

B316 Effects of Surfactants on Biodegradation of Phenanthrene by *Sphingomonas* sp. KH3-2

Woo Young Choi*, Sung-Hwan Ko, Hong Kum Lee, and Sang-jin Kim
Microbiology Lab., Korea Ocean Research & Development Institute

Sphingomonas sp. KH3-2 is capable of use the phenanthrene as a sole carbon source. Because of the strain KH3-2 has low hydrophobicity and emulsifying activity, the biodegradation rate of phenanthrene by the strain which could be used only dissolved phenanthrene was very low. In this study, an effect of several surfactants addition was investigated to increase the biodegradation rate of phenanthrene. Surfactants used were Triton X-100, Tween 20, Tween 80, Brij 35, and SDS and their CMCs(Critical Micelle Concentration) were 0.015%(v/v), 0.015%(v/v), 0.075% (v/v), 0.015%(v/v), and 0.025%(v/v) in MM2 medium, respectively. Tween 20 and Tween 80 have no toxic effect on the growth of strain KH3-2. However, Triton X-100, Brij 35, and SDS were affected on the growth. In case of the surfactants addition in MM2 medium containing 300 ppm phenanthrene, the biodegradation rate of phenanthrene was enhanced in all case. It seems that the enhancing the solubility of phenanthrene by addition of surfactants is more important than the toxic effect on the growth of *Sphingomonas* sp. KH3-2 which only used phenanthrene dissolved in aqueous phase.

B317 토양세균 군집의 16S rDNA 제한효소 지문 분석

김유영^{1*}, 송인근¹, 조흥범², 최영길¹

¹한양대학교 자연과학대학 생물학과, 서울대학교 분자미생물학연구센터, ²서경대학교 이공대학 생물공학과,

식생이 서로 다른 토양 시료로 부터 DNA를 추출한 후, PCR을 이용하여 16S rDNA를 증폭하고, 제한효소 지문 분석을 시도함으로써, 서로 다른 토양 환경간에 군집 수준의 유전형적 다양성과 변화 양상에 대한 평가 가능성을 검토하였다. 시료는 나지, 초지, 경작지 그리고 소나무, 신갈나무 식생 토양을 대상으로 하였으며, 이들 각각으로 부터 DNA를 직접 추출하고 동시에 각 토양 시료의 LB 배양액으로 부터 DNA를 추출하여, universal primer로 증폭시킨 결과 모든 시료로 부터 약 1.3kb의 cDNA를 얻었다. 제한효소 지문 분석을 위해 *Pa*II, *Hpa*II, *Sau*3A, *Rsa*I 등의 제한효소를 처리하였고, 시료에 따라 5-15개의 band pattern을 나타냄으로써 서로 다른 환경의 토양은 각각 독특한 ARDRA(Amplified Ribosomal DNA Restriction Analysis) pattern을 나타내었으며, 동일 토양에서 직접 DNA를 추출한 경우와 배양 가능한 토양세균 consortium의 경우에 서로 상이한 양상을 나타내었다. 토양으로 부터 직접 추출한 DNA로 부터 분석되는 ARDRA pattern은 고전적 분석 방법의 편향된 군집 분석의 한계를 극복할 수 있을 것으로 보이며, DNA:DNA hybridization 기법의 병행을 통해서 토양 세균 군집간의 유사도, 상대적 종 다양성 등을 비교 분석할 수 있을 것으로 사료된다.