

FISH법으로 분석한 주암호의 세균군집구조

박 지 은 · 여 상 민 · 이 영 옥*

(대구대학교 생명과학부)

Analysis of Bacterial Community Structure Using FISH in the Juam Reservoir. Park, Ji-Eun, Sang-Min Yeo and Young-Ok Lee* (Department of Life Science, Daegu University, Kyung-San 712-714, Korea)

Bacterial community structure in the Juam Reservoir was analysed using fluorescent *in situ* hybridization (FISH) technique from April 2005 to January 2006. Total bacterial numbers varied in the range of $1.58 \sim 2.73 \times 10^6$ cells mL^{-1} proportional to the concentration of chl-*a* and had the minimal value in January. The ratios of $\alpha \cdot \beta \cdot \gamma$ -subclass proteobacteria and *Cytophaga-Flavobacterium* (CF) group to total bacteria ranged from 45.1% to 77.5%, and the ratios of $\alpha \cdot \beta \cdot \gamma$ -subclasses to total bacteria in June and September with the concentration of chl-*a* measured were lower than those ratios in April and January. It suggests that enriched growth of *Microcystis aeruginosa* may inhibit the metabolic activity of $\alpha \cdot \beta \cdot \gamma$ -subclass proteobacteria. However, the ratio of CF group bacteria represented no large change depending on algal bloom. In terms of nitrifying bacteria, the numbers of ammonia-oxidizing bacteria ranged from 9.9×10^4 to 26.5×10^4 cells mL^{-1} with sharp fluctuation whereas those of nitrite-oxidizing bacteria varied in $8.7 \sim 9.8 \times 10^4$ cells mL^{-1} without noticeable change except the maximal value of 20.3×10^4 cells mL^{-1} in January maybe due to the high DO.

Key words : Juam Reservoir, FISH, proteobacteria/CF-group, nitrifying bacteria

서 론

광주, 여수, 순천, 광양 등 호남 일원에 생활용수와 농업용수를 공급하기 위해 1992년 보성강 상류에 축조된 저수용량 4억5천7백만 m^3 규모의 주암호는 자연경관 또한 수려해 관광자원으로서의 효용가치도 높은 것으로 알려져 있다. 그런데 최근 주암호에 외편모조류의 일종인 *Peridinium bipes*가 발생해 담수적조 (freshwater red-tide)를 야기하고 있으나 (한국수자원공사, 2003) 그 원인이 명확히 규명되지 않았다. 2002년 이전에는 조류가 발생하더라도 그 정도가 미미하고 남조류가 우점하는 양상을 보였는데 그 이후로는 *Peridinium sp.*가 빈번하게 발

생하고 (국립환경연구원, 2003; 한국수자원공사, 2003) 그 원인은 유역의 농경지배수와 축산폐수에 함유된 영양염류 유입때문이라고 한다 (한국수자원공사, 2003). 그러나 유역의 영양염류 유입으로 빈영양호에서 부영양호로 전이과정에 있는 주암호에서 (김 등, 2001) 물질순환과 에너지흐름에 지대한 역할을 담당하는 세균군집구조 및 그 기능에 관한 연구는 전무하다. 따라서 본 연구에서는 주암호의 세균군집이 계절적으로 어떠한 변화양상을 나타내는지를 조사하고자 한다.

생태계의 세균군집 구조분석이 종전에는 배양 가능한 세균에 국한되었으나 그 결과의 해석에 많은 오류가 있음이 밝혀짐에 따라 (Manz *et al.*, 1992, 1994; DeLong *et al.*, 1993; Wagner *et al.*, 1993; Amann *et al.*, 1994) 최근

* Corresponding author: Tel: 053) 850-6456, Fax: 053) 850-6459, E-mail: ecolomi@daegu.ac.kr

에는 fluorescent *in situ* hybridization (FISH) 등의 분자 생물학적인 연구기법이 도입되어 상용되는 추세이다. FISH법은 세포 내에 많이 존재하는 16S rRNA 또는 23S rRNA에 상보적인 염기서열을 갖도록 설계된 single strand DNA (oligonucleotides probes, 약 17~34 nts)를 교잡 (hybridization)시켜 배양을 통하지 않고 현장상태 (*in situ*)의 세균군집을 형광현미경을 이용해 직접 동정하고 그 개체군의 크기를 정량하는 방법인데 이 기법은 여러 분류계급 즉, 영역 (domain) · 강 (class) · 아강 (subclass) · 속 (genus) · 종 (species) 수준에서 특유의 rRNA-targeted probe를 사용하여 배양이 불가능했던 세균도 검출할 수 있으므로 강, 호수, 해양 (DeLong *et al.*, 1993; Alfreider *et al.*, 1996; Glöckner *et al.*, 1999) 등 자연환경 뿐 아니라 수돗물 (Manz *et al.*, 1993), 폐수처리시스템의 슬러지 (Manz *et al.*, 1994; Kämpfer *et al.*, 1996) 등 다양한 생태계의 세균군집을 파악하는데 활용되고 있다. 본 연구에서는 담수환경에 존재하는 세균의 대부분이 α · β · γ -subclass proteobacteria와 *Cytophaga-Flavobacterium* (CF) group에 속한다고 알려져 있으므로 (Alfreider *et al.*, 1996; Llobet-Brossa *et al.*, 1998) 이들 group-specific 세균군들과 질소순환에 관여하는 질화세균군을 FISH법으로 검출하여 조류발생 전후에 주암호의 세균군 집구조가 어떻게 변화하는지를 분석해보고자 한다.

재료 및 방법

1. 시료채취

시료는 주암호의 곡천2교 지점에서 (Fig. 1) 2005년 4월 19일, 6월 18일, 9월 16일, 2006년 1월 6일까지 4회에 걸쳐 채수하여 FISH법으로 세균군집구조분석을 분석하기 위한 시료는 4% paraformaldehyde solution과 3:1 (시료: 고정액)의 비율로 현장에서 바로 고정하여 실험실로 운반하였다.

2. FISH법을 이용한 세균군집 측정

수계생태계에 존재하는 세균의 대부분을 포함하는 α · β · γ -subclass proteobacteria와 CF-group 세균군과 질화세균을 문헌에 보고된 탐지자 (gene probe, Table 1)를 사용하여 FISH법으로 분석하였다.

1) 시료 고정

고정된 시료를 polycarbonate membrane filter (pore size 0.2 μ m, ψ 25 mm)에 5 mL씩 여과한 후, phosphate

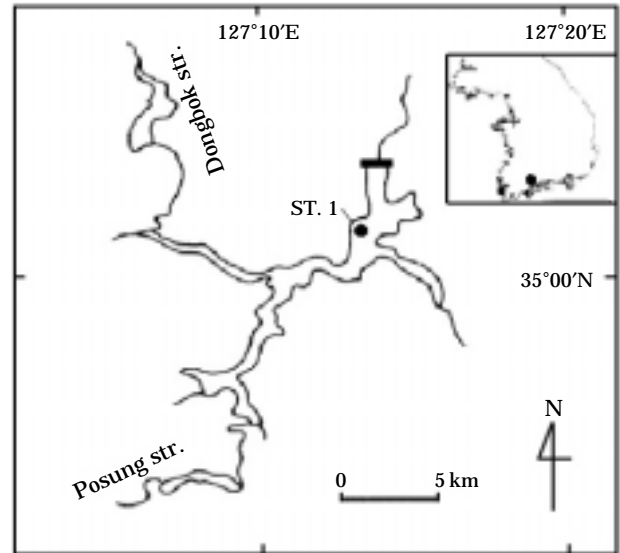


Fig. 1. Sampling site (●) in the Juam Reservoir.

buffered saline (1 × PBS) 1 mL을 여과하였다. 여과된 filter를 50, 80, 99% 0.5 mL ethylalcohol에 차례로 각각 3분 동안 담구어 탈수 · 여과한 후 filter를 공기 중에 건조시켰다.

2) *In situ* Hybridization

탈수 후, 완전히 건조된 filter를 gelatin coated slide glass에 놓고 미리 예열시켜 둔 16 μ L의 hybridization solution [0.9 M NaCl, 20 mM Tris-HCl (pH 7.4), 0.01% SDS, formamide (Table 1)]에 각각의 rRNA targeted oligonucleotide probe (Table 1) 3 μ L를 첨가하여 잘 섞은 후, 46°C에서 90분간 hybridization chamber에서 배양하였다. 특히 NIT3-group을 검색할 때는 mismatching을 방지하기 위해 gene probe, NIT3에 동일한 양의 CNIT3 probe를 첨가하여 교배시켰다 (Wagner *et al.*, 1996). 배양 후 세척은 배양온도보다 2°C 높은 온도에서, 15분 동안 행했는데 이때 사용하는 washing solution [20 mM Tris-HCl, 5 mM EDTA, 0.01% SDS, NaCl (농도 ALF 0.225 M; BET · GAM · CF 80 mM; NIT3/NSO190 0.056 mM)]은 미리 예열시켜 두었다. 세척 후, 총세균수 측정을 위한 DAPI (4'-6-diamidino-2-phenylindole) 염색 (0.11 μ g mL⁻¹)을 5분간 암실에서 실행한 후 (Hicks *et al.*, 1992) 형광현미경 (Axioplan 2, Zeiss)으로 관찰하였다.

3) 각 세균군의 산출

신뢰성 있는 결과를 얻기 위해 각 반응조의 시료 당, 최소한 10개 이상의 임의적인 fields안에 존재하는 해당

Table 1. Sequences, target sites, and specificities of rRNA-targeted oligonucleotide probes used for fluorescent *in situ* hybridization.

Probe	Probe sequence	Target site (<i>E. coli</i> rRNA positions)	Target organisms	Formamide (%)	Reference
ALF1b	5'-CgTTCgYTCTgAgCCAG-3'	16S (19-35)	α -subclass of proteobacteria	20	Manz <i>et al.</i> , 1992
BET42a	5'-gCCTTCCCCTTCgTTT-3'	23S (1027-1043)	β -subclass of proteobacteria	35	Manz <i>et al.</i> , 1992
GAM42a	5'-gCCTTCCCACATCgTTT-3'	23S (1027-1043)	γ -subclass of proteobacteria	35	Manz <i>et al.</i> , 1992
CF319a	5'-TggTCCgTGTCTCgTAC-3'	16S (319-336)	<i>Cytophaga-Flavobacterium</i> group	15	Wagner <i>et al.</i> , 1996
NSO190	5'-CgATCCCCTgCTTTTCTCC-3'	16S (190-208)	Ammonia-oxidizing bacteria	55	Schramm <i>et al.</i> , 1998
NIT3	5'-CCTgTgCTCCATgCTCCG-3'	16S (1030-1047)	Nitrite-oxidizing bacteria	40	Wagner <i>et al.</i> , 1996

Table 2. Physico-chemical parameters in the Juam Reservoir cited by Water Environmental Information System (<http://water.nier.go.kr/weis>).

Date	Parameter	Water level (m)	Temp. °C	pH	DO mg L ⁻¹	BOD mg L ⁻¹	COD mg L ⁻¹	SS mg L ⁻¹	Chl- α mg m ⁻³	NO ₃ -N mg L ⁻¹	PO ₄ -P mg L ⁻¹
2005. 4.		98	16	7.6	12.4	1.3	2.1	2.1	4.6	0.528	0.003
2005. 6.		95	20	8.5	9.8	0.9	2.5	3.8	5.0	0.542	0.004
2005. 7.		96	24	8.0	7.9	1.1	2.3	5.5	8.4	0.652	0.009
2005. 8.		99	26	8.7	1.0	2.0	3.4	8.3	17.7	0.656	0.012
2005. 9.		99	26	8.4	8.5	1.1	1.8	2.9	8.1	0.525	0.006
2005. 10.		97	23	7.4	8.7	1.1	2.3	3.4	4.2	0.334	0.003
2006. 1.		93	4	7.2	13.2	1.1	2.7	3.1	2.0	0.359	0.003

세균을 계수하여 얻어진 평균값을 역시 동일한 fields의 DAPI로 염색된 세균수(총세균수)에 대한 비율(%)로 산출하였다(Glückner *et al.*, 1999).

결과 및 고찰

1. 총세균수의 변화

DAPI로 염색된 세균수 즉 총세균수는 1.58~2.73 × 10⁶ cells mL⁻¹의 범위에서 변화하였는데 2005년 4월 (2.05 × 10⁶ cells mL⁻¹)부터 점점 증가하여, 6월 (2.66 × 10⁶ cells mL⁻¹)과 9월 (2.73 × 10⁶ cells mL⁻¹)에 높은 값을 보이다가 2006년 1월 (1.58 × 10⁶ cells mL⁻¹)에는 절반 가량으로 감소하였다 (Fig. 2). 환경부 물환경정보시스템에서 제공하는 이화학적인 정보 (Table 2)에 의하면 본 조사지점의 엽록소-*a*의 양이 1~3월에 2 mg m⁻³ 미만이었고 4월에 4.6 mg m⁻³의 수치를 나타내며 증가하다가 7월 (8.4

mg m⁻³), 8월 (17.7 mg m⁻³), 9월 (8.1 mg m⁻³)에 연중 최고 수치를 나타냈고 다시 감소하여 4월 이전의 수치를 나타냈다고 보고되었다 (10월: 4.2 mg m⁻³, 11월: 1.1 mg m⁻³, 12월: 1.6 mg m⁻³, 2006년 1월: 2 mg m⁻³). 조류의 발생추이와 총세균수의 변화양상이 유사한 것으로 보아 주암호에서 세균수의 증감은 조류가 분비하는 물질대사산물 및 조류의 사멸과 관련이 있는 것으로 사료된다. 즉, 6월과 9월의 높은 총세균수는 조류가 분비하는 물질대사산물 및 그들의 사멸과 관련이 있고 2006년 1월의 낮은 총세균수는 주암호에 존재하는 유기성 오염원이 상당량 분해되었기 때문인 것 같다.

2. Proteobacteria와 CF group 세균군의 변화

담수환경에 주로 존재하는 것으로 알려진 $\alpha \cdot \beta \cdot \gamma$ -subclass proteobacteria와 *Cytophaga-Flavobacterium* (CF) group 세균군이 총세균수에서 차지하는 비율을 보면 4월에 가장 높았고 (77.5%), 6월 (45.1%), 9월 (39.6%)

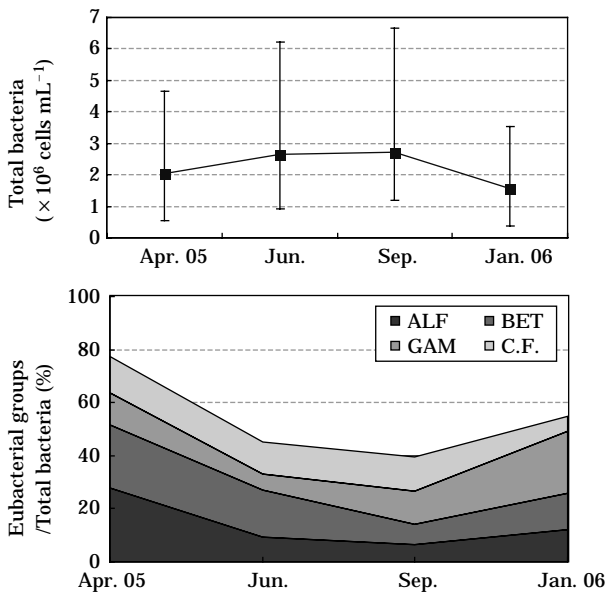


Fig. 2. Variations of total bacterial numbers with standard deviation (upper) and α · β · γ -subclass proteobacteria/*Cytophaga-Flavobacterium* (CF) group detected by group-specific fluorescent probes to total bacteria (% , bottom) in the Juam Reservoir (ALF= α -subclass, BET= β -subclass, GAM= γ -subclass, CF=*Cytophaga-Flavobacterium* group).

과 1월 (54.6%)에는 그보다 낮은 비율로 검출되었다 (Fig. 2). FISH법으로 세균을 검출할 때 그 검출 가능성 여부는 세균내부로의 gene probe 침투력 (Amann *et al.*, 1995) 과 세균에 존재하는 리보솜의 양 (Hicks *et al.*, 1992)에 좌우된다고 한다. 즉 생리적 기능이 좋거나 빨리 자라는 세균에는 리보솜이 많이 존재하므로 FISH법에 의한 세균 검출가능성이 높는데 반해 정수 처리된 음용수에 함유된 세균과 같이 기아상태에 놓인 세균의 검출가능성은 40% 미만이라고 하였다 (Manz *et al.*, 1993). 6월과 9월의 수온이 20~26°C로 세균의 효소활성에 적절함에도 불구하고 FISH법에 의한 세균검출비율이 4월 (16°C: 77.5%) 과 1월 (4°C: 54.6%)보다 낮았다. 이 시기에 *Microcystis aeruginosa* 등의 남세균이 주암호에서 우점하였다고 한다 (조류 연구자: 이학영, 구두진술). 이와 마찬가지로 소양호와 농업용 저수지에서도 *M. aeruginosa*가 우점하는 시기에 총세균수에 대한 α · β · γ -subclass proteobacteria 검출비율이 50% 이하였으며 (김 등, 1999; 이 등, 2002a) 그 이유를 남세균이 생성하는 독성물질 때문일 것으로 추정하였다 (김 등, 1999). 아울러 이 시기의 낮은 세균 검출비율은 용존성 인, 질소 등의 영양염류 결핍과는 무관한 것 같다. 왜냐하면 식물플랑크톤이 가장 번성했던 8월

에 본 조사지점에서 가장 높은 용존성 인 (0.012 mg L⁻¹) 과 질산성 질소 (0.656 mg L⁻¹) 농도를 나타냈다. 김 등 (2001)도 주암호에서는 용존성 인산염외의 다른 성장요인이 식물 플랑크톤의 성장을 제한하는 것으로 추론하였다. 아울러 본 조사 시기 및 지점에서는 주암호의 지류인 동북호에 자주 번성하는 것으로 알려진 *Peridinium sp.*에 의한 적조현상이 나타나지 않았다.

1) α -subclass proteobacteria

*Caulobacter spp.*와 *Hyphomicrobium spp.* 등과 같이 형태가 다양하고 청정수역에서 서식하는 것으로 알려진 (Glöckner *et al.*, 1999) 이 세균군이 총세균수에서 차지하는 비율이 4월 (27.7%)에 가장 높았고 점점 낮아지다가 (6월: 9.4%, 9월: 6.6%) 동절기인 1월 (12.1%)에는 다시 증가하는 양상을 나타냈다. 대체적으로 엽록소-*a* 농도 (2.0 mg m⁻³)가 낮으면 이 세균군이 증가하는 양상을 보였는데 소양호에서도 이와 동일하게 낮은 엽록소-*a* 농도 (2.0 mg m⁻³)에서 이 세균군이 우점하였고 그 원인을 이들이 저농도의 유기물 이용능력이 좋기 때문으로 추정하였다 (김 등, 1999).

2) β -subclass proteobacteria

Nitrosomonas sp., *Thiobacillus sp.* 등 화학독립영양 세균군 (chemoautotrophs)을 포함하며 빈영양상태의 호수에서 α -subclass나 CF group보다 더 빈번하게 검출되고 (Pernthaler *et al.*, 1998), 안정화된 활성슬러지 (Wagner *et al.*, 1993)에서 우점한다고 보고된 이 세균군은 α -subclass 세균군이 가장 우점하던 4월에 가장 높은 빈도 (24.1%)로 검출되었고 남세균 등이 가장 많이 번식했던 시기 직후인 9월 (7.1%)에 가장 적게 검출되었다. 농업용 저수지에서도 이 세균군이 총세균수에서 차지하는 비율이 타 계절에 비해 겨울철부터 봄철에 비교적 높았고 남세균인 *M. aeruginosa*를 포함하는 식물플랑크톤이 왕성하게 성장할 때 적게 검출되는 음의 상관성을 나타냈다고 하였는데 (이와 이, 2002) 주암호에서도 이와 동일한 양상을 보였다.

3) γ -subclass proteobacteria

분해가 용이한 유기물질을 이용해 빨리 성장하며 영양 배지로 배양이 가능한 종속영양세균 (heterotrophs)의 대부분을 포괄하는 이 세균군 (Manz *et al.*, 1993)이 청정 호수에서는 1% 미만으로 그리고 일반적인 수계생태계에서 타 세균군에 비해 적게 존재하는 것으로 알려져 있으나 (Glöckner *et al.*, 1999) 본 조사지점에서는 6월 (6.0%)을 제외하고는 비교적 높은 검출비율을 보였으며 1월에

가장 높은 검출비율을 보였다(4월: 12.0%, 9월: 12.3%, 1월: 23.8%). 이 세균군은 주암호보다 부영양 정도가 심한 농업용 저수지에서도 타계절보다 겨울에 높은 검출비율을 보였으며(이와 이, 2002) 낙동강 중·하류(4% 미만)보다 상류(7.7~10.4%)에서 훨씬 많이 검출되었다(이 등, 2003). 소양호에서도 규조류에 의해 생성된 생분해성 유기물(B-DOC)의 양이 높을 때 γ -subclass 세균군이 전 수심에서 2~3배 증가했다고 하였다(김 등, 1999). 이 세균군의 높은 검출비율은 추후에 연구되어야 할 사안이나 동절기에도 결빙되지 않는 수온, 높은 DO 등 이화학적 인 환경요인들이 타 호수에 비해 좋은 편이어서 유기물분해 등의 물질 순환이 원활하기 때문일 가능성도 있다.

4) *Cytophaga-Flavobacterium*(CF) group

담수 환경의 저니층에 많이 분포하고(Llobet-Brossa *et al.*, 1998) 다양한 고분자물질 및 고분자응집물(macroaggregate)의 분해에 관여(Alfreider *et al.*, 1996; Pernthaler *et al.*, 1998)하는 것으로 알려진 이 세균군은 1월(5.3%)을 제외하고는 계절과 상관없이 12.0~13.9%의 고 큰 분포를 나타냈다. 빈영양호에서 엽록소-*a* 증가 시, 이 세균군이 우점한다고 보고되었으나(Pernthaler *et al.*, 1998), 본 결과에서는 엽록소-*a*가 6월에 비해 8~9월에 증가하였지만(Table 2) 이때 검출한 이 세균군의 크기는 별 차이가 없었으나(6월: 12.0%, 9월: 13.9%) 동절기보다 식물플랑크톤의 성장이 좋은 4~9월에 많이 검출된 것으로 보아 이들이 조류에 함유된 고분자 유기물의 분해에 관여하는 것으로 생각된다. 이 세균군은 낙동강에서도 중·하류보다 상류에서 훨씬 많이 검출되었다(이 등, 2003). 또한 본 연구에서 사용된 유전자 탐침자(CF319a)와 동일한 것으로 호수에서 검출한 CF group 세균군 다수가 사상성(filamentous)이었다고 보고되었는데 주암호에서는 단세포성 세균이 우세하였다.

3. 질화세균의 연중변화

암모니아 산화세균군을 동정하는데 사용된 NSO190 probe에 의해 검출이 가능한 세균들에는 *Nitrosomonas* sp., *Nitrosococcus mobilis* sp., *Nitrospira* sp.이 있으며(Schramm *et al.*, 1998) 이 세균군은 β -subclass proteobacteria 속한다고 알려져 있다(Kowalchuk *et al.*, 1999). 반면에 아질산 산화세균을 동정하는데 사용한 NIT3 probe에 의해 검출이 가능한 세균들은 *Nitrobacter winogradsky*와 *N. hamburgensis* 등 *Nitrobacter* sp.로써 α -subclass proteobacteria에 포함되는 것으로 알려졌다(Schramm *et al.*, 1998). 암모니아 산화세균수는 4월(15.8

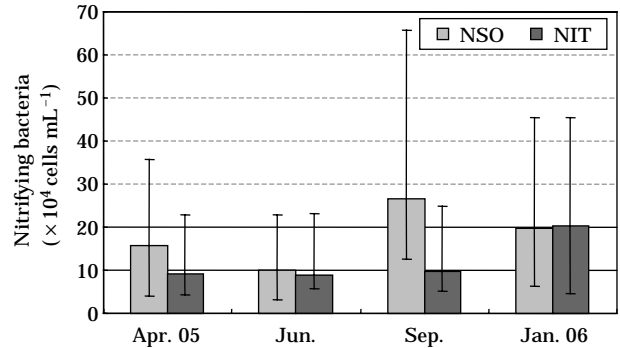


Fig. 3. Seasonal variation of ammonia oxidizing bacteria (NSO) and nitrite oxidizing bacteria (NIT) in the Juam Reservoir.

$\times 10^4$ cells mL $^{-1}$), 6월(9.9×10^4 cells mL $^{-1}$), 9월(26.5×10^4 cells mL $^{-1}$), 그리고 1월(19.6×10^4 cells mL $^{-1}$) 세균수에 큰 변동을 보이며 변화하는 반면 아질산 산화세균군의 개체수는 1월(20.3×10^4 cells mL $^{-1}$)을 제외하고는 $8.7 \sim 9.8 \times 10^4$ cells mL $^{-1}$ 범위에서 소폭으로 변화하며 계절적인 차이를 보이지 않았으며 전반적으로 암모니아 산화세균군수보다 작았다(Fig. 3). 1월에 아질산염 산화세균수가 급증한 것은 아질산염이 질산염으로 산화되려면 $\text{NH}_4^+/\text{NO}_2^-$ 의 redox potential(산화환원전위, 340 mV)보다 높은 산화환원전위(430 mV)가 요구된다(Madigan *et al.*, 2003)는 보고와 같이 높은 DO와 관련이 있는 것 같다. 본 연구자가 주암호보다 부영양화 정도가 심한 농업용 저수지(이와 이, 2002)에서 측정된 이 두 개체군의 크기는 주암호보다 약 1/10 정도로 작았다(암모니아 산화세균수: $0.9 \sim 3.0 \times 10^4$ cells mL $^{-1}$, 아질산 산화세균수: $1.3 \sim 5.7 \times 10^4$ cells mL $^{-1}$). Matulewich 등(1975)은 MPN 배양기법으로 질화세균수 측정시, 암모니아산화세균은 20~55일간 배양하면 최고치에 도달하는데 반해, 아질산 산화세균은 103~113일간의 장시간 배양을 요한다고 했는데 이와 같은 두 세균군간의 성장률 차이가 본 연구결과에서의 두 세균군간의 수적인 차이를 가져왔을 가능성도 있다. 질소순환에 관여하는 이들 질화세균들이 총세균수에서 차지하는 비율은 2.6~15.1%(암모니아산화세균: 2.9~13.5%, 아질산산화세균: 2.6~15.1%)로 주암호보다 부영양화 정도가 심한 농업용 저수지보다 높았다(이와 이, 2002).

적 요

빈영양호에서 부영양호로 전이과정에 있는 주암호에서

물질순환과 에너지흐름에 지대한 역할을 담당하는 세균 군집구조를 분석하기 위해 수계에 주로 존재하는 $\alpha \cdot \beta \cdot \gamma$ -subclass proteobacteria와 *Cytophaga-Flavobacterium* (CF) group 세균군, 그리고 질소순환에 관여하는 질화세균을 FISH법으로 2005년 4월부터 2006년 1월까지 4회에 걸쳐 검출하였다. 총세균수는 엽록소-*a* 농도가 높을 때 많이 검출되었고 엽록소-*a* 농도가 낮을 때는 감소하는 경향을 보였다. 수계에 존재하는 물질순환에 관여하는 세균들의 동태를 파악하는데 속(genus) 수준의 세균군이 아닌 그룹별세균, 즉 $\alpha \cdot \beta \cdot \gamma$ -subclass proteobacteria와 *Cytophaga-Flavobacterium* (CF) group 세균군을 동정하여 정량화하면 특정 세균군들에 관한 세부적인 정보는 얻을 수 없지만 해당수계의 거시적인 자정작용 정도를 파악할 수 있는 정보를 얻을 수 있다. 그 변화양상을 보면 빈영양 상태의 호수에서 주종을 이루는 $\alpha \cdot \beta$ -subclass proteobacteria이 4월에 가장 많이 검출되었고 남세균 등 조류의 번식이 왕성했던 6~9월에 감소하는 양상을 나타냈는데 이는 이 시기에 우점하던 남세균, *M. aeruginosa* 이 생성하는 독성물질이 이들 세균의 물질대사를 저해하기 때문으로 생각된다. 또한 분해가 용이한 저분자 유기물을 이용해 빨리 성장하며 배지로 분리배양이 가능한 대부분의 종속영양세균(heterotrophs)을 포함하는 γ -subclass proteobacteria도 조류의 번식이 왕성하던 6~9월 보다는 4월과 1월에 높은 비율로 검출되었는데 이는 이 시기에 주암호에 존재하는 유기물의 분해 및 자정작용에 기인하는 것으로 사료된다. 반면 CF group 세균군은 1월을 제외하고는 거의 유사한 비율로 관찰되었다. 아울러 질화순환에 관여하는 질화세균도 동절기에 증가하는 양상을 보였으며 이때 수계의 높은 DO가 그들의 활성에 주요인으로 작용하는 것으로 사료된다.

사 사

본 논문의 개선을 위해 유익한 의견을 주신 3인의 심사자들에게 심심한 사의를 표합니다. 아울러 본 연구는 2005년도 대구대학교 학술연구비 지원에 의해 수행되었습니다.

인 용 문 헌

국립환경연구원. 2003. 주암호 조류발생양상과 변동요인 조사 연구 (II). 영산강물환경연구소.

- 김동주, 홍선희, 안태석. 1999. 소양호에서 세균군집구조의 계절적·수직적 변화. 한국미생물학회지 **35**: 242-247.
- 김범철, 박주현, 허우명, 임병진, 황길순, 최광순, 최중수. 2001. 국내 주요 호수의 육수학적 조사(4): 주암호. 육수지 **34**: 30-44.
- 이영옥, 이희순. 2002. 농업용 저수지에서의 질화세균의 계절적인 변화. 육수지 **35**: 152-159.
- 이영옥, 박지은, 신승필, 안영희. 2003. FISH법을 이용한 낙동강 상중하류의 세균군집구조 분석. 한국물환경학회지 **19**: 311-320.
- 이희순, 박정원, 김미경, 이영옥. 2002. 남매지에서 Eubacteria 군집구조의 계절적 변화와 그에 영향을 미치는 환경요인. 한국미생물학회지 **38**: 31-37.
- 한국수자원공사. 2003. 주암댐 담수적조 발생 원인분석(1). 한국수자원공사.
- Alfreider, A., J. Perenthaler, R. Amann, B. Sattler, F.O. Glöckner, A. Wille and R. Psenner. 1996. Community analysis of the bacterial assemblages in the winter cover and pelagic layers of a high mountain lake by *in situ* hybridization. *Appl. Environ. Microbiol.* **62**: 2138-2144.
- Amann, R., W. Ludwig and K.H. Schleifer. 1994. Identification of uncultured bacteria: A challenging task for molecular taxonomists. *ASM News.* **60**: 360-365.
- Amann, R., W. Ludwig and K.H. Schleifer. 1995. Phylogenetic and *in situ* detection of individual microbial cells without cultivation. *Microbiol. Rev.* **59**: 143-169.
- DeLong, E.F., G.S. Wickham and A.A. Davis. 1993. Phylogenetic diversity of substrate marine microbial communities from the Atlantic and Pacific Oceans. *Science* **243**: 1360-1363.
- Glöckner, F.O., B.M. Fuchs and R. Amann. 1999. Bacterioplankton composition of lake and oceans: a first comparison based on fluorescence *in situ* hybridization. *Appl. Environ. Microbiol.* **65**: 3721-3726.
- Hicks, R., R. Amann and D.A. Stahl. 1992. Dual staining of natural bacterioplankton with 4, 6-diamidino-2-phenylindole and fluorescent oligonucleotide probes targeting kingdom level 16S rRNA sequences. *Appl. Environ. Microbiol.* **58**: 2158-2163.
- Kämpfer, P., R. Erhart, C. Beimfohr, J. Böhringer and M. Wagner. 1996. Characterization of bacterial communities from activated sludge: Culture-dependent numerical identification versus *in situ* identification using group- and genus-specific rRNA-targeted oligonucleotide probes. *Microb. Ecol.* **32**: 101-121.
- Kowalchuk G.A., Z.S. Naoumenko, P.J.L. Derikx, A. Felske, J.R. Stephen and I.A. Arkipchenko. 1999. Molecular Analysis of ammonia-oxidizing bacteria of the β

- subdivision of the class *Proteobacteria* in compost and composted materials. *Appl. Microbiol. Biotechnol.* **65**: 396-403.
- Llobet-Brossa, E., R. Rosselló-Mora and R. Amann. 1998. Microbial community composition of Wadden Sea sediments as revealed by fluorescence *in situ* hybridization. *Appl. Environ. Microbiol.* **64**: 2691-2696.
- Madigan, T.M., J. Martino and J. Parker. 2003. Biology of microorganisms. Prentice Hall publisher.
- Manz, W., R. Amann, W. Ludwig, M. Wagner and K.H. Schleifer. 1992. Phylogenetic oligodeoxynucleotide probes for the major subclasses of proteobacteria: problems and solutions. *System. Appl. Microbiol.* **15**: 593-600.
- Manz, W., U. Szewzyk, P. Ericsson, R. Amann, K.H. Schleifer and T. Stenström. 1993. *In situ* identification of bacteria in drinking water and adjoining biofilms by hybridization with 16S and 23S rRNA-directed fluorescent oligonucleotide probes. *Appl. Environ. Microbiol.* **59**: 2293-2298.
- Matulewich, V.A., P.F. Strom and M.S. Firnstein. 1975. Length of incubation for enumerating nitrifying bacteria present in various environment. *Appl. Microbiol.* **29**: 265-268.
- Pernthaler, J., F.-O. Glöckner, S. Unterholzner, A. Alfreider, R. Psenner and R. Amann. 1998. Seasonal community and population dynamics of pelagic bacteria and archaea in a high mountain lake. *Appl. Environ. Microbiol.* **64**: 4299-4306.
- Schramm, A., D. DE Beer, M. Wagner and R. Amann. 1998. Identification and activities *in situ* of *Nitrosospira* and *Nitrospira* spp. as dominant populations in a nitrifying fluidized bed reactor. *Appl. Environ. Microbiol.* **64**: 3480-3485.
- 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.
- Wagner, M., G. Rath, H.-P. Koops, J. Floos and R. Amann. 1996. *In situ* analysis of nitrifying bacteria in sewage treatment plants. *Wat. Sci. Tech.* **34**: 237-244.

(Manuscript received 24 April 2006,
Revision accepted 9 June 2006)