



하수슬러지로부터 페놀분해세균의 분리 및 동정에 관한 연구

김영준, 이석원, 한기봉
가톨릭대학교 생명공학부 환경공학전공
(2004년 2월 9일 접수, 2004년 3월 15일 채택)

Isolation and identification of a phenol-degrading bacterium from the sewage sludge

Young-Jun Kim, Suk-Won Lee, Gee-Bong Han

Division of Biotechnology, The Catholic University of Korea, Puchon 420-743, Korea

ABSTRACT

A bacterium which grow on phenol as an only carbon and energy source was isolated from the sewage sludge at Nangi municipal wastewater treatment plant in Seoul. This bacterium was found to be a Gram negative rod with high motility, and well grew on 0.05%, 0.1%, and 0.15% of phenol. No matching strain was found from the result of the BBL test. Phylogenetic analysis of the strain by comparison of the 16s-rDNA has revealed that this bacterium has 99% of similarity with *Stenotrophomonas maltophilia* strain of *Xanthomonas* group, which belongs to the Gamma (γ) subdivision of Proteobacteria. This strain has also shown 98% of similarity with nitrogen fixing bacterium MAGDE3 and *Pseudomonas cissicola* strain, and 97% of similarity with *Stenotrophomonas* sp. LMG198 and *Xanthomonas cucurbitae*.

Key Words: Phenol-degrading Bacterium, *Stenotrophomonas maltophilia*, *Xanthomonas*, Sewage sludge.

초 록

난지도 하수처리장내 슬러지로부터 페놀을 유일한 탄소 및 에너지원으로 이용하는 세균을 분리하여 그 특성을 조사하고 동정하였다. 본 세균은 그람 음성 구균으로 운동성을 가지며 페놀의 농도가 0.05%, 0.10%, 0.15%인 배지에서 성장을 보였으며, BBL Test를 실시한 결과 유사성을 가진 세균이 나타나지 않았다.

세균의 계통분류학적 분석을 위하여 세균의 염색체로부터 16s rDNA를 클로닝한 후 DNA 염기서열을 파악하고 이를 비교 및 분석한 결과 본 세균은 Proteobacteria의 Gamma (γ) Subdivision에 속한 *Xanthomonas* Group의 *Stenotrophomonas maltophilia* strain과 99%의 유사성을 보이는 것으로 나타났다.

다. 또한 Nitrogen-Fixing bacterium MAGDE3, *Pseudomonas cissicola* strain과는 98%의 상동성을, *Stenotrophomonas* sp. LMG 198, *Xanthomonas cucurbitae*과는 97%의 상동성을 보였다.

핵심용어 : 슬러지, 폐놀분해세균, *Stenotrophomonas maltophilia*, *Xanthomonas*.

1. 서론

20세기 중반 이후 환경오염이 급격히 증가하면서 환경에 대한 관심이 증가되고 있다. 특히 토양, 수질오염은 점점 악화되어가고 있는 실정이다. 이러한 환경오염을 극복하는 방법으로 오염물질의 희석 또는 소량 제거하는 방법을 20세기부터 꾸준히 지속시켜 왔지만 뚜렷한 성과를 거두고 있지 못하고 있다. 환경오염을 줄이기 위해서 또 다른 오염물질을 배출시키는 악순환이 반복되고 있기 때문이다. 이를 해결하기 위해서 21세기에는 보다 친환경적이며 효율적인 방법을 이용하여야 할 것이다. 그 중에서도 특히 자연계에 존재하고 있는 미생물을 이용하는 방법을 이용하는 것이 대두되고 있는 추세이다. 특히 토양에 계속 축적되어지고 있는 인공합성물질(Xenobiotics)이야말로 해결해야 할 큰 과제로 부각되어지고 있다. 농약, 플라스틱, 광산의 산성폐수, 중금속 등 이전에는 존재하지 않았던 새로운 인공합성물질들은 인간에 의해 오랫동안 토양, 수질 등에 축적되어 왔으며 분해가 일어나지 않았다. 이러한 인공합성물질들을 생분해 (Bioremediation)시키기 위해 자연계에 살고 있던 토착 미생물 또는 분해능이 좋은 유전 공학적 미생물 (Genetical Engineered Micro-organism : GEM)을 이용하여 생분해 (Bioremediation)시키는 방법이 효과적일 것이다.¹⁾

인공합성물질들 중에서도 특히 난분해성 화합물인 방향족 탄화수소 화합물의 한 종류인 폐놀은 벤젠고리 구조를 가지고 있어 쉽게 자연계에서 분해되지 않고 있는 실정이다.^{2,3,4)} 이러한 폐놀은 정유 공장, 의약품 제조공업 등 여러 가지 산업의 공정 결과로 자연계로 유출되고 있으며 독성이 상당히 강하여 크레졸(Cresols), 알킬페놀(Alkylphenols), 자이레놀(Xylenols) 등의 화합 물질과 함께 미국

환경처(U.S. Environmental Protection Agency)에 의해 강력한 일차 오염물질로 구분되고 있다.⁵⁾ 근래에 와서는 국내에서도 폐놀에 의한 토양, 수질 등의 환경오염 피해가 더욱 증가되고 있어 인간의 생명과 자연 생태계를 위협하고 있다. 다행히 폐놀의 독성 물질들이 토양 토착미생물에 의해 생분해 (Bioremediation)되고 있음이 밝혀져 이에 대한 관심이 고조되고 있다.^{6,7,8,9)}

폐놀 분해에 관여하는 세균들 중 대표적으로는 *Pseudomonas*와 *Ralstonia*(이전의 *Alcaligenes*), *Streptomyces* 등의 세균을 들 수 있다. 이들을 대상으로 한 연구는 주로 분해경로 및 조절 기작에 관한 생리, 효소학적 연구에 집중되어 있으며 현재 많은 연구가 진행된 상태이다. 본 연구는 난분해성 화합물인 폐놀의 생분해 (Bioremediation)를 위한 새로운 분해세균의 개발을 목적으로 세균은 여의도의 난지하수처리장내 하수슬러지로부터 폐놀분해 능력이 탁월한 세균을 분리·동정하였다. 분리·동정한 폐놀분해세균의 일반적인 생리학적 특성조사는 BBL test등의 방법으로 수행하였으며, 16s rDNA의 PCR 증폭과 클로닝 (Cloning), 염기서열분석 (Sequencing) 등의 분자생물학적 방법을 이용하여 계통분류학적 특성을 분석하였다.

2. 실험재료 및 방법

2.1 시료채취, 세균의 분리 및 배양

유용한 폐놀분해세균의 분리·동정을 위하여 2001년 10월 여의도의 난지하수처리장내 하수슬러지로부터 시료를 채취하였다. 채취한 토양시료를 희석시키기 위해 250ml 삼각 플라스크에 증류수 95ml와 토양시료 5g을 넣고 진탕 배양기 (Shaking Incubator)에서 30℃, 1시간동안 잘 섞

어주었다. 그리고 시료를 희석·도말하기 위하여 플라스크에 담긴 100ml의 배양액 중 0.1ml를 취하여 증류수 9.9ml이 담긴 Test Tube에 넣어 10-2, 10-4로 희석시켰다. 본 희석액을 폐놀농도를 달리한 M9 최소영양배지에 50 μ l, 100 μ l씩 도말하여 30°C, 48시간동안 배양하였다. 최소영양배지로 쓰인 M9 배지의 조성은 다음과 같다.¹⁰⁾ (per liter) : Na₂HPO₄, 6g; KH₂PO₄, 3g; NaCl, 0.5g; NH₄Cl, 1g; MgSO₄ · 7H₂O, 0.246g; CaCl₂ · 2H₂O, 15mg. 또한 M9 배지에 Trace Elements Solution을 1 l 당 5ml, Bacto-Agar를 2% 첨가하였다. Trace Elements Solution의 조성은 다음과 같다¹⁰⁾. (per liter) : ZnSO₄ · 7H₂O 0.01g; MnCl₂ · 4H₂O 0.003g; H₃BO₃ 0.03g; CoCl₂ · 6H₂O 0.02g; CuCl₂ · 6H₂O 0.79mg; NiCl₂ · 6H₂O 0.002g; Na₂MoO₄ · 2H₂O 0.003g; FeSO₄ 0.05g. 운동성 관찰을 위해 반고체배지로 LB (Luria-Bertani) 배지를 사용하였으며 그 조성은 다음과 같다.¹⁰⁾ (per liter) : Tryptone, 10g; Yeast extract, 5g; NaCl, 5g; 0.4% Agar. 16s-rDNA의 클로닝 실험을 위한 E. coli JM109의 배양을 위한 배지는 LB배지에 X-Gal (5-Bromo-4-chloro-3-indolyl- β -D-galactopyranoside), 50 μ g/ml; Ampicillin, 50 μ g/ml; IPTG (Isopropyl-1-thio- β -D-galactoside), 100 mM을 첨가하여 사용하였다.

2.2 세균의 동정실험

분리한 세균의 생리, 형태학적 동정을 하기 위한 실험으로 그람 양성, 음성 여부를 알아보기 위한 그람 염색법과, 세균의 운동성 여부를 관찰하는 motility test를 실행하였으며 BBL Crystal E/NF ID System을 이용하여 사용설명서의 방법에 따라 BBL test를 실시하였다.

2.3 염색체분리, 16s-rDNA의 cloning 및 염기서열 결정

분리한 세균의 계통진화학적 분류를 위하여 세균으로부터 염색체를 분리한 후 16s-rDNA를 PCR(Polymerase Chain Reaction)을 통하여

증폭하였다. 증폭을 위한 primer는 세균의 공통 primer인 9F (5'-GAGTTTGTATCCTGGCTCAG-3'), 1542R (5'-AGAAAGGAGGTGATCCAGCC-3')를 사용하였고 반응조건은 다음과 같다. Micro tube에 멸균된 증류수 62.5 μ l, Chromosomal DNA Template 3 μ l, 10X Buffer 10 μ l, 25mM MgCl₂ 6 μ l와 공통 primer를 각각 5 μ l씩 10 μ l로 총 부피 100 μ l PCR 완충액을 넣고 Gene Cyclor™ (BIO RAD)를 이용하여 증폭하였다. Pre-denaturation 과정으로 99°C에서 8분간 반응시킨 후, 5U/ μ l Taq Polymerase 0.5 μ l와 2.5mM dNTP 8 μ l를 첨가하고 2분간 반응을 더 진행시킨 다음, 94°C에서 1분간 변성작용 (Denaturation Step), 55°C에서 30초간 혼성과정 (Annealing Step), 72°C에서 2분간 중합반응과정 (Polymerization Step)의 세 가지 과정을 35회 반복시켰다. 이후 PCR 과정의 마지막 복제과정 (Post-polymerization Step)으로 72°C, 10분간 방치한 후 반응을 완료하였다. 증폭한 PCR의 산물은 2% Agarose Gel에 전기영동하여 약 1.5Kb의 크기에 해당하는 16s rDNA Band를 확인하였다. 증폭된 16s rDNA를 Chromosomal DNA로부터 순수분리하기 위해 DNA PrepMate™ II Kit (Bioneer. Co. Ltd)를 이용하여 Gel Purification 하였으며, 분리된 DNA 절편을 pGEM[®]-T Easy Vector System II (Promega)를 사용하여 vector에 ligation한 후, E. coli JM109 세균에 형질전환 하였다. 형질전환 후 mini-prep에 의해 확인된 positive colony로부터 Qiagen tip (Mini) Kit을 사용하여 Plasmid DNA를 순수 분리하였으며 분리된 plasmid는 서울대학교 기초과학공동기 기원 DNA Sequencing Laboratory에 의뢰하여 16s rDNA의 염기서열을 분석하였다.

2.4 16s-rDNA의 염기서열분석 및 계통도 작성

16s-rDNA의 염기서열은 미국 국립 의료 도서관 (UNITED STATES National Library of Medicine) Site에 있는 NCBI (National Center for Biotechnology Intormation)의 BLAST와

Biology Workbench를 이용하였으며, 계통분석을 위한 계통도의 작성은 Tree View Program을 사용하였다.

3. 결과

3.1 페놀분해세균의 분리 및 생리, 형태학적 특성 조사

여의도 난지하수처리장의 하수슬러지로부터 페놀분해세균을 분리하여 그 형태, 생리학적 특성을 조사하였다. 이 균주는 페놀이 0.05%, 0.10%, 0.15% 들어있는 M9 최소영양배지에서 48시간, 30°C의 배양 후 확실한 생장을 보임으로써 페놀을 유일한 탄소원으로 이용하고 있음을 알 수 있었다. 본 균주에 대한 그람염색결과 음성으로 나타남으로써 그람 음성균임이 확인 되었다. 균주의 운동성 관찰을 위해 미리 제작한 LB 반고체배지에서 30°C, 24시간동안 배양시키고 배양된 모양을 관찰하여 운동성의 여부를 파악하였다. 배양한지 20시간이 조금 경과되었을 때 플레이트의 전면에 균주의 콜로니가 3분의 2이상 덮이는 모습을 관찰할 수 있었다. 본 결과는 대조균으로 사용된 대장균과 비교하여 운동성이 매우 강한 면모를 보여준 결과라 할 수 있다.

본 균주의 다양한 물질대사능과 발효능 및 각종 생리학적, 효소학적 특징을 알아보기 위하여 미생물 동정에 사용되는 kit중 하나인 BBL test를 실시하였다 [Table 1]. BBL test의 결과 본 균주와 유사성을 갖는 세균은 나타나지 않았다.

3.2 16s-rDNA 염기서열 및 계통진화학적 분석

페놀분해세균에서 16s-rDNA를 Chromosomal DNA로부터 추출한 후 PCR증폭을 거쳤다. 이렇게 분리한 16s-rDNA의 크기는 일반적인 세균들의 16s-rDNA의 크기와 비슷한 1.5kb 정도였으며 전기영동을 통하여 확인할 수 있었다. PCR증폭된 16s rDNA 절편을 pGEM1-T Easy Vector에 cloning 한 후 그 염기서열을 파악하였다 [Fig. 1]. 16s rDNA의 염기서열은 Universal Primer 중 순방향 9F와 역방향 1542R의 두 가지 방향으로 읽어 분석하였다. 먼저 순방향 9F (5'-GAGTTTGATCCTGGCTCAG-3') Primer로부터 읽은 492개의 염기서열의 비교 및 분석결과 *Stenotrophomonas maltophilia* strain LMG 957, LMG 10882의 16S rDNA와 99%의 일치율을 나타냈다. 또한 역방향 1542R (5'-AGAAAGGAGGTGATCCAGCC-3')

[Table 1] Physiological and biochemical characteristics of the isolated strain

oxidase	arabinose	mannose	sucrose	melibiose
+	+	+	+	+
rhamnose	sorbitol	mannitol	adonitol	galactose
+	+	+	+	+
inositol	p-nitrophenylic acid	p-nitrophenyl α - β -glucoside	p-nitrophenyl galactoside	proline nitroanilide
+	-	+	+	+
p-nitrophenyl bis-hosphate	p-nitrophenyl xyloside	p-nitrophenyl α -arabinoside	p-nitrophenyl phosphoryl choline	p-nitrophenyl β -glucuronide
+	+	+	-	-
lysine	L- α -glutamyl p-nitroanilide	esculin	phenyl alanine	urea
+	+	+	-	+
glycine	citrate	malonate	tetrazolium	arginine
-	+	+	+	-

Primer로부터 읽은 473개의 염기서열 [Fig. 1]의 비교 및 분석결과 *Stenotrophomonas maltophilia* strain LMG 957, 958-T, 981, 10879, 11087 등의 16S rDNA와 99%의 일치율을 나타내었다.

분리된 균주의 계통수를 분석하기 위하여 NCBI (National Center for Biotechnology Information)의 BLAST와 Biology WorkBench 3.2의 Nucleic Tools를 이용하여 16S rDNA의 염기서열이 유사한 세균 24종을 비교, 분석하였다. 본 비교에 이용된 세균은 *Stenotrophomonas maltophilia* strain과 *Stenotrophomonas* sp. LMG 198, *Corynebacterium* sp. T14433, *Serratia marcescens* strain, *Burkholderia cepacia* genom, *Enterobacter cloacae* strain,

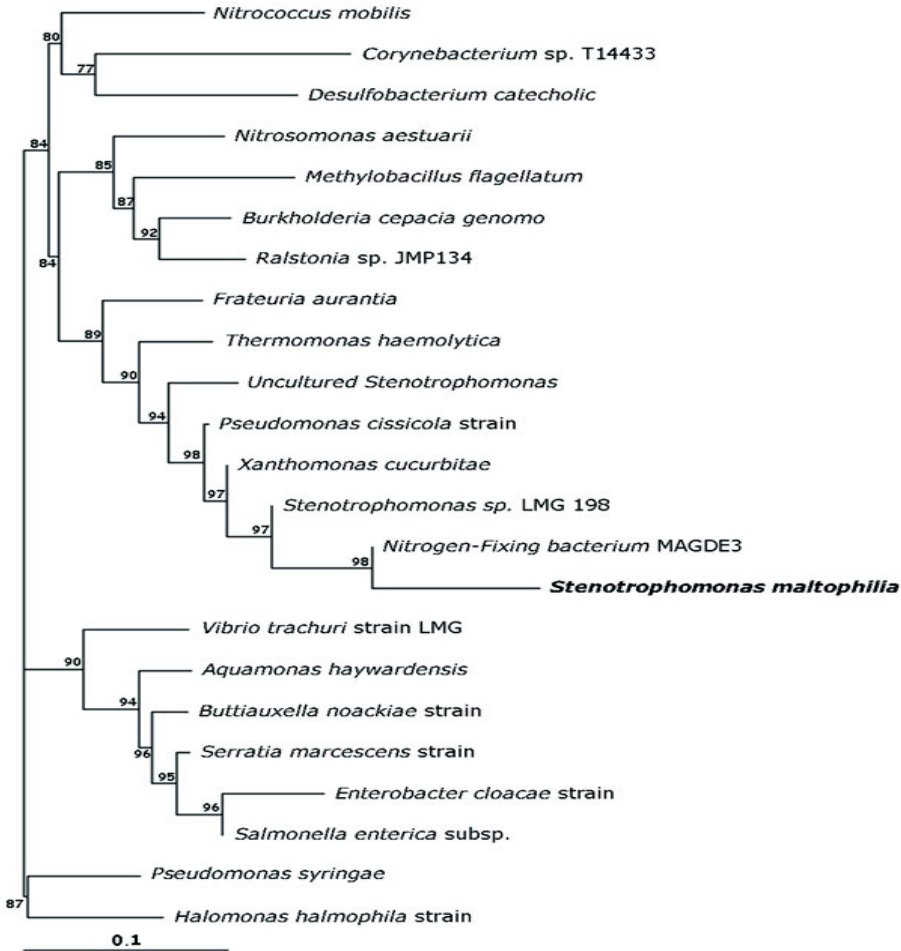
Vibrio trachuri strain LMG, *Pseudomonas syringae* pv. er, *Ralstonia* sp. JMP134, *Desulfobacterium catecholic*, *Nitrosomonas aestuarii*, *Buttiauxella noackiae* strain, *Methylobacillus flagellatum*, *Halomonas halmophila* strain, *Salmonella enterica* subsp., *Nitrococcus mobilis*, *Aquamonas haywardensis*, *Xanthomonas cucurbitae*, *Nitrogen-Fixing bacterium* MAGDE3, *Pseudomonas cissicola* strain, *Thermomonas haemolytica*, *Frateruia aurantia*, *Uncultured Stenotrophomonas* 등이며 이들 24개의 16S rDNA 염기서열을 비교 및 분석하여 계통도 (Dendrogram)를 제작하였다.[Fig. 2] 계통분류학적 분석에 따르면 본 연구에서 분리된 폐놀분해

LOCUS BASE COUNT ORIGIN	9F 122 A	492bp 118 C	DNA 163 G	89 T		
1	GCGGTAGGCC	TAACACATGC	AAGTCGAACG	GCAGCACAGG	AGAGCTTGCT	CTTTGGGTGG
61	CGAGTGGCGG	ACGGGTGAGG	AATACATCGG	AATCTACTCT	GTCGTGGGGG	ATAACGTAGG
121	GAAACTTACG	CTAATACCGC	ATACGACCTA	CGGGTCAAAG	CAGGGGACCT	TCGGGCCTTG
181	CGCGATTGAA	TGAGCCGATG	TCGGATTAGC	TAGTTGGCGG	GGTAAAGGCC	CACCAAGGCG
241	ACGATCCGTA	GCTGGTCTGA	GAGGATGATC	AGCCACACTG	GAACTGAGAC	ACGGCCAGAA
301	CTCCTACGGG	AGGCAGCAGT	GGGAATATT	GGACAATGGG	CGCAAGCCTG	ATCCAGCCAT
361	ACCGCGTGGG	TGAAGAAGGC	CTTCGGGTTG	TAAAGCCCTT	TTGTTGGGAA	AGAAATCCAG
421	CCGGCTAATA	CCCGGTTGGG	ATGACGGTAC	CCAAAGAATA	AGCACC GGCT	AACTTCGTGC
481	CAGCAGCCGC	GG				

LOCUS BASE COUNT ORIGIN	1542R 110 A	473bp 123 C	DNA 145 G	94 T		
1	CACAGGTGCT	GCATGGCTGT	CGTCAGCTCG	TGTCGTGAGA	NGTTGGGTTA	AGTCCCGCAA
61	CGAGCGCAAC	CCTTGTCTTT	AGTTGCCAGC	ACGTAATGGT	GGAACTCTA	AGGAGACCGC
121	CGGTGACAAA	CCGGAGGAAG	GTGGGGATGA	CGTCAAGTCA	TCATGGCCCT	TACGGCCAGG
181	GCTACACACG	TACTACAATG	GTAGGGACAG	AGGGCTGCAA	GCCGGCGACG	GTAAGCCAAT
241	CCCAGAAACC	CTATCTCAGT	CCGGATTGGA	GTCTGCAACT	CGACTCCATG	AAGTCGGAAT
301	CGTAGTAAT	CGCAGATCAG	CATTGCTGCG	GTGAATACGT	TCCCGGCCT	TGTACACACC
361	GCCCGTCACA	CCATGGGAGT	TTGTTGCACC	AGAAGCAGGT	AGCTTAACCT	TCGGGAGGGC
421	GCTTGCCACG	GTGTGGCCGA	TGACTGGGGT	GAAGTCGTAA	CAAGGTAGCC	GTA

//

[Fig1] *Stenotrophomonas Maltophilia* strain의 Partial 16S rDNA Sequencing Data.



[Fig. 2] 폐놀분해세균 *Stenotrophomonas Maltophilia*과 다른 종들간의 16s rDNA 염기 서열 분석을 통해 제작한 계통도.

세균은 Gamma (γ) Subdivision에 속하며 그 하위범주인 Xanthomonas group내 Stenotrophomonas maltophilia의 strain으로 밝혀졌다.

4. 고찰

본 연구에서는 하수슬러지로부터 난분해성 물질을 분해하는 미생물을 분리할 목적으로 우선 폐놀 분해가 가능한 세균을 분리, 동정하였다. 폐놀은 그 자체가 대표적 환경오염물질이며 폐놀과 같은 방향족 화합물을 분해하는 세균들 중에는 폐놀분

해경로를 이용하여 삼염화에틸렌(TCE)같은 독성이 더욱 높은 물질을 분해하는 능력도 갖추고 있는 것으로 보고되고 있기에 폐놀분해세균에 대한 분리 및 특징에 관한 연구의 의의가 크다고 할 수 있을 것이다.¹¹⁾ 본 연구에서 밝혀진 세균은 16s rDNA를 이용한 분석에서 Stenotrophomonas Maltophilia strain와 99%의 유사성을 보임으로써 S. Maltophilia sp. 의 일종인 것으로 추정되어진다.

S. Maltophilia sp. 세균은 일반적으로 항생제에 대한 광범위한 내성을 지니고 있으며 병원에서 주

로 분리되어지는 세균으로 알려져 있으나 최근 김 (2000), 오(2000) 등은 본 세균이 아닐린 및 TNT를 분해하는 세균으로 동정된 바 있어 병원뿐 아니라 자연계에서도 본 세균의 방향족 화합물에 대한 광범위한 분해능력이 있음을 보여주고 있다.^{12,13)} 따라서 본 연구에서 분리한 세균이 페놀 뿐아니라 위에서 열거한 다른 난분해성 방향족 화합물도 분해하는지의 여부도 관심사가 될 수 있을 것이다. 본 세균의 활발한 운동성 특징으로 보아 여러 유기물질들을 다양하게 분해할 수 있으리라 추측되어 진다. 다른 연구에 의하면 본 세균의 종은 토양내에도 널리 분포되어 있으며 오염된 토양의 복원 및 폐수처리시 유용한 세균으로도 이용되고 있음이 밝혀지고 있어 본 세균에 대한 관심을 고조시키고 있다 하겠다.¹⁴⁾

본 연구에서 분리된 세균은 또한 질소고정세균인 Nitrogen-Fixing bacterium MAGDE3과도 밀접한 관계가 있음이 밝혀져 이 부분과의 관련성과 함께 본 세균을 생분해에 적용하기 위해서 보다 세밀한 유전학적, 생리학적 연구가 뒷받침되어야 할 것이다.

감사의 글

본 연구는 2002년도 가톨릭대학교 교비연구비의 지원으로 이루어진 것으로써 이에 감사 드립니다.

참고문헌

1. 안승구 외 8인, "환경미생물학", 신광문화사, pp. 355~383(1995).
2. Mitchell, R, "Water pollution microbiology", Wiley Interscience, New York, (1972).
3. Rand, G. M., and S. R. Petrocelli, 1985. "Fundamentals of aquatic toxicology", Hemisphere Publishing Corporation, Washington, (1985).
4. 박성주 외 4인, "16s rDNA 염기서열에 의한

- 청정지역 및 공단지역 내 식물잎권의 내산성 세균 군집의 다양성", Appl. J. Kor. Microbiology., pp. 265~272(2001).
5. Johnson, L. D., and R. H. James, "Sampling and analysis of hazardous wastes" In H. M. Freeman (ed.), Standard handbook of hazardous waste treatment and disposal, McGraw-Hill Book Co., New York., pp. 13.3~13.44 (1989).
6. Antai, S. P., and D. L. Cravford, "Degradation of phenol by Streptomyces setonii", Can. J. Microbiol. 29., pp. 142~143 (1983).
7. Bartilson, M., I. Nordlund, and V. Shingler, 1990. "Location and organization of the dimethylphenol catabolic genes of Pseudomonas CF600", Mol. Gen. Genet. 220, pp. 294~300 (1990).
8. Gurujeyalakshmi, G., and P. Oriol, "Isolation of phenol-degrading Bacillus steraothermophilus and partial characterization of the phenol hydroxylase", Appl. Environ. Microbiol. 55, pp. 500~502 (1989).
9. Hughes, E. J. L., and R. C. Bayly, 1983. "Control of catechol meta-cleavage pathway in Alcaligenes eutrophus", J. Bacteriol. 154, pp. 1363~1370 (1983).
10. 윤병수, "분자생물학 연구방법론 II", 경기대학교 연구지원팀, pp. 103~368 (1999).
11. Kim, Y. J., "A Recombinant Approach to The Isolation and Characterization of a Primary Degradation of Trichloroethylene", Thesis for Ph.D., Oklahoma State University, pp. 2~10 (1993).
12. 김현주 외 6인, "아닐린 분해 세균인 Stenotrophomonas maltophilia의 분리 및 특성", 산업미생물학회지 28(2), pp. 202~205 (2000).
13. 오계현 외 3인, "TNT-분해세균에 의한

s-Triazine계 제초제인 Atrazine과 Simazine의 미생물학적 분해", Appl. J. Kor. Microbiology., pp. 209~215 (2000).

14. Miles Denton & Kevin G. Kerr, "Microbial

and Clinical Aspects of Infection Associated with *Stenotrophomonas maltophilia*", Clinical Microbiology Reviews. pp. 57~80 (2000). 