113	7.35
22/12/57	0.0660	0.0009	0.0810	7.35
23/12/57	0.0648	-0.0008	0.2218	7.34
24/12/57	0.0741	0.0009	0.0023	7.91
26/12/57	0.0846	0.0009	0.0326	7.47
28/12/57	0.0660	0.0003	0.0023	8.04
30/12/57	0.1056	0.0009	0.0363	7.73
1/12/57	0.0462	0.0003	0.0628	7.93
4/1/58	0.0660	0.0009	0.0174	7.85
6/1/58	0.0578	0.0002	0.0326	7.70
8/1/58	0.0497	0.0008	0.0061	7.85
10/1/58	0.1044	0.0002	0.0326	7.88
13/1/58	0.0555	0.0055	0.0212	7.53
15/1/58	0.0730	0.0002	0.0280	7.73
17/1/58	0.0520	0.0009	0.0280	7.83
19/1/58	0.0497	0.0003	0.0288	7.81
22/1/58	0.0462	0.0003	0.0318	7.93
26/1/58	0.0532	0.0002	0.0659	7.79

ตารางที่ ข.23 ความเข้มข้นของสารประกอบไนโตรเจนระหว่างการบ่มตะกอนจุลินทรีย์ P6-¹³C แบบ ไม่เติมแอมโมเนีย

P6- ¹² C (ไม่เติมแอมโมเนีย)				
วันที่ทำ	แอมโมเนีย (มก.	ไนไตรต์ (มก.	ไนเตรต (มก.	ค่าความเป็น
การทดลอง	ไนโตรเจน/ลิตร)	ในโตรเจน/ลิตร)	ไนโตรเจน/ลิตร)	กรดด่าง
19/12/57	0.0590	0.0015	0.0061	7.70
20/12/57	0.1021	0.0032	0.0886	7.75
21/12/57	0.0800	0.0055	0.0886	7.70
22/12/57	0.0543	0.0009	0.0431	7.59
23/12/57	0.0625	0.0003	0.0212	7.63
24/12/57	0.0637	0.0015	0.0893	7.84
26/12/57	0.0823	0.0021	0.0242	7.52
28/12/57	0.0613	0.0002	0.0129	8.06
30/12/57	0.0741	0.0009	0.0174	7.81
1/12/57	0.0637	0.0002	0.0439	7.90
4/1/58	0.0660	0.0003	0.0098	7.86
6/1/58	0.0648	0.0009	0.0288	7.86
8/1/58	0.0963	0.0008	0.0212	7.96
10/1/58	0.0473	0.0008	0.0250	7.87
13/1/58	0.0683	0.0032	0.0250	7.81
15/1/58	0.0555	0.0003	0.0129	7.77
17/1/58	0.0671	0.0026	0.1158	8.05
19/1/58	0.0625	0.0015	0.0356	7.86
22/1/58	0.0473	0.0009	0.0394	8.30
26/1/58	0.0427	0.0002	0.0583	7.81

ตารางที่ ข.24 ความเข้มข้นของสารประกอบไนโตรเจนระหว่างการบ่มตะกอนจุลินทรีย์ P6-¹²C แบบ ไม่เติมแอมโมเนีย

NAS- ¹² C (7 มก.ไนโตรเจน/ลิตร)				
วันที่ทำ	แอมโมเนีย (มก.	ไนไตรต์ (มก.	ไนเตรต (มก.	ค่าความเป็น
การทดลอง	ในโตรเจน/ลิตร)	ไนโตรเจน/ลิตร)	ในโตรเจน/ลิตร)	กรดด่าง
14/7/57	0.1685	0.0756	7.6972	7.27
17/7/57	0.2814	0.1458	9.9304	7.57
24/7/57	0.0415	0.0038	9.1355	7.39
25/7/57	0.0264	0.0002	8.7192	7.2
30/7/57	0.0590	0.0038	9.8925	7.28
2/7/57	0.0427	0.0003	8.3407	7.23
4/8/57	0.0928	0.0049	8.0946	7.21
6/8/57	0.1428	0.0739	7.8675	7.35
9/8/57	0.0660	0.0032	7.8107	7.42
12/8/57	0.0858	0.0032	7.9243	7.34
16/8/57	0.1102	0.0095	7.9243	7.34
18/8/57	0.0392	0.0009	8.4542	7.28
20/8/57	0.2663	0.0146	8.3407	7.28

ตารางที่ ข.25 ความเข้มข้นของสารประกอบไนโตรเจนระหว่างการบ่มตะกอนจุลินทรีย์ระบบไนตริ ฟายอิงแอคติเวตเต็จสลัดจ์ ¹³C ความเข้มข้นเริ่มต้น 7 มก.ไนโตรเจน/ลิตร

> จุหาลงกรณ์มหาวิทยาลัย Chulalongkorn University

NAS- ¹² C (7 มก.ไนโตรเจน/ลิตร)				
วันที่ทำ	แอมโมเนีย (มก.	ไนไตรต์ (มก.	ไนเตรต (มก.	ค่าความเป็น
การทดลอง	ไนโตรเจน/ลิตร)	ไนโตรเจน/ลิตร)	ในโตรเจน/ลิตร)	กรดด่าง
14/7/57	0.1067	0.1487	8.2650	7.51
17/7/57	0.1498	0.1093	8.3407	7.61
24/7/57	0.0602	0.0505	8.9463	7.38
25/7/57	0.0241	0.0003	8.8327	7.37
30/7/57	0.0532	0.0009	8.5299	7.44
2/7/57	0.0508	0.0003	8.8706	7.44
4/8/57	0.2511	0.0015	7.8107	7.58
6/8/57	0.0858	0.0021	8.0000	7.49
9/8/57	0.0497	0.0003	7.8297	7.84
12/8/57	0.0625	0.0015	8.0000	7.65
16/8/57	0.0904	0.0015	8.6435	7.54
18/8/57	0.0834	0.0009	9.5519	7.38
20/8/57	0.0834	0.0106	9.2869	7.41

ตารางที่ ข.26 ความเข้มข้นของสารประกอบไนโตรเจนระหว่างการบ่มตะกอนจุลินทรีย์ระบบไนตริ ฟายอิงแอคติเวตเต็จสลัดจ์ ¹²C ความเข้มข้นเริ่มต้น 7 มก.ไนโตรเจน/ลิตร

> จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย Chulalongkorn University

## ประวัติผู้เขียนวิทยานิพนธ์

นางสาวปรียาภรณ์ พรกุลวัฒน์ เกิดวันที่ 27 เมษายน พ.ศ. 2531 จังหวัด กรุงเทพมหานคร

สำเร็จการศึกษาปริญญาวิทยาศาสตรบัณฑิต สาขาเคมี คณะวิทยาศาสตร์ จุฬาลงกรณ์ มหาวิทยาลัย ในปีการศึกษา 2553

โดยเข้าศึกษาต่อหลักสูตรวิศวกรรมศาสตรมหาบัณฑิต ภาควิชาวิศวกรรมสิ่งแวดล้อม จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย ในปีการศึกษา 2554



Chulalongkorn University