

## 간헐포기 MBR 공정에서의 하수처리성과 미생물의 군집구조해석

# Microbial Community Structure and Treatment Characteristics of Domestic Wastewater in the Intermittently Aerated Membrane Bioreactor

임병란\* · 안규홍

Lim, Byung-Ran\* · Ahn, Kyu-Hong

한국과학기술연구원 미래기술연구본부

(2002년 7월 19일 접수, 2002년 12월 3일 최종수정논문 채택)

### Abstract

The objective of this study was investigated for the microbial community structure and treatment performance of domestic wastewater in lab-scale submerged membrane bioreactor operated with anoxic-oxic cycles. Respiratory quinone profiles were applied as tools for identifying different bacterial populations. The cycle time program of bioreactor was control under anoxic/oxic of 60/90 minutes with a hydraulic retention time of 8.4 hrs. The average  $COD_{Cr}$  removal efficiency of domestic wastewater was as high as 93%. The results showed complete nitrification of  $NH_4^+-N$  generated during oxic period and up to 50% of the total nitrogen could be denitrified. The dominant quinone types of suspended microorganisms in bioreactor were ubiquinone (UQ)-8, -10, followed by menaquinone (MK)-6, and MK-7 for anoxic period, but those for oxic period were UQ-8, MK-6, followed by UQ-10 and MK-7. The microbial diversities of bioreactor at anoxic and oxic periods, calculated based on the composition of all quinones were 10.4 and 12.2-11.8, respectively. The experimental results showed that the microbial community structure in the submerged membrane bioreactor treating domestic wastewater was slightly affected by intermittent aeration.

**Key words:** Domestic wastewater, Intermittent aeration, Microbial community structure, Quinone profile, Microbial diversity, Treatment performance

**주제어:** 도시하수, 간헐포기, 처리성능, 퀴논프로파일, 미생물군집구조, 미생물다양성

## 1. 서론

활성슬러지법을 비롯한 생물학적폐수처리 프로세스의 처리성능을 향상시킨다든지 최적유지관리를

수행하기 위해서는 처리프로세스에 있어서 미생물 군집의 구조가 온도변화, pH 변화, 부하의 변화, 포기조의 DO 농도변화, 부하의 변화 및 산소공급 방식의 변화 등에 따라 어떻게 변화하는지를 파악

\*Corresponding author Tel: +82-2-958-6860, Fax: +82-2-958-6854, E-mail: limbr@kist.re.kr (Lim, B.-R.)

하는 것이 중요하다. 그러나, 생물폐수처리프로세스는 다양한 종류의 세균, 원생동물 및 후생동물로 구성된 인공적인 복합미생물생태계를 형성하고 있으므로 하나 하나의 미생물을 분리, 동정하고 해석하는 것은 사실상 불가능하다. 최근, 세포를 구성하고 있는 화학물질을 지표로서 미생물의 동정에 이용하는 방법이 주목되고 있다(Fang and Barcelona, 1997; White 등 1997). 그 중에 미생물의 호흡쇄에 있어서 전자전달에 관여하는 퀴논분자종을 이용하는 화학분류법이 주목되고 있다(Fujie 등 1998; Hu 등 1994; Hiraishi 1988; Hedrick and White 1986). 절대 혐기성균을 제외하고, 호흡쇄를 갖는 미생물에는 그 미생물에 특유한 유비퀴논(UQ)과 메나퀴논(MK)이 존재하고 있다. 각각의 구조를 Fig. 1(a)와 (b)에 나타내었다. 퀴논은 그의 골격형 및 이소프렌측쇄의 길이에 따라 구조가 틀리며, n개의 이소프렌측쇄를 갖는 유비퀴논 및 메나퀴논은 각각 UQ-n, MK-n으로 불린다. 또한 수소포화도 x의 차이에 따라 UQ-n(Hx), MK-n(Hx)로 표기한다. 퀴논은 호흡쇄 및 광합성전자전달의 필수성분이며, 호흡쇄의 지용성성분으로서 생체내에 존재하고 있으며 그의 골격형의 차이에 따라 특유의 산화환원을 나타낸다. 미생물에 있어서 에너지 획득방식이 틀리기 때문에 퀴논분자종도 틀리게 된다. 같은 퀴논분자종을 갖는 미생물도 존재하므로, 시료중의 퀴논 분자종으로부터 그곳에 서식하고 있는 미생물종을 각각 특정하는 것은 할 수 없지만, 각각의 미생물종과 그의 우점퀴논종과의 관계에 대해서 어느 정도 database을 구축하고 있다(Hess 등 1979; Collins and Jones, 1981; World Data Center for Microorganisms, 1995). 그래서, 서로 다른 시료에서의 미생물군집의 차이라든지 미생물군집변화의 추적에 유효한 정보를 얻는 것이 가능하다. Hiraishi 등(1991)은 퀴논프로파일을 dissimilarity(비유사도)

에 의해 수량해석하고, 미생물상의 변화를 추적하는 방법을 제안하고 있다. 최근, 활성슬러지의 미생물군집구조의 변화를 해석하는 목적으로 균체퀴논프로파일을 응용한 예가 많이 보고되고 있지만(Lim 등 2002; Kunihiro 등 2002; Kurisu 등 2002), 하수처리에 많이 적용되고 있는 분리막 생물처리공법인 MBR(Membrane Bio-Reactor)공정내에 구성하고 있는 균체에 대한 퀴논프로파일에 관한 보고에는 거의 없다.

따라서 본 연구에서는 도시하수를 처리하는 간헐포기식 침지형 분리막 활성슬러지공정(SMBR)내의 무포기/포기(anoxic/oxic) 1cycle의 시간변화에 따른 유기물 및 질소의 처리특성과 미생물군집구조의 거동에 대하여 검토하였다.

## 2. 실험장치 및 방법

### 2.1. 실험장치

본 연구에 사용한 MBR 반응기는 아크릴로 제작하였으며 개략도는 Fig. 2와 같다. 반응조의 총 유효용적은 8.1L이며, 실험에 사용한 막은 친수화 코팅된 폴리에틸렌 재질의 L-type 중공사형 정밀여과막(Mitsubishi Rayon Co., Japan)으로 막의 공경은 0.4 $\mu$ m, 모듈당 막면적은 0.2m<sup>2</sup>/module이었다. 포기는 공기방울이 막표면에 골고루 전달되게 하기 위해 반응조 하단에 산기관을 설치하였으며, 공기유량은 10L/min 이상으로 공급하였다. 비포기시에는 Impeller를 이용하여 반응조내의 슬러지의 침전을 방지하여 비포기시 유입되는 유기물을 탈질 미생물이 충분히 이용할 수 있도록 혼합하였다. 분리막의 초기 투과플럭스를 10LMH(L/m<sup>2</sup>·h)로 설정하였으며, 막폐색을 억제하기 위하여 8분 흡입 2분 휴지의 간헐 흡입식으로 운전하였다. 휴지기간중에는 흡입쪽의 gas release valve를 열어두어 막 내부의 감압상태를 대기압상태로 바꿔주어 휴지기간에 효과적인 세척효과를 보게 하였다. MBR공정내의 간헐포기시스템은 Nah 등(2000)이 실험을 통해서 유기물 및 질소제거효율이 가장 높게 나타났던 비포기/포기 주기를 60min/90min 시간비로 고정시켜 운전하였다. 유입하수는 경기도 구리시의 하수처리장으로부터 채취하여 혼합장치가 설치된 1m<sup>3</sup> 규모의

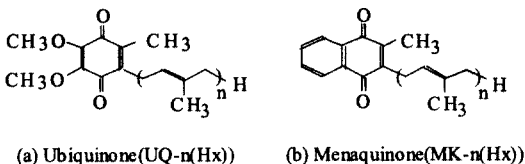


Fig. 1. The structures of ubiquinone and menaquinone.

저류조에 저류한 후 정량 pump를 이용하여 반응조에 주입하였고, 반응기내의 체류시간은 8.4시간이 되도록 하였다. 반응조내의 미생물은 표준활성슬러지법으로 운전하고 있는 K하수처리장에서 채취한 슬러지를 세정후 식중하였다. 운전기간중에 각 주기내의 시간프로그램에 따른 정량펌프 및 밸브의 작동은 PLC를 이용하여 자동운전 되었다.

### 2.2. 분석방법

운전기간동안 계속적으로 유입수 및 처리수에 대하여 시료를 채취하여 수질을 분석하였다. 반응조내의 농도는 0.45µm filter paper로 여과후 측정하였다. 수질분석항목으로는 COD<sub>Cr</sub>(이하, COD), SS, 탁도(Turbidity), T-N, NH<sub>4</sub><sup>+</sup>-N, NO<sub>2</sub><sup>-</sup>-N, NO<sub>3</sub><sup>-</sup>-N, T-P와 그 외 온도, pH, DO 등을 1주일에 2회 이상 측정하였다. 시료의 COD과 T-P는 HACH COD reactor(Loveland, Colorado)를 이용하여 반응시킨 다음 DR/3000 spectrophotometer으로 분석하였다. SS의 분석은 Standard Methods(APHA, 1992)에 준하여 측정하였으며, 탁도는 HACH 2100AN를 사용하였다. NH<sub>4</sub><sup>+</sup>-N는 Auto-Analyzer(Bran+Luebbe, Germany)를 이용하여 측정하였으며, NO<sub>2</sub><sup>-</sup>와 NO<sub>3</sub><sup>-</sup>-N는 Ion-chromatography(DX-120, Dionex, USA)를 사용하여 측정하였다.

활성슬러지내에 미생물퀴논의 분석방법은 Hu 등(1999a)이 개발한 방법을 이용하였다. 퀴논분석은 MBR공정내의 슬러지를 시료로 채취하여 클로로포름과 메탄올 혼합액(2:1, v/v%)을 첨가해 퀴논을 추출한 다음, Hexane을 이용하여 재추출 하였다. 그리고, Sep-Pak® Plus Silica cartridges를 이용하여 유비퀴논(UQ)과 메나퀴논(MK)을 분리한 다음

HPLC( SPD-M10A, Shimadzu Co., Japan), ODS 컬럼(Mightysil RP-18, 4.6(I.D.) ×250mm, Kanto Chemical Co., Japan)을 이용하여 분석을 행하였다. 각 퀴논의 흡수파장은 유비퀴논은 275nm, 메나퀴논은 270nm으로 설정한 다음 이동상은 메탄올, 이소프로필에테르(9:2, v/v%)를 혼합하여 유량 1.0mL/min으로 공급하였다. 각종의 미생물로부터 추출한 UQ, MK 등의 혼합액의 용출시간과 비교하는 것에 의해 퀴논 분자종을 결정할 수 있다. 유비퀴논-10과 비타민 K1은 각각 UQ와 MK을 정량화하기 위한 표준물질로 사용하였다.

### 3. 실험결과 및 고찰

3.1. MBR공정의 운전조건과 오염물질의 제거성능  
분리막을 활성슬러지 포기조에 침지시켜 70일 이상 운전한 결과를 Table 1에 요약하였다. 본 연구에 사용한 유입원수의 TCOD 농도는 78.5-273mg/L로 농도편차가 비교적 크게 나타나고 있었으며, 평균 180mg/L이었다. 유출수의 TCOD(SCOD)는 12.8(11.2)mg/L 이하로 매우 안정적으로 유지되었다. 제거효율을 살펴보면, 유입농도의 변화폭이 큼에도 불구하고 약 93% 이상을 제거하여 안정된 유기물질 제거능력을 보여 주었다. 유입원수의 SS농도는 23-174mg/L로 농도차이가 비교적 높았으나, 유출수의 SS농도는 검출되지 않았으며 100%의 제거효율을 나타냈다. 유입수의 탁도(Turbidity)는 평균 85 NTU, 유출수는 0.02-0.43NTU 이하로 거의 검출되지 않을 정도로 완벽히 제거되는 것으로 보아 슬러지의 상태에 상관없이 고액분리가 우수하게 수행되었음을 알 수 있었다.

Table 1. Characteristics of the influent and effluent wastewater

Items	Influent	Effluent	Removal Eff. (%)
TCOD <sub>Cr</sub> (mg/L)	78.5-283 (180)	3.0-32 (12.8)	87.6-98.1
T-N (mg/L)	15.7-33.9 (23.9)	7.2-15.9 (12.1)	35-70
NH <sub>4</sub> <sup>+</sup> -N (mg/L)	10.3-18.9 (14.2)	ND	100
NO <sub>3</sub> <sup>-</sup> -N (mg/L)	0-0.03	4.5-15.8 (10.7)	-
T-P (mg/L)	1.9-4.1 (2.7)	1.2-2.7 (1.95)	10-60
SS (mg/L)	23-174 (84.7)	ND	100
Turbidity (NTU)	84	0.02-0.43 (0.12)	99.8

( ): Average, ND: not detected

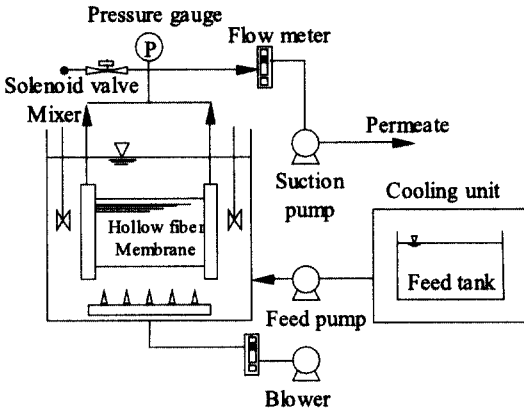


Fig. 2. Schematic diagram of the experimental apparatus.

T-N의 유입수 농도는 15.7-33.9mg/L로 평균 23.9mg/L의 농도를 나타내었으며,  $\text{NO}_2\text{-N}$ 와  $\text{NO}_3\text{-N}$ 은 거의 검출되지 않았고,  $\text{NH}_4\text{-N}$ 는 10.3-18.9(평균: 14.2)mg/L이었다. 반면, 처리수중의 T-N의 농도는 7.2-15.9mg/L(평균 12.1mg/L)로  $\text{NH}_4\text{-N}$ 와  $\text{NO}_2\text{-N}$ 의 농도는 거의 검출되지 않았으며, 거의 대부분이  $\text{NO}_3\text{-N}$ 로 질산화되어 4.48-15.76mg/L의 농도를 나타내었다. T-N의 제거효율은 평균 50% 정도로, 그 중 50% 정도가 미생물의 세포합성과 탈질공정에 의하여 제거된 것으로 사료된다. 또한, T-P는 1.9-4.1mg/L(평균 2.7mg/L)로서 농도차가 비교적 크게 나타났으며, 유출수의 T-P는 1.95mg/L로서 제거효율은 26.7%로 나타났다.

Fig. 3은 간헐포기시 무포기-포기 1cycle당 반응기 내의 pH, DO농도, SCOD 및 TN농도의 변화를 나타낸 것이다. 그림에 따르면 SCOD는 무포기시 급격히 감소하다가 포기시에는 서서히 감소하는 것으로 나타났으며, DO농도는 포기시작부터 급격하게 증가하였으며 포기 40분경과 후에는 약 6.8mg/L에 도달하였으며 포기 40분 이후부터는 서서히 감소하는 추세를 보였다. 이는 포기시작후 40분경에 암모니아의 농도가 거의 검출되지 않은 것으로 보아 대부분의 산소를 질산화에 이용하였으며, 질화속도가 둔화됨에 따라 DO의 소비량도 감소된 것으로 사료된다. 또한 무포기시작후 pH가 약간 감소하는 경향을 보였으며, 포기시에는 다시 서서히 증가한 것으로 나타났다. pH가 감소한 것은 무포기시 미생물이 유기산발효로 유기산이 배출

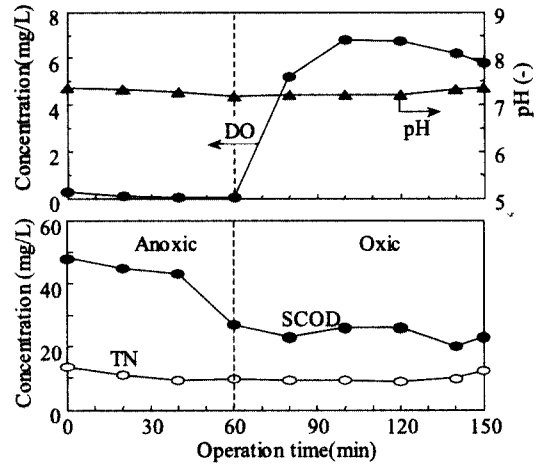


Fig. 3. Variation of DO, pH, SCOD and TN with anoxic/oxic periods.

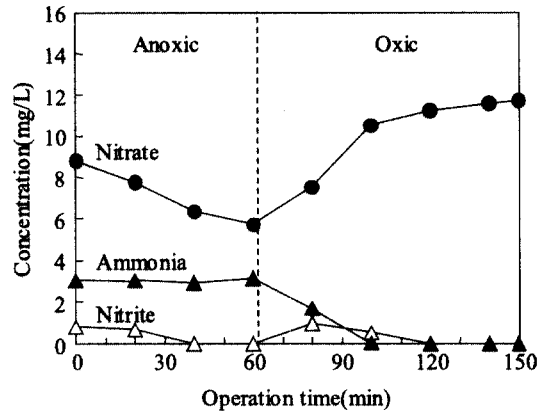


Fig. 4. Variation of ammonia, nitrite, nitrate with anoxic/oxic periods.

되었기 때문인 것으로 사료된다.

Fig. 4는 무포기/포기시간을 60/90min으로 고정시킨 후 1 cycle의 시간변화에 따른 질소의 처리특성을 나타낸 것이다. 무포기 상태에서는 탈질에 의한  $\text{NO}_2\text{-N}$ 와  $\text{NO}_3\text{-N}$ 의 농도가 감소하였으며, 무포기시작후 약 40분경과 후  $\text{NO}_2\text{-N}$ 의 농도는 거의 검출되지 않았으며, 무포기종료시  $\text{NO}_3\text{-N}$  농도는 8.8mg/L에서 5.7mg/L 정도로 감소되었다. 이와 같이 무포기시에  $\text{NO}_2\text{-N}$ 과  $\text{NO}_3\text{-N}$ 이 동시에 탈질이 이루어지는 것을 알 수 있었다. 포기 시작 후

NH<sub>4</sub><sup>+</sup>-N의 감소와 NO<sub>3</sub><sup>-</sup>-N의 증가가 명백히 나타난 것으로 보아 질산화가 활발히 일어남을 알 수 있었다. 포기 40분경과 후 NH<sub>4</sub><sup>+</sup>-N은 완전히 질산화 되었으며, 120분경과 후에는 NO<sub>2</sub><sup>-</sup>-N도 완전히 질산화 되어 검출되지 않았다. 그러나 포기 종료시의 NO<sub>3</sub><sup>-</sup>-N의 농도는 높게 유지됨을 알 수 있었다. 그러나 무포기시 NO<sub>3</sub><sup>-</sup>-N이 제거되지 않는 이유는 유입원수의 유기물 부하가 낮아 탈질시 유기물의 부족으로 인한 것으로 사료된다.

3.2. 반응조내의 미생물 군집의 거동

간헐포기로 운전하는 MBR공정내에서 무포기/포기 1cycle의 시간변화에 따른 미생물의 군집의 변화를 Table 2에 나타내었다. 무포기와 포기의 마지막 부분과 암모니아가 거의 검출되지 않았던 포기시작 후 60분경과 지점에서 퀴논프로파일법을 이용하여 분석한 결과를 molar비로 요약하여 나타내었다. 무포기와 포기기간에서 채취한 슬러지에는 유비퀴논 3가지 types, 즉 UQs-8, -9와 -10이 모든 시료에서 검출되었으며, MK는 12-15types이 함유되어 있는 것으로 나타났다. 무포기시에 우점을 차지하고 있는 대표적인 퀴논 분자종은 UQ-8(존재비: 37.5%)이었으며, 그 다음으로 UQ-10(12.6%), MK-6(11.5%) 그리고 MK-7(9.3%)의 순으로 나타났으나, 포기시에는 UQ-8 > MK-6 > UQ-10 > MK-7의 순으로 나타났다. 특히 UQ-8과 -10의 mole존재비는 포기 60분경과 후 감소하는 경향을 보이다가 150분경과 후에는 다시 증가된 것을 알 수 있었다. 이와 반대로 MK-6의 존재비는 무포기시 0.115이었으나 포기가 끝난지점에서는 0.121로 무포기보다 약간 증가된 것으로 나타났다. 이것은 단일 반응조내의 환경을 무산소성에서 호기성으로 서서히 교차시키므로써 무산소상태의 미생물을 호기성 상태로 되돌리게 하는 과정에서 UQ-8과 UQ-10에 포함되어 있는 일부 미생물들이 사멸되거나 증식이 억제된 것으로 사료된다. 또한 무포기시에는 검출되지 않았으나 포기기간에 검출된 퀴논으로는 MKs-12, -12(H<sub>2</sub>)와 -12(H<sub>4</sub>)이었다. 무산소기간에서 우점을 차지하고 있는 UQ-8과 UQ-10을 함유하고 있으며, 탈질능력을 가지고 있는 박테리아로서 *Alcaligenes faecalis*, *Chromobacterium*과

*Agrobacterium*, *Paracoccus* 등의 증식에 의한 것으로 사료된다. 그리고, 앞에서 설명한 바와 같이 포기기간에서 UQ-8과 MK-6가 증가하는 것은 질산화 박테리아, 즉 *Nitrosomonas europaea*와 *Flavobacterium* 등이 증가된 것으로 사료된다.

유비퀴논과 메나퀴논의 molar분율(UQ/MK)을 조사하여 Table 2에 나타내었다. 무포기시 UQ/MK비는 1.28이었으며, 포기상태에서의 UQ/MK비는 0.83-0.94로 무포기시 보다는 낮게 나타났다. 여기서, 유비퀴논(UQ)과 메나퀴논(MK)은 각각 그람음성균과 그람양성균을 나타낸다. 따라서 무산소상태에서 UQ/MK의 mole비가 1 이상이라는 것은 그람양성균보다는 그람음성균이 우점하고 있음을 알 수 있었다. 이것은 호기상태에서 무산소 상태로 변화하면서 질산화 박테리아보다 탈질화 박테리아 및 유기물분해 박테리아가 우점 하였거나, 어떤 종의 탈질화 미생물이 전주기동안 무산소성의 신진대사를 하였기 때문이라고 사료된다.

Table 2. Composition of quinones in submerged membrane bioreactor with anoxic/oxic periods

Quinone types	Anoxic (60min)	Oxic (120min)	Oxic (150min)
Ubiquinones			
UQ-8	0.375	0.304	0.327
UQ-9	0.061	0.050	0.052
UQ-10	0.126	0.102	0.107
Menaquinones			
MK-6	0.115	0.115	0.121
MK-7	0.093	0.097	0.097
MK-8	0.058	0.065	0.065
MK-9	0.002	0.003	0.002
MK-10	0.005	0.006	0.005
MK-11	0.002	0.004	0.003
MK-12	ND	0.003	0.003
MK-7(H <sub>2</sub> )	0.018	0.019	0.017
MK-8(H <sub>2</sub> )	0.038	0.046	0.044
MK-9(H <sub>2</sub> )	0.009	0.005	0.005
MK-12(H <sub>2</sub> )	ND	0.003	0.003
MK-8(H <sub>4</sub> )	0.040	0.053	0.049
MK-9(H <sub>4</sub> )	0.018	0.025	0.021
MK-10(H <sub>4</sub> )	0.040	0.095	0.075
MK-12(H <sub>4</sub> )	ND	0.007	0.004
UQ/MK	1.28	0.83	0.94

ND: not detected

퀴논프로파일의 변화를 정량적으로 표시하기 위한 목적으로 dissimilarity(비유사도),  $D$ 가 이용되고 있다. 각기 다른 2개의 미생물군,  $i$  와  $j$ 의 퀴논프로파일간의 비유사도  $D(i, j)$ 를 다음의 식으로 정의하여 계산하였다(Hiraishi 등 1991).

$$D(i, j) = (1/2) \sum |f_{ki} - f_{kj}| \quad (1)$$

여기서,  $f_{ki}$ 와  $f_{kj}$ 는  $i$ 와  $j$ 군집내에 퀴논종  $k$ 의 molar분율을 나타낸 것이다.  $D$ 값이 0.1 이하를 나타내는 것은 두 시료간에 거의 차이가 없는 것을 나타내며,  $D$ 가 0.2 이상이면 두 시료의 미생물군집간의 미생물상이 서로 다르다고 할 수 있다. 무포기와 포기시에 조사한 미생물의 퀴논프로파일을 이용하여  $D$ 를 계산한 결과 0.25로 나타났으며, 이것은 반응기의 운전조건(유기물부하, 환경의 변화등)에 따라 미생물군집이 크게 차이가 있음을 나타내었다.

### 3.2.2. 미생물의 다양성

우점 퀴논종의 존재비와 분자종의 분포 패턴에 주목하여, 퀴논프로파일을 지표로 한 미생물 혼합배양계의 다양성을 나타내는 지표, 즉 미생물다양성지표(Diversity index, DQ)를 다음과 같이 정의하였다(Hu 등, 1999b).

$$DQ = \left( \sum_{k=1}^n \sqrt{f_k} \right)^2 \quad (2)$$

단지,  $f_k$ 는 quinone 분자종  $k$ 의 존재비(-)로서,  $n$ 은 존재비가 0.001 이상의 퀴논 분자종의 수이다.  $DQ$ 값은 퀴논 분자종의 수가 많을수록 크게 되며, 전부의 분자종이 평등하게 존재할 때 분자종의 수와 동등하다. 즉,  $DQ$ 값이 분자종의 수와 대응하고 있는 것으로부터  $DQ$ 를 이용해서 객관적으로 다양성을 평가할 수 있다.

상기의 식을 이용하여 퀴논 구성으로부터 유비퀴논, 메나퀴논 그리고 유비퀴논과 메나퀴논을 포함한 총 퀴논의 다양성지표를 계산하여 Table 3에 나타내었다. 무산소시 메나퀴논의 다양성은 포기시보다도 작은 것을 알 수 있었으며, 유비퀴논의 다양성은 무포기와 포기기간이 유사한 것으로 나타났

**Table 3.** Microbial diversity in submerged membrane bioreactor with anoxic/oxic periods

Microbial diversity	Anoxic (60min)	Oxic (120min)	Oxic (150min)
DQ <sub>mk</sub> (-)	4.03	5.79	5.34
DQ <sub>uq</sub> (-)	1.48	1.19	1.27
DQ <sub>q</sub> (-)	10.38	12.25	11.82

DQ<sub>mk</sub>, DQ<sub>uq</sub>, DQ<sub>q</sub>: diversity of menaquinone, ubiquinone and total quinone, respectively

다. 총 퀴논의 다양성 지표는 무포기에서 10.4이였으나, 포기에서는 11.8-12.2로 나타나, 무포기보다 포기기간이 더 미생물이 다양하게 존재하는 것으로 관찰되었다. 그리고, 포기 60분경과 후 다양성지표는 12.3이였으나 포기 150분경과 후에는 11.8로 약간 감소하였다. 이것은 포기시작초기에 혐기성미생물이 함께 존재하였으나 운전기간이 경과할수록 호기에서만 호흡하는 미생물들이 증가하였기 때문이라고 사료된다.

## 4. 결론

도시하수를 처리하는 간헐포기식 MBR공정내에서의 무포기/포기 1cycle의 시간변화에 따른 유기물 및 질소의 거동과 미생물군집의 동태를 검토한 결과, 다음과 같은 결과를 얻었다.

1) 유입농도의 변화폭이 큼에도 불구하고 COD<sub>Cr</sub>의 제거율은 약 93% 이상으로 안정된 유기물질 제거능력을 보여 주었으며, 처리수중의 NH<sub>4</sub><sup>+</sup>-N와 NO<sub>2</sub><sup>-</sup>-N의 농도는 거의 검출되지 않았고, 거의 대부분이 NO<sub>3</sub><sup>-</sup>-N로 질산화되었다.

2) 무포기시의 우점퀴논은 UQ-8이였으며, 다음으로 UQ-10, MK-6, MK-7의 순이었으나, 포기시에는 UQ-8 > MK-6 > UQ-10 > MK-7의 순으로 나타났다.

3) 유비퀴논과 메나퀴논(UQ/MK)의 mole비는 무포기시 1.28이였으며, 포기 60분경과 후에는 0.83, 포기 150분 후에는 0.94로 무포기보다 작게 나타났다. 이것은 무포기에서 포기로 변화하면서 유비퀴논형태의 미생물들이 일부 사멸되었거나, 질산화박테리아가 환경에 적응하는 능력이 늦은 것으

로 사료된다.

4) 무포기시 UQ-8과 UQ-10을 우점퀴논종으로 하는 *Akaligenes faecalis*, *Chromobacterium*, *Agrobacterium*, *Paracoccus* 등이 탈질작용에 기여하고, 포기시에는 UQ-8과 MK-6을 우점퀴논종으로 하는 *Nitrosomonas europaea*와 *Flavobacterium* 등이 질산화에 기여하고 있는 것으로 판단된다.

5) 퀴논의 군집구성을 바탕으로 미생물 다양성지표를 계산한 결과, 유비퀴논의 다양성은 큰 차이가 없었지만, 메나퀴논의 다양성은 무포기기간 보다는 포기시에 미생물이 다양하게 존재함을 알 수 있었다.

### 사사

본 연구는 한국과학재단 목적기초연구(R03-2001-000-00036-0)의 지원을 받아 수행되었기에 깊은 감사를 드립니다.

### 참고문헌

APHA (1992) Standard Methods for the Examination of Water and Wastewaters. 17th edn. American Public Health Association, Washington, D.C.

Collins M.D. and Jones, D. (1981) Distribution of Isoprenoid Quinone Structural Types in Bacteria and their Taxonomic Implications. *Microbiol. Rev.*, **45**, pp. 316-354.

Fang, J. and Barcelona, M.J. (1997) Biogeochemical Evidence for Microbial Community Change in a Jet Fuel Hydrocarbons-Contaminated Aquifer, *Org. Geochem.*, **29**(4), pp. 899-907.

Fujie K., Hu H.-Y., Tanaka H., Urano K., Saito K. and Katayama A. (1998) Analysis of Respiratory Quinones in Soil for Characterization of Microbiota. *Soil Sci. Plant Nutr.*, **44**(3), 393-404.

Hedrick, D.B. and White, D.C. (1986) Microbial Respiratory Quinones in the Environment I. A Sensitive Liquid Chromatographic Method, *J. Microbiol. Methods*, **5**, pp. 243-254.

Hess, A., Hollander, R. and Mannheim, W. (1979) Lipoquinones of some Spore-Forming Rods, Lactic-Acid Bacteria and Actinomycetes, *J. Gen. Microbiol.*, **115**, pp. 247-252.

Hiraishi, A. (1988) Respiratory Quinone Profiles as Tool for Identifying Different Bacterial Populations in Activated Sludge, *J. Gen. Appl. Microbiol.*, **34**, pp. 39-56.

Hiraishi, A. Morishima, Y., and Takeuchi, J. (1991) Numerical Analysis of Lipoquinone Patterns in Monitoring Bacterial Community Dynamics in Wastewater Treatment System. *J. Gen. Appl. Microbiol.*, **37**, pp. 57-70.

Hu H.-Y., Fujie K. and Urano K. (1994) Effect of Temperature on the Reaction Rate of Bacteria Inhabiting the Aerobic Microbial Film for Wastewater Treatment. *J. Ferment. Bioeng.*, **78**(1), 100-104.

Hu, H.-Y., Fujie, K. and Urano, K. (1999a) Development of a Novel Solid Phase Extraction Method for the Analysis of Bacterial Quinones in Activated Sludge with a Higher Reliability, *J. Biosci. Bioeng.*, **87**(3), pp. 378-382.

Hu, H.-Y., Fujie, K., Nakagome, H., Urano, K. and Katayama, A. (1999b) Quantitative Analyses of the Change in Microbial Diversity in a Bioreactor for Wastewater Treatment based on Respiratory Quinones. *Wat. Res.*, **33**(15), pp. 3263-3270.

Kunihiro, T., Hu, H.-Y., Lim, B.-R., Goto, N. and Fujie, K. (2002) Analysis of the Differences in Microbial Community Structures between Suspended and Sessile Microorganisms in Rivers based on Quinone Profile. *J. Gen. Appl. Microbiol.*, **48**, pp. 35-41.

Knudson, M.J. McInerney, L.D., Stetzenbach and M.V. Walter (eds). ASM Press, Washington, DC, pp. 91-101.

Kurusu, F., Satoh, H., Mino, T. and Matsuo, T. (2002) Microbial Community Analysis of Thermophilic Contact Oxidation Process by using Ribosomal RNA Approaches and the Quinone Profile Method. *Wat. Res.*, **36**, pp. 429-438.

Lim, B.-R., Hu, H.-Y., Huang, X. and Fujie, K. (2002) Effect of Seawater on the Treatment Performance and Microbial Population in a Biofilter Treating Coke-Oven Wastewater. *Process Biochemistry*, **37**, pp. 943-948.

Nah, Y.-M., Ahn, K.-H. and Yeom, I.-T. (2000) Nitrogen Removal in Household Wastewater Treatment using an Intermittently Aerated Membrane Bioreactor. *Environ. Technol.*, **21**, pp. 107-114.

White, D.C., Pinkart, H.C. and Ringelberg, A.B. (1997) Biomass Measurements: Biochemical Approaches. Manual of Environmental Microbiology, C.J. Hurst, G.R. World Data Center for Microorganisms (1995) Quinone Database. <http://wdcm.nig.ac.jp/wdcm/Quinone.htm>