



بررسی اصلاح زیستی فنل به وسیله باکتری های بومی جدا شده از آب

ورسوبات دریاچه پریشان

دکتر فرشید کفیل زاده^{۱*}، محمدصادق فرهنگ دوست^۱، عباسعلی رضاییان جهرمی^۱، دکتر امیراشکان مهجور^۱

^۱گروه میکروبیولوژی، دانشگاه آزاد اسلامی واحد جهرم

چکیده

مقدمه و هدف: فنل و مشتقات آن ترکیباتی به شدت سمی می باشد که به راحتی می توان آنها را از پساب های صنایع مختلفی مانند پالایشگاه های نفت، صنایع پتروشیمی، معادن به ویژه زغال سنگ و کارخانه های مواد شیمیایی جداسازی کرد. به همین دلیل ورود این مواد به محیط زیست باعث آلودگی های شدید زیست محیطی به ویژه منابع آبی می شود. در گذشته از روش های فیزیکوشیمیایی برای حذف فنل و مشتقات آن استفاده می شد اما امروزه تصفیه زیستی در اولویت قرار دارد. هدف از این پژوهش، شناسایی وجداسازی باکتری های تجزیه کننده فنل از دریاچه پریشان و بررسی سینتیک رشد آنها می باشد.

روش کار: ۶۰ نمونه از مناطق مختلف دریاچه پریشان جمع آوری گردید. جداسازی باکتری های تجزیه کننده فنل با کشت نمونه ها بر روی محیط پایه نمکی فنل برات انجام شد. برای غربالگری باکتری های تجزیه کننده فنل معرف برموتیمول بلو به محیط اضافه گردید در نهایت با کشت باکتری ها در غلظت های ۰/۲ تا ۰/۹ گرم در لیتر فنل، توانایی تجزیه زیستی فنل اندازه گیری شد.

یافته ها: باکتری های کشت داده شده در محیط پایه نمکی فنل برات دارای معرف، رنگ محیط را به دلیل استفاده از فنل و کاهش pH از رنگ سبز به زرد تغییر داده بودند. سودوموناس، اسینتوباکتر، کلبسیلا، سیتروباکتر و شیگلا به ترتیب غالب ترین باکتری های تجزیه کننده فنل جدا شده از دریاچه پریشان بودند که فراوانی وسیعی را در قسمت های مختلف دریاچه داشتند. اکثر باکتری های جدا شده قدرت خوبی در تجزیه فنل نشان دادند به طوری که گونه های سودوموناس و اسینتوباکتر تا غلظت ۰/۸-۰/۹ گرم در لیتر، گونه های کلبسیلا، سیتروباکتر و شیگلا تا غلظت ۰/۶-۰/۷ گرم در لیتر فنل و بقیه تا غلظت حدود ۰/۲-۰/۳ گرم در لیتر توانایی تجزیه فنل را داشتند.

نتیجه گیری: یافته های این پژوهش نشان می دهد که دریاچه پریشان دارای تعداد زیادی از باکتری های تجزیه کننده فنل به ویژه جنس های سودوموناس و اسینتوباکتر است که قدرت تجزیه ای بالایی دارند.

واژگان کلیدی: فنل، تجزیه، سودوموناس، اسینتوباکتر، دریاچه پریشان

دریافت مقاله: زمستان ۸۸ پذیرش برای چاپ: بهار ۸۸

مقدمه

هیدروژنی با آب، کمی در آن انحلال پذیر است، (۹ گرم در ۱۰۰ گرم آب) (۲).

فنل و ترکیبات فنلی یکی از مهم ترین آلاینده های محیط زیست، خصوصا آب ها می باشند. مطالعات بر روی حیوانات و انسان نشان می دهد که فنل به طور مؤثری از طریق استنشاق و هضم، جذب می گردد. بخار فنل به آسانی از طریق پوست جذب می شود. فنل در محلول می تواند به آسانی از پوست عبور کند. متابولیسم فنل در بدن انسان در کبد و حتی در ریه و کلیه ها انجام

فنل ها ترکیباتی با فرمول عمومی ArOH می باشند که به شدت سمی بوده و در اشکال گوناگون و یا در ارتباط با عناصر دیگر به فراوانی یافت می شوند (۵). فنل های ساده، مایع یا جامدهایی با دمای ذوب پایین هستند، که بدلیل پیوند هیدروژنی دمای جوش بالایی دارند. خود فنل احتمالا به علت تشکیل پیوند

* آدرس برای مکاتبه: جهرم، دانشگاه آزاد اسلامی، گروه میکروبیولوژی
تلفن: ۰۹۱۷۱۱۴۰۷۹۹

پست الکترونیک: kafilzadeh@jia.ac.ir

می شود. فنل در محیط زیست سمی بوده و باعث کاهش فعالیت آنزیمی می شود و در غلظت های ۲۵-۵ میلی گرم در لیتر برای ماهی ها کشنده است. علاوه بر اثر مستقیم فنل که ممانعت کننده واکنش های بیولوژیک است ترکیبات فنلی، آلوده کننده های جدی برای رودخانه ها هستند (۱ و ۳).

ترکیبات فنلی در محیط زیست اثرات مضر هم چون کاهش رشد، کاهش مقاومت در برابر بیماری، مرگ و میر موجودات آبی و افزایش رشد گیاهان هرز را ایجاد می کنند و در صورت راه یابی آلودگی های فنلی به آب های زیر زمینی مسائل اکولوژیک جدی را ایجاد خواهد نمود. به همین دلیل مقدار مجاز فنل در خروجی صنایع نبایستی از ۰/۵ میلی گرم در لیتر بیشتر باشد. با توجه به موارد یاد شده حذف فنل از محیط زیست به ویژه آب و منابع آبی اهمیت زیادی دارد. معمولا تجزیه فنل به وسیله روش های فیزیکوشیمیایی انجام می شود، اما این روش ها هزینه بر بوده و واسطه های خطرناک تولید می کنند. به همین دلیل در حال حاضر تجزیه بیولوژیک فنل مورد توجه قرار گرفته است (۱).

تاکنون میکروارگانسیم های متعددی شامل باکتری ها، مخمرها، قارچ ها و جلبک ها به عنوان عوامل تجزیه کننده ی فنل از منابع مختلف جداسازی شده اند. اما در این بین باکتری ها از اهمیت خاصی برخوردارند. از بین مخمرهای تجزیه کننده فنل *Phanerochaete chrysosporium*, *Trichosporon cutaneum*, *Candida tropicalis* و *Pleurotutus ostreatus* را نام برد. از انواع قارچ های تجزیه کننده ی فنل می توان *Aspergillus fumigatus*

مواد و روش ها

این مطالعه تجربی-آزمایشگاهی (laboratory experimental) در ۳ فصل پاییز، زمستان و بهار بر روی یکی از استثنائی ترین زیباترین دریاچه های آب شیرین ایران به نام دریاچه پریشان انجام شد. این دریاچه در موقعیت ۵۱ درجه و ۵۱ دقیقه طول شرقی و ۲۹ درجه و ۳۲ دقیقه و ۳۰ ثانیه عرض شمالی واقع شده و ارتفاع آن از سطح آب های آزاد ۸۲۰ متر است. حوزه آبریز این دریاچه ۲۶۶/۵ کیلومتر مربع وسعت دارد (شکل ۱).

نمونه گیری با ظروف کاملاً استریل و در هر بار نمونه گیری ۲۴ نمونه (۱۲ نمونه رسوب / ۱۲ نمونه آب) در کل ۷۲ نمونه، جمع آوری گردید. نمونه ها کمتر از مدت زمان ۶ ساعت و در فلاسک حاوی یخ به آزمایشگاه منتقل گردید.

الف) روش جداسازی باکتری های تجزیه کننده ی فنل: برای جداسازی باکتری ها از نمونه های رسوب، ۱۰ گرم از نمونه ی رسوب



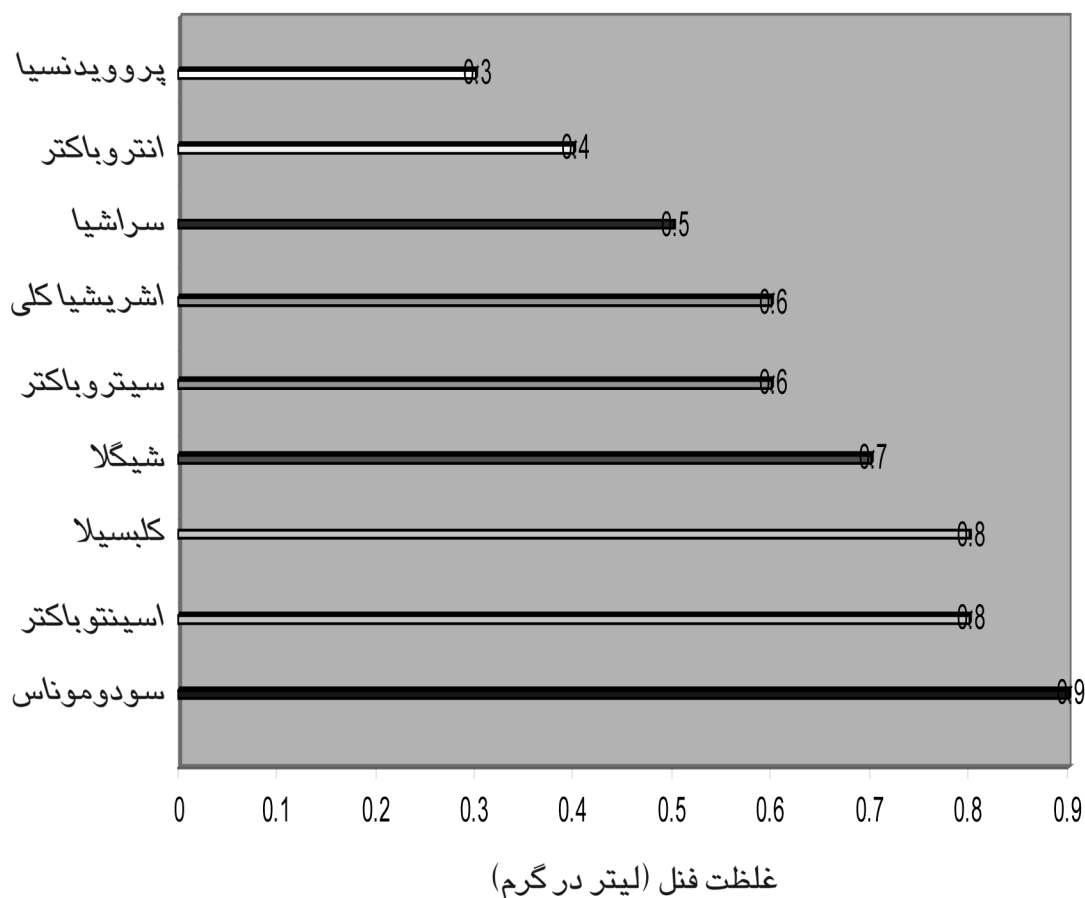
شکل ۱: عکس ماهواره ای دریاچه پریشان (برگرفته از google).

برای هر باکتری ۸ لوله از محیط فنل براث در نظر گرفته شد و غلظت های ۰/۲ تا ۰/۹ فنل به ترتیب به لوله ها اضافه شد. باکتری ها به مدت ۱ هفته با هوادهی منظم در انکوباتور با دمای ۳۰°C کشت داده شدند و پس از یک هفته لوله ها به منظور بررسی کدورت مورد بررسی قرار گرفتند (۷).

ج) سنجش حذف فنل توسط باکتری های جدا شده: برای ارزیابی حذف فنل توسط باکتری های تجزیه کننده جدا شده، روش گیبس به کار رفت. در این روش از معرف گیبس یا Dichloroquinone 4-4-chloroimide - 2 استفاده شد. این ترکیب پس از واکنش با فنل آبی رنگ می شود. نحوه ی انجام سنجش با معرف گیبس بدین صورت بود که ۱۵۰ میکرولیتر از مایع رویی محیط کشت پس از سانتریفوژ که pH آن برابر ۸ بود را با ۳۰ میکرولیتر از NaHCO_3 با pH ۸ مخلوط کرده و سپس ۲۰ میکرولیتر از معرف گیبس (۱ میلی گرم برلیتر) به مخلوط اضافه گردید. سپس به مدت ۴۵ - ۱۵ دقیقه در دمای اتاق با دستگاه ترمومیکسر آن را مخلوط و در نهایت در طول موج ۶۳۰ نانومتر جذب آن خوانده شد (۸).

با ۱۰۰ میلی لیتر از محیط کشت فنل براث مخلوط و به مدت یک هفته در دمای ۳۰°C و در گرمخانه ی شیکر دار قرار داده شد. پس از یک هفته ۱ میلی لیتر از این محیط به ۱۰۰ میلی لیتر محیط کشت جدید فنل براث تلقیح شد و به مدت ۱ هفته در حرارت ۳۰°C و با هوادهی و گرما گذاری گردید. پس از پاساژ دوم ۱ میلی لیتر به محیط کشت جدید فنل براث تلقیح شد و به مدت یک هفته در شرایط یاد شده انکوبه شد. این پاساژ دادن تا زمانی تکرار شد که کدورت به دست آمده ناشی از رشد باکتری و نه از کدورت رسوب مخلوط شده با اولین محیط کشت باشد. پس از پاساژ نهایی به صورت ایزوله روی محیط کشت فنل آگار کشت داده شد و کلنی خالص باکتری ها تهیه گردید. در مورد نمونه های آب روش کار مشابه بود با این تفاوت که مقدار اولیه ۱۰ میلی لیتر آب با ۱۰۰ میلی لیتر از محیط کشت فنل براث مخلوط و تمامی مراحل قبل تکرار گردید (۷).

ب) بررسی توانایی حذف فنل توسط باکتری ها: در این پژوهش برای بررسی توانایی حذف فنل توسط باکتری ها، از محیط پایه ی نمکی فنل براث با غلظت های مختلف فنل استفاده شد.



نمودار ۱: بررسی رشد سویه های ایزوله شده طی یک هفته.

بحث

تا کنون روش های گوناگونی برای حذف ترکیبات فنلی کشف شده است اما استفاده از باکتری ها یکی از روش های کارآمد و ارزان قیمت می تواند باشد. باکتری ها با تکثیر سریع در حضور فنل و ترکیبات آن توانایی فوق العاده ای را در حذف این ترکیبات نشان می دهند. بنابراین می توان با جداسازی، خالص سازی و تکثیر گونه هایی که توانایی بالایی در حذف این ترکیبات را دارند از آنها در مناطقی دارای آلاینده های فنلی استفاده کرد. باکتری های مختلفی از جنس های گوناگون به عنوان تجزیه کننده فنل جداسازی شده اند. اکثر این باکتری ها، گرم منفی هستند و بیشتر متعلق به خانواده سودوموناسه (*Pseudomonaceae*) می باشند.

Koutny و همکاران در سال ۲۰۰۳ طی تحقیق باکتری های تجزیه کننده فنل را از خاک های سیبری جداسازی کردند. آنها به این نتیجه رسیدند که جنس غالب در تجزیه فنل در این خاک ها *Pseudomonas putida* می باشد. همچنین سایر پژوهشگران مانند Sayers و Williams، shingler و Powolowski در سال ۱۹۹۴ و Torres و همکاران در سال ۱۹۹۸ پراکنش گسترده آنها در خاک ها و قابلیت تجزیه فنل یا ترکیبات فنلی به اثبات رسانیدند. نتایج تحقیقات ما نیز این یافته ها را تأیید می کند (۱۰، ۱۱ و ۱۲).

Whiteley و همکاران در سال ۲۰۰۱ ویژگی های اکولوژیک و فیزیولوژیک سویه های سودوموناس را در داخل سیستم های حذف فنل مورد بررسی قرار دادند. آنها به این نتیجه رسیدند که تنوع مشاهده شده احتمال پیچیده بودن سیستم و حضور قابلیت های ژنوتیپی و فنوتیپی از گونه های *Pseudomonas* را تقویت می کند. آنها سویه *P. pseudoalcaligenes* را به عنوان جدایه اصلی

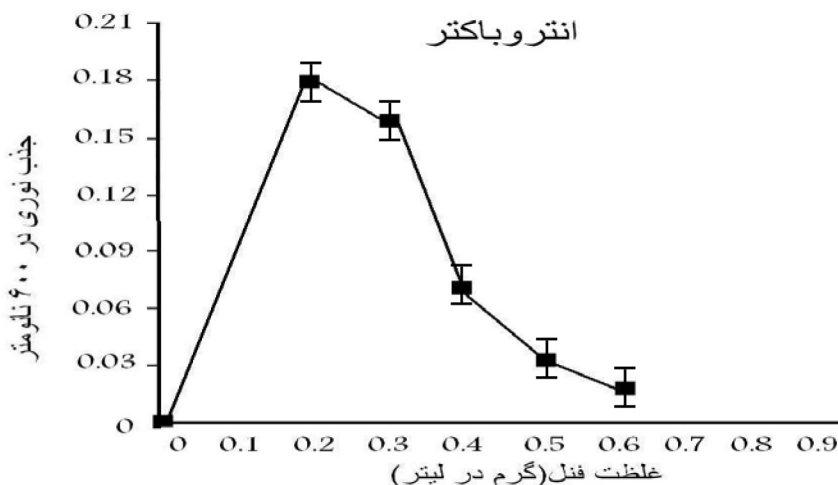
(د) ارزیابی رشد باکتری های جدا شده در غلظت های مختلف فنل بوسیله جذب نوری: در این روش بهترین سویه های تجزیه کننده فنل از بین باکتری های تجزیه کننده فنل با مطالعه جذب نوری جداسازی شدند. به این صورت که در ارلن های جداگانه به میزان ۲۰ میلی لیتر محیط کشت فنل برات (با غلظت های متفاوت فنل) ریخته شد. سپس به میزان ۵ میلی لیتر محیط کشت حاوی باکتری به هر کدام اضافه گردید. برای هر کدام از باکتری ها ۸ ارلن در نظر گرفته شد و در هر ارلن غلظت های ۰/۲ تا ۰/۹ فنل اضافه گردید. برای هر باکتری یک ارلن به صورت شاهد در نظر گرفته شد. در محیط شاهد تنها محیط کشت پایه بدون فنل با سویه مشخص وجود داشت. محیط ها به مدت ۲۴ ساعت در دمای ۳۰°C گرماگذاری و سپس جذب آنها در ۶۰۰ نانومتر خوانده شد (۹).

نتایج

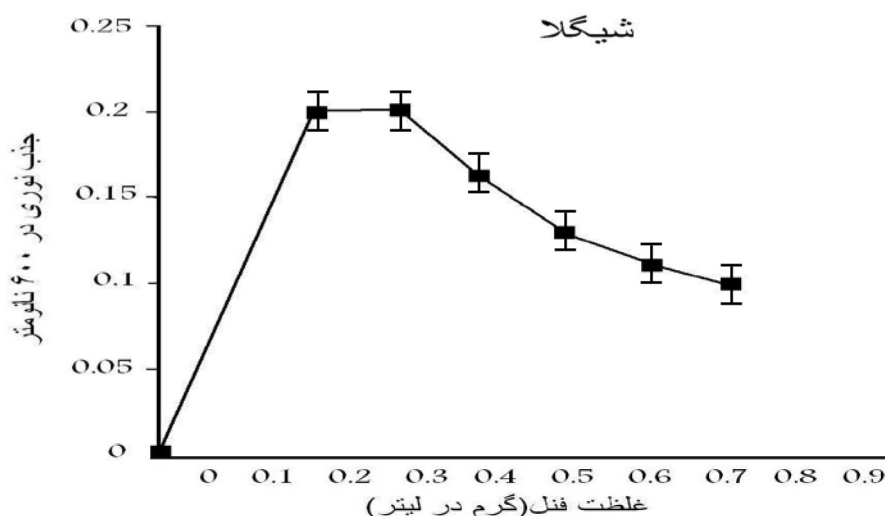
با بررسی رشد سویه های جدا شده طی یک هفته میزان توانایی باکتری ها در حذف فنل مورد بررسی قرار گرفت. با توجه به نمودار ۱ بیشترین میزان تجزیه فنل مربوط به جنس سودوموناس و کمترین میزان آن مربوط به جنس پروویدنسیا بود.

منحنی رشد سویه های مورد بررسی بر روی فنل نشان داد که تمامی سویه های جدا شده در غلظت ۰/۲ گرم بر لیتر فنل تقریباً الگوی رشد یکسانی دارند (نمودارهای ۲ و ۳).

با توجه به نمودار ۴ که برای کلیه سویه ها یکسان می باشد، بعد از ۲۴ ساعت از مقدار ۰/۲ مقدار ۰/۰۵ گرم بر لیتر فنل را باقی می گذارند و به حداکثر رشد می رسند و فنل پس از ۴۸ ساعت، به طور کامل حذف می گردد.



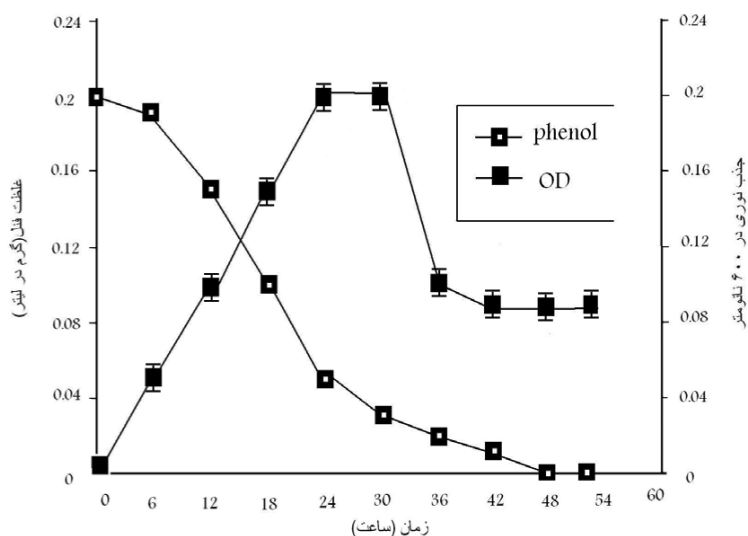
نمودار ۲: منحنی رشد جنس انتروباکتر. این باکتری در غلظت ۰/۲ گرم بر لیتر فنل بالاترین OD را نشان می دهد.



نمودار ۳: منحنی رشد جنس شیگلا. این باکتری در غلظت ۰/۲ گرم بر لیتر فنل بالاترین OD را نشان می دهد.

Eduardo و همکاران در سال ۲۰۰۰ باکتری *Alcaligenes faecalis* و مخمر *Candida tropicalis* را که قادر به تجزیه فنل و همچنین قابلیت تحمل غلظت بالایی از نمک را داشتند (۱۵ درصد) گزارش کردند (۱۶). در این پژوهش بیشتر باکتری های تجزیه کننده فنل جدا شده از دریاچه پریشان متعلق به جنس های *Pseudomonas* و *Acinetobacter* بودند که با نتایج سایر پژوهش ها همخوانی دارد. روش های مختلفی توسط محققین برای سنجش حذف فنل بکار رفته است. به عنوان نمونه Watanabe و همکاران در سال ۱۹۹۸ روش کالریتری با استفاده از رنگ ۴- آمینوآنتی پیرین را به منظور اندازه گیری میزان باقیمانده در محیط کشت بکار بردند (۱۷ و ۱۸). همچنین Whiteley و همکاران در سال ۲۰۰۱ و Kotny

تجزیه کننده فنل معرفی نمودند (۱۳ و ۱۴). پژوهش های Whiteley و همکاران سال ۲۰۰۱ نشان دادند که ارزیابی جدایه ها در بیوراکتورها می تواند ویژگی هایی مانند تنوع، فیزیولوژی و عملکرد جامعه سودوموناس های تجزیه کننده فنل در بیوراکتورهای صنعتی آشکار سازند. همچنین محققین یاد شده نتیجه گیری نمودند که هتروژنیسته فیزیولوژیک قابل توجهی در دامنه تحمل جدایه ها وجود دارد (۱۳ و ۱۴). علاوه بر سویه های یاد شده Wagner و همکاران در سال ۱۹۹۸ باکتری *Klebsiella* واجد یک پلاسמיד مشابه TOL کد کننده یک نوع فنل هیدروکسیلاز جدید را به عنوان تجزیه کننده فنل گزارش کردند (۱۵).



نمودار ۴: منحنی حذف فنل برای جنس اسینتوباکتر با روش گیبس در طی ۴۸ ساعت.

دارند. گونه های تجزیه کننده فنل جداسازی شده عمدتاً توانایی بالقوه ای در تجزیه فنل و ترکیبات فنلی را داشتند. با بررسی مطالعات انجام شده و همچنین نتایج حاصل از این تحقیق نشان داد که بیشتر باکتری های تجزیه کننده فنل متعلق به خانواده سودوموناسه می باشند. گونه اسپینتوباکتر نیز در رتبه دوم از نظر اهمیت قرار داشت. البته شایان ذکر است که گونه های مختلف باکتری های یاد شده نیز توانایی های متفاوتی در تجزیه فنل داشتند.

تشکر و قدردانی

نویسندگان این مقاله مراتب سپاس و قدردانی خود را از معاونت پژوهشی دانشگاه آزاد اسلامی واحد جهرم به دلیل حمایت های اجرایی اعلام می دارد.

در سال ۲۰۰۳ نیز از این روش برای سنجش مقدار فنل باقیمانده استفاده کردند. Selvaratnam و همکاران در سال ۱۹۹۷ با HPLC مقدار فنل را سنجش کردند و همینطور Heinaru در سال ۲۰۰۰ و Fries در سال ۱۹۹۷ نیز از همین روش را مورد استفاده قرار دادند (۷، ۱۳ و ۱۴).

در این تحقیق روش گیبس و با استفاده از معرف ۴ و ۲ دی کلرو کینون ۴- کلروایمید برای سنجش حذف فنل بکار رفت. این روش توسط محققین دیگری همچون Joern و White در سال ۲۰۰۳ و Quintana و همکاران در سال ۱۹۹۷ بکاررفته است. نتایج حاصل از سنجش فنل با این روش با یافته های سایر محققین همخوانی داشت (۱۹).

نتیجه گیری

در مجموع نتایج این پژوهش نشان داد که باکتری های تجزیه کننده فنل پراکندگی وسیعی در طبیعت به ویژه در دریاچه پریشان

References

1. The environmental protection agency (EPA), 2004, Collation of toxicological data and intake values for humans, EPA report, 44-64.
2. Morrison RM, Boyd RN, 1992, Organic chemistry, 6th ed, 1069-1098.
3. Stephen J, Thomas C, William AB, 2002, Water and the Environment, 31-55.
4. Godjevargova T, Ivanova D, Alexieva Z, and Dimova N. Biodegradation of toxic organic components from industrial phenol production wastewater by free and immobilized *Trichosporon cutaneum* R57, *Process biochemistry*, 2003; 38:915-920.
5. Xiangchun Q, Hanchang S, Yongming Z. Biodegradation of 2,4-dichlorophenol and phenol in airlift inner-loop bioreactor immobilized with *Achromobacter* sp. *Separation and Purification Technology*, 2004; 34:97-103.
6. Ariana F, Elke B, and Thomas B, Rapid monitoring of the biodegradation of phenol-like compounds by the *Candida maltosa* using BOD measurements, *International Biodeterioration & Biodegradation*, 2004; 54:69-76.
7. Koutny M, Ruzicka J, Chlachula J. Screening for phenol-degrading bacteria in the Pristine solids of south Siberia. *Applied soil Ecology*. 2003; 23:79-83.
8. Quintana MG, Didion C, Dalton H, Colorimetric method for a rapid detection of oxygenated aromatic biotransformation product, *Biotechnology technique*, 1997; 11:585-87.
9. Ali S, Lafuente RF, and Cowan DA, Meta-pathway degradation of phenolics by Thermophilic Bacill, *Enzyme and microbial technology*, 1998; 23:462-468.
10. Powlowski J, and Shingler V, Genetic and biochemistry of phenol degradation by *Pseudomonas* sp. CF600, *Biodegradation*, 1994; 5:219-36.
11. Torres, LG, Chao C, and Chao W, methods for DNA extraction from various soils, *Journal of applied microbiology*, 1999; 88:937-943.

12. Williams PA, and Sayers JR, The evolution of pathways for aromatic hydrocarbon oxidation in *Pseudomonas*, *Biodegradation*, 1994; 5:195-217.
13. Whiteley A, and Mark J, Bacterial Community structure and physiological state within an industrial phenol bioremediation system, *Applied and Environmental Microbiology*, 2000; 66:2401-2407.
14. Whiteley AS, Wiles S, Lilley K, Philip J, Babailey MJ, Ecological and physiological analyses of *Pseudomonad* species within an phenol remediation system, *Journal of Microbiological Methods*, 2001; 44:79-88.
15. Wagner K, Schawarz T, Phenol degradation by an enterobacterium *Kelebsiella* strain carries a TOL-like plasmid and a gene encoding a novel phenol hydroxylase, *Canadian journal of Microbiology*, 1999; 45:162-171.
16. Eduardo A, Bastos R, and Moon D, Salt tolerant phenol-degrading microorganisms isolated from Amazonian soil sample, *Applied and Environmental Microbiology*, 2000; 174:346-52.
17. Watanabe K, Hino S, and Takahashi N. Effect of exogenous phenol-degrading bacteria on performance and ecosystem of activated sludge, *Journal of fermentation and bioengineering*, 1996; 82:291-298.
18. Watanabe KS, Yamamoto S, and Hino S, Population dynamics of phenol-degrading bacteria in activated sludge determined by *gyrB*-targeted quantitative PCR, *APPL, Environ, Microbiol*, 1998; 64:1203-1209.
19. John DM, and White GF, Mechanism for biotransformation of nonyl phenol polyethoxylates to xenoestrogens in *Pseudomonase putida*, *Applied and Environment Microbiology*, 2003; 180:4332-4338.



Assessment of Biological Modification of Phenol Using Native Bacteria Isolated from Water and Sediment of Parishan Lake

**Farshid Kafilzadeh¹, Mohammad Sadegh Farhang doost¹,
Abbasali Rezaeian¹, Amir Ashkan Mahjour¹**

Department of Microbiology, Islamic Azad University, Jahrom Branch, Jahrom, Iran

Abstract

Introduction and Objectives: Phenol and phenol compounds are extremely toxic which found abundantly in the compounds such as pesticides, herbicides, poisons and chemical fertilizer. Phenol are highly harmful for the creatures, particularly for human beings. It leaves irretrievable effects, so it deems advisable to eliminate these compounds from the nature in different ways. Physicochemical methods were used formerly to eliminate phenol. In addition to much expenditures, these methods also cause the production of the dangerous intermediary compounds. Now, the biological analysis of phenol being considered. Among the microorganisms, bacteria have particular importance in phenol analysis.

Material and Methods: This research has been done on the sediment and water samples of Parishan lake which is one of the international wetland of Iran. Many samples of bacteria were detached. The separation method for sediment samples is as follows in which 10gr of sample is mixed with 100ml of phenol broth culture medium. Then it is supplied with air in a 30-degree temperature on a shaker having 170rpm. In water sample, 10ml of water sample mixed with 100ml of phenol broth medium. Other stages are repeated again similarly. This process continues until the pure bacteria are separated. The technical medium which is the basis of this experiment including KH_2PO_4 , K_2HPO_4 , $(\text{NH}_4)_2\text{SO}_4$, MgSO_4 , FeCl_3 , phenol, water and pH7.

Results: The obtained results presented that the bacteria analyzing phenol formed a wide range of bacteria. These bacteria are mainly gram negative and belongs to the *Pseudomonas* family. These bacteria has got various ability in phenol analysis (0.2-0.9 gr/lit phenol).

Conclusion: According to the obtained results, the separation and purification of such bacteria can be used for phenol elimination and its toxic derivations in the environment. This is an important step for men's health protection.

Keywords: phenol, parishan lake, *Pseudomonas*, *Acinetobacter*, degradation

Correspondence to: Farshid Kafilzadeh

Tel: (+98)917 114 0799

Email: Kafilzadeh@jia.ac.ir

Journal of Microbial world 2009, 2(2), 89-96