

## 금강 하구둑 인근에서 미생물군집의 특성

배명숙 · 박석환 · 최강국<sup>1</sup> · 이근광<sup>2</sup> · 이진형\*

군산대학교 자연과학대학 과학기술학부, <sup>1</sup>한국생명공학원 환경생명공학연구소, <sup>2</sup>나주대학 피부미용과

## Characteristics of Heterotrophic Bacterial Population in the Artificial Lake Geumgang Near Estuary Barrage

Bae, Myoung-Sook, Suhk-Hwan Park, Gang-Guk Choi<sup>1</sup>, Keun-Kwang Lee<sup>2</sup> and Geon-Hyoung Lee\*

Faculty of Science & Technology, Kunsan National University, Gunsan, Jeon-buk, 573-701

<sup>1</sup>Environmental Biotechnology Laboratory, Korea Research Institute of Bioscience and Biotechnology, Daejeon, 305-333

<sup>2</sup>Department of Skin and Beauty Arts, Naju College, Naju, Jeon-Nam, 570-713

**ABSTRACT:** The monthly variations of physico-chemical and microbiological water quality were investigate in the artificial Lake Geumgang near estuary barrage. Sixty heterotrophic bacteria were isolated and identified by amplification and sequencing of 16S rDNA. Water temperature, pH, and inorganic nutrients(NH<sub>4</sub>-N, NO<sub>2</sub>-N, NO<sub>3</sub>-N, PO<sub>4</sub>-P) were measured. Concentrations of DO, BOD, and inorganic nutrients were lower than in the middle-stream of Geum river. The population densities of heterotrophic bacteria and total coliforms varied from  $4.1 \pm 1.0 \times 10^2$  to  $6.7 \pm 1.1 \times 10^3$  cfu ml<sup>-1</sup>, and 0 to  $2.3 \pm 0.6 \times 10^2$  cfu ml<sup>-1</sup>, respectively. Among the measured numbers of physiological groups of bacteria, cellulolytic bacteria showed higher population densities than those of other physiological groups. Bacterial community structure was analysed based on 16S rDNA partial sequencing. Among 60 isolates, dominant genus was *Pseudomonas* (20 strains).

**Key words:** Artificial Lake Geumgang, Heterotrophic bacteria, Physico-chemical water quality, Physiological groups of bacteria, Total coliform, 16S rDNA analysis

### 서 론

하구는 생물의 독특한 서식지를 형성할 뿐만 아니라, 내륙에서 유입되는 풍부한 영양 염류로 말미암아 생물의 생산성이 높은 장소로 알려지고 있으며(김과 이 1998), 이화학적 환경요인은 물론 미생물을 포함한 많은 생물이 끊임없이 변화하는 생태계이다. 이러한 특성 때문에 미생물들은 수환경에 유입되는 각종 오염물질에 민감하게 반응한다(Brock 1997). 따라서 유기물질에 의한 오염 정도를 종속영양세균이나 일반균류, 병원성 세균(총대장균군 또는 분변성 대장균과 분변성 연쇄상구균 등)과 같은 미생물의 상대적인 양적 비교 등을 통해 수환경 생태계를 예측하는 연구가 많았다(이 등 1991, 김 등 2000). 반면, 기수역을 막아 만든 인공호에 대한 연구는 영산호(최와 정 1985, 김과 최 1988)와 낙동강(김과 이 1998), 아산호에 대한 연구(장과 전 1996)가 있었으나, 1990년 하구둑이 완공된 금강호의 수질에 대한 조사 연구는 낙동강(Jung *et al.* 1997a), 한강(Jung *et al.* 1997b) 등의 수계 연구 자료에 비해 미흡한 실정이다. 조사 수역인 금강호는 전라북도 장수군 소백산맥 줄기인 서산면에서 발원하여 충청북도 남서류를 거쳐 충청남도를 남서방향으로

관류하다가 강경에서부터 충청남도과 전라북도의 도계를 이루면서 군산만으로 흐르는 강으로 거리는 401 km이고, 유역의 면적은 9,900 km<sup>2</sup>에 해당된다. 이 강의 주요 지류로는 미호천, 갑천, 초강, 보청천 및 논산천 등이 있으며, 또한 금강의 중류 지역에는 대전 및 신탄진 등의 도시가 위치하고 있어 오염원 유입이 우려되는 가운데, 1990년 이후 방조제 축조 후 오염이 가속화되어지고 있다(권과 장 1997).

따라서 본 연구에서는 1990년 인공 담수호로 조성된 이후의 하구둑 인근의 금강호를 대상으로, 이화학적인 수질 요인과 종속영양세균, 총대장균군 그리고 생리적 특성균과 같은 미생물의 군집 분포를 계절별로 조사하여 이 수역의 미생물학적 수질 변화를 살펴보았다. 또한 16S rDNA 유전자를 PCR 기법으로 증폭하고 그 산물의 염기 서열을 확인하여 수계 내의 미생물 군집 구조를 계통 분류학적인 측면에서 분석하였다. 이러한 연구는 금강호 수질 오염을 방지하는 데 필요한 기초 자료로 활용될 수 있다.

### 재료 및 방법

#### 1. 연구지역 및 채수방법

\* Corresponding author; Phone: +82-63-469-4584, Fax: +82-63-463-1560, e-mail: ghlee@kunsan.ac.kr



Fig. 1. A map of sampling stations in the artificial Lake Geumgang during January to December, 2002.

미생물 시료는 Niskin 채수기를 이용하여 정점 1과 2(금강 하구둑 수문 근처 담수호 내측), 정점 3(하구둑에서 상류 쪽으로 5 km 떨어진 곳)에서 표층 시료를 채수하였다(Fig. 1). 조사를 위한 채수 시료는 멸균된 250 ml 시료병에 담아 4°C로 보관하여 실험실로 운반하여 분석하였다.

## 2. 이화학적 분석

수온은 휴대용 수온계(Trans, Model TR. 205), pH는 pH meter(ORION, model 290A)를 이용하여 현장에서 측정하였고, 용존산소(DO)와 생물화학적 산소요구량(BOD)은 Van Dorn 채수기로 매달 동일한 시간에 채수한 후 Standard Methods(APHA 1992)에 의해 Winkler-Azide 적정법으로 측정하였다. 무기영양염류는 채수한 시료를 0.45µm 여과지(Millipore, USA)로 여과 후 Standard Methods(APHA 1992)에 따라 암모니아염 질소(NH<sub>4</sub>-N), 아질산염 질소(NO<sub>2</sub>-N), 질산염 질소(NO<sub>3</sub>-N), 그리고 용존성 인산염 인(PO<sub>4</sub>-P)의 양을 발색 반응을 통하여 분광광도계로 정량하였다.

## 3. 미생물학적 분석

중속영양세균의 균체수는 멸균된 희석액(0.85% NaCl)에 일정량 희석(10<sup>-1</sup> ~ 10<sup>-3</sup>)한 후 Nutrient agar(Difco, USA)배지에 접종하여 25 ± 2°C에서 3 일간 배양하였다. 그리고 단백질 분해 세균, 지방 분해 세균, 전분 분해 세균 및 셀룰로스 분해 세균의 측정은 Trypticase soy agar(Difco, USA)배지에 1% skim milk, 0.5% Tween 80, 1% soluble starch, 0.5% carboxymethyl cellulose를 유일한 탄소원과 에너지원으로 각각 첨가하여 25 ± 2°C에서 48시간 배양하였으며, 총대장균군의 분포는 EMB agar(Difco, USA)에 시료 원액을 배양한 후 37°C에서 48시간 동안 배양하

여 나타난 colony 수(colony forming unit: cfu)를 평판계수법으로 측정하였다.

## 4. 염기 서열 결정과 계통 분석

금강호에서 분리한 60 균주를 SDS, CTAB(Cetyl-trimethyl ammonium bromide), 그리고 PCI[phenol:chloroform:isoamyl alcohol(25:24:1)]를 처리하여(Gerhardt *et al.* 1994) DNA를 분리·정제한 후 16S rDNA를 증폭하기 위하여 primer인 27F(*E. coli* numbering 8~27: AGA GTT TGA TCM TGG CTC AG)와 1522R(*E. coli* numbering 1522~1538: AAG GAG GTG WTC CAR CC)을 사용하여 PCR을 수행하였다. PCR 반응은 thermal cycler(GeneAmp PCR system 9700, Perkin Elmer, USA)를 사용하여 수행하였다. PCR 반응조건은 전 변성 과정으로 94°C에서 10분간 수행하였고, 94°C에서 30 초간, 55°C에서 30 초, 72°C에서 45 초씩 30 회 반복하고 마지막에는 72°C에서 7 분간 최종 반응시켰다. 16S rDNA 유전자 서열을 분석하기 위해 Gel extraction kit(Spin Kit; Nucleogen, Korea)를 이용하여 정제하였다. 유전자 서열 분석은 ABI PRISM 3700 GENETIC analyzer(Appled Biosystems, USA)를 이용하여 결정하였다. 부분적인 염기서열간의 유사도를 알아보기 위하여 BLAST search를 이용하여 Genbank와 EMBL database에서 유산한 16S rDNA 염기 서열을 비교·검색하였다. 여기에서 얻어진 염기 서열은 CLUSTAL W를 사용하여 결정하였으며, PHYDIT를 이용하여 RDP의 대표적인 세균의 염기 서열을 참조하여 재배열을 수행하였다(Joung *et al.* 2001). 계통수(phylogenetic tree)는 neighbor-joining method를 이용하는 프로그램인 NEIGHBOR(PYLIP, version 3.5)를 사용하여 작성하였다. Nucleotide sequence들을 Genbank(<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Genbank>)의 Sequin(Ver. 3.32 for windows; NCBI)을 이용하여 Genbank sequence database에 등록하여 승인번호(AY680925 AY689084)를 부여 받았다.

## 결과 및 고찰

### 1. 이화학적 특성

#### 1) 이화학적 수질 변화

조사기간 중 수온은 정점 1이 2 ~ 27.2°C, 정점 2는 2 ~ 28.5°C, 정점 3은 2 ~ 30.8°C의 범주에서 변화하여 정점별로 큰 차이를 보이지 않았지만(Fig. 2), 정점 3의 경우, 여름에는 다른 지점에 비해 수온이 다소 높게 나타났다.

수소이온(pH)의 농도는 조사기간 중 3.9 ~ 9.14의 다양한 범주에서 측정되었으며, 12월의 경우, 정점 3에서는 3.9의 낮은 값을 나타냈는데(Fig. 2), 이는 채수시 인근에서 대규모의 철새가 서식하고 있어 이들의 분비물로 인해 나타나는 일시적인 현상으로 사료된다.

용존산소(DO)는 하절기에 5.38 ~ 7.25 mg l<sup>-1</sup>로 조사기간 중 최저값을(Fig. 2), 동절기에는 13.50 ~ 14.95 mg l<sup>-1</sup>로 조사기간

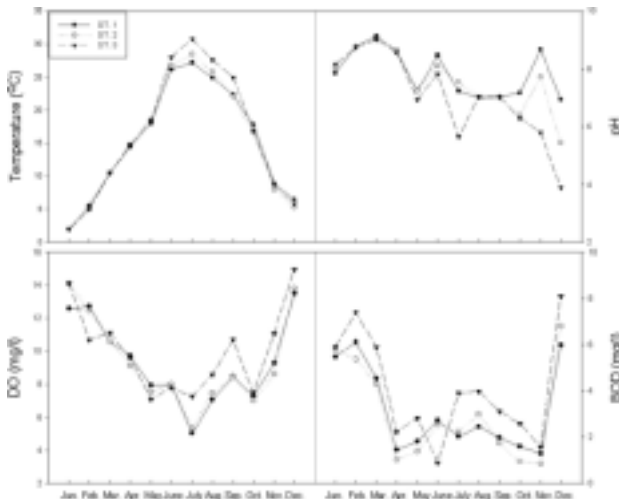


Fig. 2. The monthly variation of temperature, pH, DO, and BOD in the artificial Lake Geumgang near estuary barrage from January to December, 2002.

중 최고값을 나타내 산소의 물에 대한 용해도가 수온과 밀접한 관계가 있음이 뚜렷이 관찰되었다(이 등 1991).

생물화학적 산소요구량(BOD)의 변화폭은 년 중 0.85 ~ 8.1 mg l<sup>-1</sup>로(Fig. 2), 대청댐과 금강 수역(이 등 1995)에서 측정된 값 0.4 ~ 12.2 mg l<sup>-1</sup>과 비교할 때 낮은 값을 보였는데, 이는 금강의 하류에서 자정작용에 의해서 유기물질의 분해가 상당히 많이 이루어지고 있음을 보여준다.

질소원을 형태별(Fig. 3)로 조사한 결과, 암모니아염 질소는 0.014 ~ 0.997 mg l<sup>-1</sup>의 범위로 호수 수질 환경 기준에서 농업 용수 기준인 1.0 mg l<sup>-1</sup>이하에 적합한 값을 나타냈는데, 이는

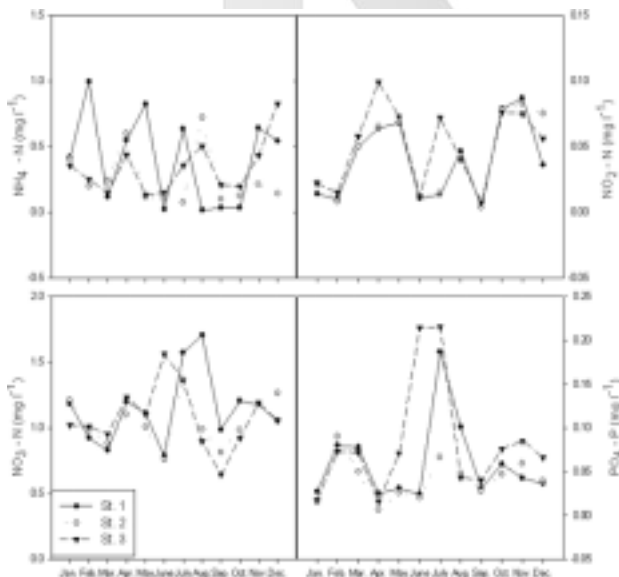


Fig. 3. The monthly variation of ammonia-N, nitrite-N, nitrate-N, and phosphate-P in the artificial Lake Geumgang near estuary barrage from January to December, 2002.

금강 수계 남대천 유역(Choi et al. 2000)에서 측정한 값과 비교할 때 유사한 범주였다. 아질산염 질소는 0.004 ~ 0.099 mg l<sup>-1</sup>의 범위로 겨울철에서 초봄까지 증가하다 여름으로 접어들면서 급격히 감소되는 경향을 나타냈다. 질산염 질소는 0.647 ~ 1.574 mg l<sup>-1</sup>의 범주로 호소의 상태를 중영양(0.4 ~ 0.6 mg l<sup>-1</sup>), 부영양(0.6 ~ 1.5 mg l<sup>-1</sup>), 고부영양(1.5 mg l<sup>-1</sup> 이상)으로 구분해 볼 때, 금강호 수계는 부영양 수역에 속한다고 볼 수 있다. 반면 용존성 인산염 인은 0.006 ~ 0.215mg l<sup>-1</sup>로 나타나 대청댐과 금강(이 등 1999) 중류에서 측정된 값보다 금강호에서 측정된 인산염 인 값이 낮게 나타났다(Fig. 3).

2. 미생물학적 분석

1) 종속영양세균의 분포

수환경 내에 과량의 유기물이 유입되면 일시적으로 종속영양세균의 밀도와 생체량이 급증하게 되는데 그럴 경우 순간적인 조류의 번식과 더불어 용존산소를 다량 소비함으로써 심각한 혐기적 상태를 유도할 수 있다(APHA 1992, Brock 1997). 이처럼 수환경내의 종속영양세균은 해당 수역의 유기물량과 밀접한 관계를 가지고 있으며, 수환경과 생물에 미치는 영향이 크므로 이들의 밀도를 분석하면 수질 판정의 지표로 사용할 수 있을 뿐만 아니라 수환경의 변화를 예측하는 자료로 활용할 수 있게 된다(APHA 1992, 김 등 2000).

조사기간 중 종속영양세균의 균체수 변화는 4.1 ± 1.0 × 10<sup>2</sup> ~ 6.7 ± 1.1 × 10<sup>3</sup> cfu ml<sup>-1</sup>로 나타났는데(Fig. 4), 이는 이 등(1995)이 조사한 3.2 × 10<sup>3</sup> ~ 8.6 × 10<sup>6</sup> cfu ml<sup>-1</sup>과 민 등(1999)이 조사한 0.59 ~ 8.10 × 10<sup>6</sup> cfu ml<sup>-1</sup> 보다 낮은 수치를 보였다. 계절별 종속영양세균의 변화는 동계에 4.1 ± 0.1 ml<sup>-1</sup> × 10<sup>2</sup> cfu ml<sup>-1</sup>로 가장 낮았고, 하계로 갈수록 높아져 6월에 6.7 ± 1.0 × 10<sup>3</sup> cfu ml<sup>-1</sup>로 최대값을 나타냈다. 동계에서부터 하계까지 계속적으로 종속영양세균의 균체수가 증가하는 것은 수온에 의해 크게 영향을 받는 것으로 보여진다. 한편 종속영양세균의 균체수에 의한 영양화 정도를 보면 금강호는 10<sup>3</sup> cfu ml<sup>-1</sup> 범주에 있어 부영양역 수역에 속한다고 볼 수 있다(김 등 2000).

2) 총대장균군

일반적으로 대장균을 포함한 장내 세균이 수계로 유입되면 빛, 수온, 그리고 염분도 등에 의해 사멸되는데 대개 담수에서는 5일 정도 생존하는 것으로 알려져 있다(김 등 2000). 따라서 수계에서 대장균군의 존재는 인간에 의한 오염이 최근에 이루어진 것을 파악할 수 있는 지표가 된다. 대장균의 분포는 조사기간 중 1, 2, 10월에는 검출이 안 되었지만 나머지 달에는 모두 검출이 되었다. 조사기간 중 총대장균군의 균체수 변화는 0 ~ 2.3 ± 0.6 × 10<sup>2</sup> cfu ml<sup>-1</sup>의 범주에서 변화하였다(Fig. 4). 이러한 결과는 이 등(1995)이 조사한 금강 중, 하류수역의 4.0 ± 10 ~ 1.04 × 10<sup>5</sup> cfu ml<sup>-1</sup>에 비해 낮은 것으로 나타났다. 이는 이 수역 주변이 뚜렷한 오염원이 없고 비교적 인구밀도가 낮아 생활 오

폐수의 유입량이 중, 하류에 비해 적게 유입되기 때문인 것으로 판단된다. 한편 정점별로 균체수의 변화를 살펴보면 계절에 관계없이 정점 1과 2에서는 조사기간 중 대장균이 검출되지 않았고, 정점 3에서만 나타났다. 이는 정점 3 인근지역에서 처리되지 않고 유입되는 지천에 의한 것으로 사료된다.

3) 생리적 특성균

자연 생태계에서는 물질순환이 끊임없이 일어나고 있으며, 이러한 과정에서 미생물은 분해자로서 중요한 역할을 담당한다. 유기물은 미생물의 영양원으로 중요하며, 이러한 유기물은 대개 동·식물의 사체에서 유래하며 여러 종류의 미생물에 의해 분해되어 수계 환경에 방출된다. 따라서 수계에서 생리적 특성균의 분포를 조사하면 유기물의 기원을 간접적으로 추적할 수 있다(이 1986).

조사기간 중 전분, 지방, 단백질, 셀룰로스 분해세균의 연중 분포는 각각  $1.3 \pm 0.5 \times 10^2 \sim 1.6 \pm 0.6 \times 10^3$  cfu ml<sup>-1</sup>,  $1.7 \pm 0.6 \times 10^2 \sim 6.3 \pm 2.9 \times 10^3$  cfu ml<sup>-1</sup>,  $0.3 \pm 0.1 \times 10^2 \sim 6.3 \pm 2.2 \times 10^3$  cfu ml<sup>-1</sup>,  $1.0 \times 10^2 \sim 6.7 \pm 0.6 \times 10^3$  cfu ml<sup>-1</sup>의 범위에서 변화하였다(Fig. 4). 조사기간 중 각 생리적 특성균의 분포는 6월과 7월에 최대값을 보였고, 전분과 셀룰로스 분해 세균은 10월에, 지방 분해 세균은 9월, 단백질 분해 세균은 1월에 최저값을 나타냈다. 이러한 측정값은 이 등(1991)이 만경강 하류를 대상으로 측정한 값과 비교할 때 낮은 값을 나타냈다. 각 정점별로 분포를 살펴보면, 정점 3에서 전분 분해 세균은  $2.3 \times 10^2 \sim 2.3 \pm 0.6 \times 10^3$  cfu ml<sup>-1</sup>의 범주에서, 지방 분해 세균은  $1.7 \pm 0.6 \times 10^2 \sim 6.3 \pm 2.9 \times 10^3$  cfu ml<sup>-1</sup>의 범주에서, 단백질 분해 세균은  $0.3 \pm 0.1 \times 10^2 \sim 6.3 \pm 2.2 \times 10^3$  cfu ml<sup>-1</sup>의 범주에서, 셀룰로스 분해 세균은  $1.5 \pm 0.6 \times 10^2 \sim 6.7 \pm 0.6 \times 10^3$  cfu ml<sup>-1</sup>의 범주에서 변화하여 정점 1과 정점 2에서보다 전반적으로 높은 값을 보였다(Fig. 4). 이와 같이 미생물 균체수가 정점 3에서 다른 두 정점보다 많이 나타난 것은 정점 3 인근에서 유입되는 지천에 의해 유기물의 유입이 증가되었기 때문이라고 사료된다.

4) 중속영양세균의 계통학적 분석

금강호에서 계절별(2002년 3월, 6월, 9월, 12월)로 분리한 60 균주에 대하여 16S rDNA 부분적인 염기 서열은 대하여 PHYDIP (Version 3.1) program을 이용하여 연관된 표준 균주와 비교하여 계통 분석한 결과, Proteobacteria group(α, β, γ-group)과 low G + C Gram-positive group이 높은 유사도를 나타내었다. 이들 중 Proteobacteria group의 γ-Proteobacteria group에 속하는 *Pseudomonas* 속이 20 균주로 우점을 보였는데, 이는 유기물이 풍부한 곳에서 선택적으로 우점한다는 보고와 관련이 것으로 생각된다(Wagner et al. 1993). *Aeromonas* 속은 14균주, *Stenotrophomonas* 속은 6 균주, *Enterobacter* 속은 4 균주, *Serratia* 속은 각각 2 균주씩, 그리고 *Acinetobacter* 속, *Psychrobacter* 속, *Xanthomonas* 속은 각각 1 균주씩 나타났다(Fig. 5). 한편 α-Proteobacteria group에 속하는 *Sphingobium* 속 2균주, *Mycoplana*

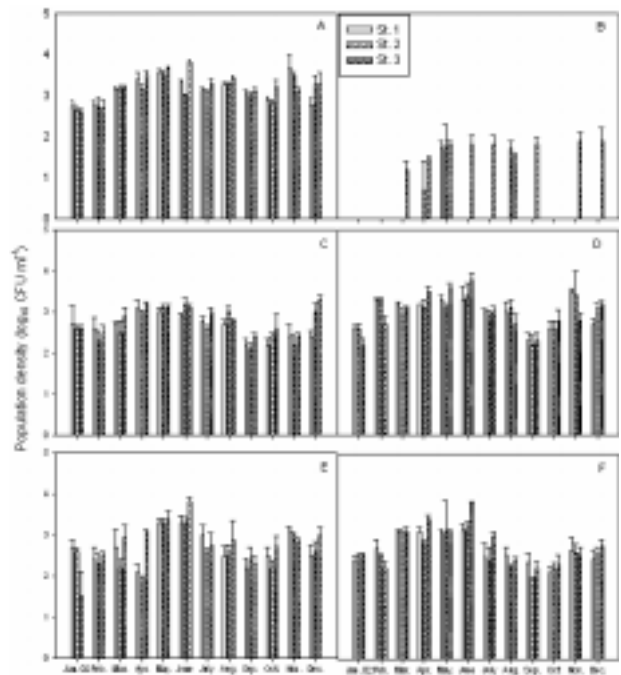


Fig. 4. The monthly variation of population densities of heterotrophic bacteria(A), total coliforms(B), and physiologically specific bacterial group [amylolytic bacteria(C), lipolytic bacteria(D), proteolytic bacteria(E), and cellulolytic bacteria(F)] in the artificial Lake Geumgang near estuary barrage from January to December, 2002.

속 1 균주로 비교적 낮은 분포를 보였는데, 이들은 주로 담수보다는 해수에서 많이 존재하는 것으로 알려져 있다(김 등 2003). 또한 β-Proteobacteria group에 속하는 균주는 *Variovorax* 속 2 균주만이 나타났다(Fig. 6). α-Proteobacteria group은 3월과 6월에 우점하였다. 반면 low G + C Gram-positive group에 속하는 균주는 *Bacillus* 속 6균주로 나타났으며, 9월과 12월에만 우점하였다(Fig. 7). 다른 저주지 및 호소에서 미생물의 시기별 군집구조의 특성을 본 연구와 비교해 보면, 소양호에서 봄에는 γ-Proteobacteria group, 여름에는 α-Proteobacteria group, 가을에는 다른 군집이 우점하는 특성을 보고하였는데(남 등 2003), 본 연구에서는 6월과 9월에 소양호와 달리 α-Proteobacteria group보다는 γ-Proteobacteria group이 우점하여, 우점종의 분포가 소양호와는 다른 양상을 보여주었다(남 등 2003). Proteobacteria group의 경우, 이들 군집의 서식지가 매우 광범위한 것으로 판단되어지며 금강 수계에 영향을 미치는 물질의 순환에 공통적인 세균 군집들이 주요한 역할을 할 것이라고 추측되지만 현재 배양이 가능한 균주 중에서는 계통분류학적으로 유사한 균주가 없기 때문에 생리적인 특성을 정확히 예측할 수는 없다(한 등 1998).

위와 같이 2002년 1월부터 12월까지 금강호 수역에서 조사된 이화학적 및 미생물학적인 환경변화의 결과로 보았을 때, 금강호 생태계는 대청호 및 금강수계(이 등 1995)로부터 유입되는



Fig. 5. Phylogenetic dendrogram of the  $\gamma$ -Proteobacteria from the artificial Lake Geumgang near estuary barrage.

담수 등으로 영양염류의 변화를 가져옴으로써 미생물군집에도 많은 영향을 준 것으로 판단된다. 또한 금강호는 낙동강 하구(김과 이 1998), 삼포호(김 등 2003) 등과 달리 주변 지역이 인구 집중도가 비교적 낮고 오염물질 유입원이 적어 복잡한 환경요

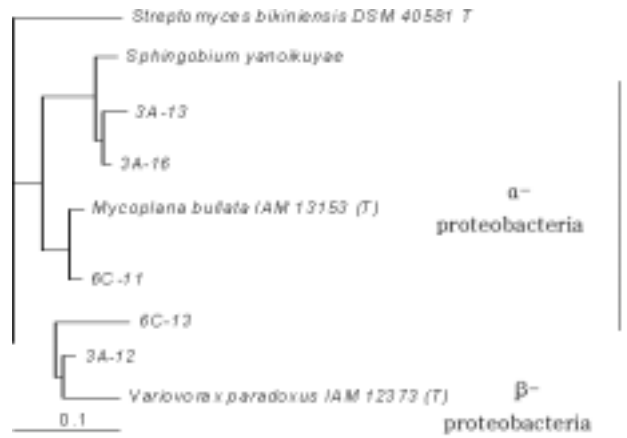


Fig. 6. Phylogenetic dendrogram of the  $\alpha$  and  $\beta$ -Proteobacteria from the artificial Lake Geumgang near estuary barrage.

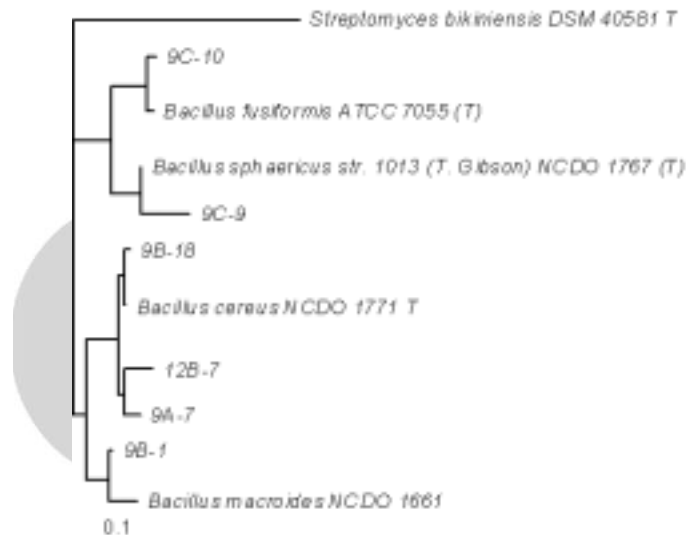


Fig. 7. Phylogenetic dendrogram of the low G + C Gram positive group from the artificial Lake Geumgang near estuary barrage.

인에 의해 영향을 받기보다는 계절적인 요인인 수온 및 대청호 및 금강 수계의 담수 유입량에 따른 영양염류에 크게 의존하는 것으로 판단된다. 따라서 이러한 결과는 현재 금강호의 상류지역인 대청호와 금강 수계(이 등 1995)의 조사 결과와 비교함으로써 향후 금강호의 생태계 변화를 예측하고 오염원을 경감시키는 데 필요한 기초 자료로 활용될 것으로 판단된다.

적 요

금강호에서 이화학적 수질과 미생물학적 수질을 월별로 측정하고, 조사기간 중 분리된 60균주에 대하여 16S rDNA를 증폭하고 부분적인 염기 서열 분석을 통하여 계통분류학적 분석

을 하였다. 측정 결과 조사기간 중 수온은 2 ~ 30.8°C, pH 3.9 ~ 9.14, DO는 5.04 ~ 14.95 mg l<sup>-1</sup> 의 범주에서 변화하였다. BOD와 무기영양염류(NH<sub>4</sub>-N, NO<sub>2</sub>-N, NO<sub>3</sub>-N, PO<sub>4</sub>-P)의 농도는 금강 중류지역에 비해 비교적 낮은 값을 나타냈다. 종속영양세균과 총대장균군의 균체수 변화는 각각 4.1 ± 1.0 × 10<sup>2</sup> ~ 6.7 ± 1.1 × 10<sup>3</sup> cfu ml<sup>-1</sup>와 0~2.3 ± 0.6 × 10<sup>2</sup> cfu ml<sup>-1</sup>의 범주에서 변화하였다. 생리적 특성군으로 단백질 분해 세균, 전분 분해 세균, 지방 분해 세균 및 셀룰로스 분해 세균의 분포를 측정하였다. 조사기간 중 셀룰로스 분해 세균이 다른 생리적 특성군에 비해 비교적 높은 값을 나타냈다. 분리된 60 균주는 16S rDNA 분석 결과 우점속은 *Pseudomonas* 속 20 균주로 나타났다.

#### 인용문헌

- 김광용, 최정일. 1988. 영산호의 식물플랑크톤 현종량. 한국조류학회지 3(2): 183-192.
- 김기성, 이우범, 주현수, 이제철, 조재위, 전순배, 이성우, 박종천. 2000. 강진만 생태계에서의 이화학적 특성과 미생물군집의 계절적 분포. 미생물학회지 36: 285-291.
- 김명, 전은형, 안태영. 2003. 삼교호의 세균 다양성과 계통분류학적 분석. 미생물학회지 39: 272-276.
- 김원진, 이해주. 1998. 낙동강 하구의 환경요인 및 미생물 분포. 한국육수학회지 31(1): 25-31.
- 권용훈, 장재철. 1997. 금강호의 이화학적 수질환경에 관한 탐구. 군산대학교 기초과학 논문집 12: 37-47.
- 남귀숙, 손형식, 차미선, 조순자, 이광식, 이상준. 2003. 이화학적 수질인자가 부영양화된 마산저수지의 세균분포에 미치는 영향. 미생물학회지 39: 95-101.
- 민경희, 최순영, 허성남, 유재근. 1999. 팔당호의 생태학적 수질환경의 변화와 미생물 분포. 숙명여자대학교 자연과학논문집 10: 33-45.
- 이건형. 1986. 금강하구 퇴적토에서의 종속영양세균의 분포와 부착에 관한 연구. 서울대학교 박사학위논문. 120 p.
- 이건형, 이영옥, 이규춘. 1991. 만경강하류 생태계에서의 종속영양세균의 계절적 분포와 이화학적 특성. 한국육수학회지 24: 27-25.
- 이종태, 이진일, 남윤규, 한규용. 1999. 금강수계 농업용수의 수질. 한국환경농학회지 18: 122-125.
- 이기성, 고동규, 박영식, 최정일, 최영길. 1995. 대청호 및 금강수역의 유기물 분해능과 오염의 신호지표. 환경생물학회지 13: 24-44.
- 장윤경, 전숙례. 1996. 아산호 수환경의 연 변화에 관한 연구. 숙명여자대학교 자연과학 논문집 7: 63-69.
- 최정일, 정영호. 1985. 영산호의 육수학적 연구(I). 하구에 새로이 형성된 호수의 일반적 그리고 물리적 환경에 대하여. 한국육수학회지 18(3): 15-26.
- 한석균, 이일규, 안태영. 1998. 16S rRNA 유전자 계통분석에 의한 한강수계의 세균 다양성. 미생물학회지 34: 194-199.
- APHA-AWWA-WPCF. 1992. Standard methods for the examination of water and waste water. 18th. (ed.) APHA, AWWA, WPCF, Washington D.C.
- Brock, T.D. 1997. Microbial activities in nature. In Biology of Microorganisms (8th ed.). Prentice-Hall, Inc., Engle Wood Cliffs, New Jersey. pp. 406-456.
- Choi, C.H., K.W. Han, J.Y. Cho, J.C. Chun and S.J. Kim. 2000. Pollutant loading and changes of water quality at the Namdaechon watershed in Keum river districts. Kor. J. Environ. Agric. 19(1): 26-31.
- Gerhardt P.M., W.A. Wood and N.R. Krieg. 1994. Methods for general and molecular bacteriology. American Society for Microbiology, Washington, D.C.
- Joung P.M., K.S. Shin, J.S. Lim, I.S. Lee and S.J. Park. 2001. Diversity of acid-tolerant epiphytic bacterial communities on plant leaves in the industrial area and the natural forest area based on 16S rDNA. Kor. J. Microbiol. 37: 265-272.
- Jung, J.B., B.J. Kim, and J.K. Kim. 1997a. Water pollution in agricultural areas along Nakdong River. Korean J. Environ. Agric. 16: 187-192.
- Jung, Y.S., Y.K. Yang, Y.S. Park, M.H. Choi, and S.C. Choi. 1997b. Water quality of streams and agricultural wells related to agricultural practices in small catchments of the Han Basin. Korean J. Environ. Agric. 26: 199-205.
- Wagner, M., R. Amann, H. Lemmer, and K.H. Schleifer. 1993. Probing activated sludge with oligonucleotides specific for Proteobacteria: Inadequacy of culture-dependent methods for describing microbial community structure. Appl. Environ. Microbiol. 59: 1520-1525. (2005년 2월 22일 접수; 2005년 6월 7일 채택)