

천일염 생산공정별 미생물 분포 조사 및 호염미생물 동정

나종민^{1,2} · 강민승¹ · 김진효³ · 김영섭¹ · 제정환¹ · 김정봉¹ · 조영숙¹ · 김재현¹ · 김소영^{1*}
¹농촌진흥청 국립농업과학원 농식품자원부 기능성식품과, ²충북대학교 농업생명환경대학 식품공학과
³농촌진흥청 국립농업과학원 농산물안전성부 유해화학과

Received: October 5, 2010 / Revised: May 24, 2011/Accepted: May 25, 2011

Distribution and Identification of Halophilic Bacteria in Solar Salts Produced during Entire Manufacturing Process. Na, Jong-Min^{1,2}, Min-Seung Kang¹, Jin-Hyo Kim³, Yong-Xie Jin¹, Jeong-Hwan Je¹, Jung-Bong Kim¹, Young-Sook Cho¹, Jae-Hyun Kim¹, and So-Young Kim^{1*}. ¹Functional Food & Nutrition Division, Department of Agrofood Resources, National Academy of Agricultural Sciences (NAAS), RDA, Suwon 441-853, Korea, ²Department of Food Science and Technology, Research Center for Bioresource and Health, Chungbuk National University, Cheongju 361-763, Korea, ³Chemical Safety Division, National Academy of Agricultural Sciences(NAAS), RDA, Suwon 441-707, Korea – In this study, we determined the changes in microbial numbers in solar salts according to the manufacturing process and storage duration. The salt samples were harvested from salt farms in Shinan (area 2) and Yeonggwang (area 1). They were serially diluted ten-fold and then placed on 4 kinds of cultivable media (mannitol salt agar, eosin methylene blue, plate count agar, and trypticase soy agar). After incubation, we obtained 62 halophilic isolates from the salt samples. Coliform and general bacteria were not detected in all salt samples. By 16S rRNA sequencing analysis, we found 12 kinds of halophilic bacteria belonging to the genera *Halobacillus*, *Halomonas*, *Bacillus*, *Idiomarina*, *Marinobacter*, *Pseudoalteromonas*, *Vibrio*, *Salinivibrio*, *Virgibacillus*, *Alteromonas*, *Staphylococcus* and some un-known stains. In our study, we discovered two novel species that have a 16S rDNA sequence similarity below 97%.

Key words: Halophilic bacteria, mannitol salt agar, solar salt, 16S rRNA gene sequencing

서 론

소금은 우리 식생활에 있어 없어서는 안 될 매우 중요한 식품임에도 불구하고 건강에 좋지 않은 식품으로 인식되어 오고 있다. 소금이 신진대사 촉진, 적혈구 생성, 체액 균형 유지 등 인체에 유용한 작용을 하는 필수물질이지만[2] 소금의 과잉 섭취는 고혈압, 뇌졸중 등 심혈관질환과 같은 위험요인을 갖고 있는 것도 사실이다[6, 7, 21]. 그러나 최근 국내외적으로 천일염의 품질우수성 및 생리활성 효과가 밝혀지면서 천일염에 대한 새로운 인식 변화가 나타나게 되었다[10, 19]. 이에 지난 2008년 3월에 농림수산식품부의 김치, 고추장, 천일염 등 6대 전통발효식품의 명품화 육성 정책 추진 계획에 따라 천일염이 “광물”(염관리법, 1963년)에서 “식품”(식품위생법)으로 분류되었고 천일염의 식품규격기준도 2009년 3월에 설정되었다. 이에 모든 음식의 기본재료로 사용되고 있는 천일염을 위생안전적으로 대량 생산함으로써 농

식품과 연계한 산업화가 촉진될 수 있는 기반을 마련하게 되었다[11, 12].

2006년 대한염업조합 자료에 따르면 국내 천일염 생산량 286천 톤 중 82%인 235천 톤은 전남지역에서 생산되고 있고, 국외에서는 중국, 프랑스, 베트남 등에서 수입되고 있는데 2004년 이후 현재까지 국내 수입물량이 점차 증가하고 있는 추세이다[11]. 천일염은 대부분 김치, 장류 등 전통발효식품 및 다양한 가공식품을 제조하는데 폭넓게 이용되고 있다.

기존 염관리법에서 천일염의 식품화에 따른 연구개발 및 육성지원 제도가 제대로 갖추어지지 않은 상태에서 천일염에 대한 갑작스런 관심 증대로 우려되는 문제점들이 많다. 우선적으로 천일염이 식품으로서 안전성 인식 문제해결을 위한 제도 및 식품으로서의 천일염 관리기준 확립과 프랑스의 적색라벨제(Label Rouge)와 같은 품질등급화를 위한 제도 마련이 시급하다. 프랑스, 중국 일본 등과 같이 우리나라에서도 식품공전에 천일염 및 식염에 대한 식품규격기준이 마련되어 있지만, 일본의 경우에만 식염염에 대해 일반세균 수 300 CFU/g 이하, 대장균 불검출로 미생물에 대한 검출 기준이 정해져 있다[16].

*Corresponding author
Tel: +82-31-299-0513, Fax: +82-31-299-0504
E-mail: foodksy@korea.kr

그러나 미생물학적 접근으로 볼 때 염농도는 미생물 생육에 높은 영향을 미치는 환경요인 중 하나로 대부분의 미생물들은 염농도 1% 이내를 생육 최적조건으로 하지만 자연계에 존재하는 미생물들 중 그 이상의 염농도에서도 생육이 가능한 것들도 있다[8]. 이들을 염농도에 적응여부를 기준으로 높은 염농도에서 생육 가능한 내염성 미생물과 생육 최적조건으로 하는 호염성 미생물로 구분할 수 있다. 이들 호염성 미생물은 일반적으로 요구되는 최적 염농도에 따라 내염성균(0~0.3 M), 중호염성균(0.2~2.0 M), 그리고 고호염성균(3.0~5.0 M)으로 분류하고 있다[5, 18].

최근에는 전 세계적으로 염전에서 생육하는 이들 호염미생물의 군집분석[1, 3, 4], 생화학[17] 및 유전학적 특성 구명[20, 24] 등 천일염 유래 호염미생물의 산업화를 위해 많은 연구자들의 관심 속에서 이와 관련하여 활발하게 연구가 수행되고 있다[9, 13].

따라서 본 연구에서는 천일염 생산의 근원이 되는 해수로부터 천일염이 형성되어 저장하기까지의 생산공정별 미생물 분포 조사를 16S rRNA sequencing 분석을 바탕으로 한 분자생물학적 기법을 이용하여 조사하였다. 이를 토대로 국내 최대 생산지에서 생산된 천일염의 미생물학적 위생안전성을 확인하고, 기존에 보고되지 않은 새로운 호염미생물을 분리하여 보고하고자 한다.

재료 및 방법

실험재료

천일염 시료는 2009년 6월에 전라남도 서해안에 위치한 신안군의 증도면(T 염전)과 도초면(S 염전) 그리고 영광군(D 염전)에서 생산공정을 저장수, 증발지, 함수저장고, 결정지, 소금저장고 등 5단계 과정으로 구분하여 총 28개 시료를 수집하여 사용하였다.

미생물 배양 및 분리

28개의 분석 시료에서 각각 1 g 또는 1 mL를 취하여 생리식염수 용액 9 mL과 혼합하여 1분간 vortex하였고, 이를 균질화한 후 10^{-1} ~ 10^{-7} 로 십진 희석하였다. 희석액은 4종류의 선택배지에 각각 도말하여 35°C에서 48시간 이상 배양하였다. 사용된 배지는 세균 분리를 위한 Trypticase soy agar(TSA), Plate count agar(PCA) 그리고 호염세균 분리를 위한 7% NaCl을 함유하고 있는 배지 Mannitol salt agar(MSA)와 대장균 분리용 선택배지인 Eosin methylene blue(EMB)를 사용하였다. 본 연구에 사용된 미생물 배양에 이용된 배지들은 모두 DIFCO Co.(USA)에서 구입하였다. 배양 후 형성된 집락(colony)은 크기, 모양과 색 등의 형태학적 특성에 따라 분류, 무작위로 다수의 콜로니를 선택하였으며, 3회의 계대 배양을 통해 미생물을 순수 분리하였다[18].

분리균 동정

16S rRNA gene sequence 분석을 통한 분리미생물의 동정을 위해 순수 분리된 집락에서 균체를 취하여 colony PCR을 수행하였다. PCR premix와 혼합한 후, 27f와 1492r의 primer를 이용하여 16S rRNA gene을 증폭하였다. 증폭된 PCR 산물은 Solgent Co. Ltd(Korea)에 의뢰하여 염기서열을 분석하였다[14].

각 미생물 별로 조합된 16S rRNA 염기서열은 DDBJ database를 통해 기존에 보고된 미생물의 16S rRNA 염기서열과 상동성을 비교함으로써 세균을 분류하고 동정하였다. 그리고 분리된 미생물의 16S rRNA 염기서열을 CLUSTAL X program으로 multiple sequence alignment한 후 phylogenetic consensus tree를 작성하였다. 해당 분석은 neighbour-joining 알고리즘을 바탕으로 수행되었다. 미생물 분류 체계상 16S rRNA 염기서열의 상동성이 99% 이상이면 기존에 보고된 미생물을 참고하여 동일 균주로, 97.0% 미만이면 계통학적으로 가장 유연관계가 높은 속으로 분류하였다[22, 23].

결과 및 고찰

생산 공정별 천일염 내 미생물 분포 조사

Table 1에서 보는 것처럼 전남지역 3곳의 염전에서 저장수로부터 소금저장고에 이르기까지 생산 공정별로 채취한 천일염 시료에서는 식품 오염 지표 미생물인 *Escherichia coli*는 모든 단계에서 검출되지 않았다. 이는 일본의 식용염에 정해진 대장균 불검출이라는 기준에 준한 결과로 우리나라의 천일염 생산 공정에서 오염미생물에 대한 미생물학적 안전성을 입증할 수 있었다. 그러나 천일염 생산 공정 중 대장균은 검출되지 않았지만, 저장수 및 증발지 단계로 진행되면서 1.1×10^3 ~ 1.8×10^5 CFU/g의 미생물이 검출되어 총세균수 300 CFU/g 이하라는 일본 식용염 기준[16]에 부적합한 결과를 얻었다. 그러나 이들 분리균들은 총균수 계수용 배지인 Plate count agar(PCA)와 Trypticase soy agar(TSA)에서는 검출되지 않았거나 검출율이 낮았고, 7%(w/v) NaCl이 첨가되어 있는 Mannitol salt agar(MSA)에서만 생육하였다. 따라서 이번 연구결과를 통해 우리는 천일염의 경우는 식품의 일반세균에 대한 검출 기준이 아니라 호염미생물에 대한 별도의 기준이 마련되어야 하고, 이들 미생물의 총균수 계수를 위한 일정 농도의 염을 포함한 배양배지를 사용하여야 분석시료 중 존재하는 호염균을 분리할 수 있음을 알 수 있었다. 이번 연구에서 분리된 균주들은 약 1.2 M 염농도에서 배양되었기 때문에 Gilmour[3]의 분류에 따라 0.2 M~2.0 M 염농도에서 자라는 중호염성균 군으로 분류하였다.

육지 염전인 D염전에서는 저장수에서 1.1×10^3 CFU/mL의 세균이 검출되었고 증발지 단계에서 3.7×10^4 CFU/mL까지 증가하다 결정지에서 6.3×10^3 CFU/mL 수준까지 감소하였으

Table 1. Investigation of total halophilic bacteria isolated from solar salts during the entire manufacturing process.

No. ^a	Sample information	Bacterial count (CFU/g or mL) ^b			
		EMB	MSA	PCA	TSA
S1	Seawater	- ^c	1.6×10 ⁴	-	-
S2	Evaporation pond (1 st)	-	4.6×10 ⁴	-	-
S3	Evaporation pond (2 nd)	-	1.3×10 ⁴	-	-
S4	Ephemeral saline reservoir (1 st)	-	-	-	-
S5	Ephemeral saline reservoir (2 nd)	-	-	-	-
S6	Salt outer storage (2006.08)	-	-	-	-
S7	Salt inter storage (2006.08)	-	-	-	-
S8	Salt storage (2007.06)	-	-	-	-
S9	Salt storage (2008.09)	-	-	-	-
D1	Seawater	-	1.1×10 ³	-	-
D2	Evaporation pond (1 st)	-	2.8×10 ³	-	-
D3	Evaporation pond (2 nd)	-	3.7×10 ⁴	-	-
D4	Evaporation pond (3 rd)	-	2.0×10 ⁴	-	-
D5	Ephemeral saline reservoir	-	9.6×10 ³	-	-
D6	Crystallization pond	-	6.3×10 ³	-	-
D7	Salt storage	-	-	-	-
T1	Seawater	-	3.4×10 ⁴	-	-
T2	Evaporation pond (1 st)	-	3.6×10 ⁴	-	2.6×10 ³
T3	Evaporation pond (2 nd)	-	5.0×10 ⁴	-	1.7×10 ³
T4	Evaporation pond (3 rd)	-	3.4×10 ⁴	-	1.0×10 ³
T5	Evaporation pond (4 st)	-	1.8×10 ⁵	-	3.9×10 ²
T6	Crystallization pond (1 st , Gray salt)	-	1.1×10 ³	-	-
T7	Crystallization pond (2 nd , Gray salt)	-	2.4×10 ²	-	-
T8	Crystallization pond (2 nd , Upper and gray salt)	-	2.4×10 ²	-	-
T9	Crystallization pond (Modern salt)	-	1.0×10 ²	-	-
T10	Crystallization pond (Upper and modern salt)	-	4.8×10 ¹	-	-
T11	Salt storage (2009.06, Modern salt)	-	-	-	-
T12	Salt storage (2004.06, Modern salt)	-	-	-	-

^aS saltpan (Chunnam Docho); D saltpan (Chunnam Yeonggwang); T saltpan (Chunnam Jungdo).

^bCultivable media: EMB for *E. coli*, MSA with 7% salt for halophilic bacteria and *Staphylococcus aureus*, PCA and TSA for total bacteria.

^c- : Not detected

며, 소금저장고에서는 전혀 검출되지 않았다. 그리고 해안 지역에 위치한 T염전의 경우 다른 염전에 비해 저장수에서 3.4×10^4 CFU/mL의 상당히 높은 수의 미생물이 검출되었고, 그 다음 증발지 단계에서는 염도 10도인 2차 증발지에서 1.8×10^5 CFU/mL 수준으로 가장 높은 수의 검출율을 나타내었다. 이후 단계로 진행되면서부터는 다른 염전과 마찬가지로 결정지 단계에서 서서히 감소되다가 소금저장고에 보관된 천일염에서는 미생물이 검출되지 않았다. 마지막으로 우리나라 소금생산지 중 청정지역으로 알려져 있는 S염전에서는 저장수와 증발지에서 $1.6 \times 10^4 \sim 1.3 \times 10^4$ CFU/mL 수준으로 미생물이 검출되었지만, 다른 염전과 달리 함수저장고와 결정지 단계에서 미생물이 전혀 검출되지 않았다. 이와 같은 결과를 통해 천일염이 결정화되면서 염농도가 높아지는 함수저장고와 소금창고에서는 호염균조차도 생육이 억제됨을 알 수 있었고, 천일염 중 좀 더 다양한 미생물 분포 조사

를 위해서는 유전학적 기법을 이용한 비배양법을 통해 조사되어야 할 것이다. 이번 연구에서는 배양법을 통해 분리된 균주들의 동정을 위해 각 공정별로 콜로니 모양, 크기를 고려하여 무작위로 선별하여 총 호염미생물 62균주를 순수 분리 배양하여 미생물을 동정하였다.

16S rRNA 염기서열 분석에 의한 분리균 동정

각 공정에서 분리된 호염미생물 총 62균주를 순수 분리 배양하여 16S rRNA 염기서열 분석법을 통해 미생물 동정을 실시한 후 중복된 균종을 제외하고 대표적으로 37분리 균주만을 정리하여 Table 2에 나타내었다. 천일염 생산공정 중 채취한 시료에서는 총 12속 미생물의 존재를 확인하였는데, 이들의 미생물속은 *Halobacillus*, *Halomonas*, *Bacillus*, *Idiomarina*, *Marinobacter*, *Pseudoalteromonas*, *Vibrio*, *Salinivibrio*, *Virgibacillus*, *Alteromonas*, *Staphylococcus*, un-

Table 2. Species-identification of halophilic bacteria isolated from solar salts by 16S rRNA sequencing.

Saltpan	Sources	Strains	Species-identification	Identity (%)	Accession number
T	Crystallization pond	T7-6M	<i>Halobacillus</i> sp.	99.37	AB617537
T	Crystallization pond	T8-11M	<i>Halobacillus</i> sp.	99.79	AB617538
T	Crystallization pond	T8-18M	<i>Halobacillus</i> sp.	99.25	AB617539
T	Crystallization pond	T7-4M	<i>Halobacillus trueperi</i>	99.31	AB617540
S	Seawater	S7-1T	<i>Halobacillus trueperi</i>	99.31	AB617541
T	Crystallization pond	T8-20M	<i>Halobacillus trueperi</i>	99.79	AB617542
T	Crystallization pond	T8-28M	<i>Halomonas alimentaria</i>	99.93	AB617543
T	Crystallization pond	T8-1M	<i>Halomonas ventosae</i>	99.79	AB617544
T	Crystallization pond	T7-7M	<i>Bacillus aquimaris</i>	99.65	AB617545
T	Crystallization pond	T8-4M	<i>Bacillus aquimaris</i>	99.30	AB617546
T	Crystallization pond	T10-3M	<i>Bacillus baekryungensis</i>	99.31	AB617547
T	Crystallization pond	T7-3T	<i>Bacillus gibsonii</i>	99.96	AB617548
T	Crystallization pond	T8-3T	<i>Bacillus gibsonii</i>	99.65	AB617549
T	Crystallization pond	T10-1M	<i>Bacillus horikoshii</i>	99.38	AB617550
D	Seawater	D1-6M	<i>Bacillus marisflavi</i>	99.86	AB617551
T	Crystallization pond	T10-1T	<i>Bacillus megaterium</i>	99.45	AB617552
T	Crystallization pond	T7-9T	<i>Bacillus</i> sp.	97.58	AB617553
T	Crystallization pond	T8-25M	<i>Bacillus</i> sp.	99.72	AB617554
T	Crystallization pond	T10-2M	<i>Bacillus</i> sp.	99.51	AB617555
T	Crystallization pond	T8-3M	<i>Idiomarina seosinensis</i>	99.24	AB617556
D	Seawater	D1-1T	<i>Marinobacter alkaliphilus</i>	99.30	AB617557
D	Seawater	D1-1M	<i>Marinobacter flavimaris</i>	99.86	AB617558
D	Evaporation pond	D2-3M	<i>Marinobacter</i> sp.	99.79	AB617559
D	Evaporation pond	D3-2M	<i>Marinobacter</i> sp.	99.80	AB617560
D	Seawater	D1-2T	<i>Micrococcus luteus</i>	99.43	AB617561
D	Evaporation pond	D2-5M	<i>Pseudoalteromonas ruthenica</i>	99.29	AB617562
D	Evaporation pond	D2-6M	<i>Pseudoalteromonas ruthenica</i>	99.93	AB617563
D	Evaporation pond	D2-1T	<i>Salinivibrio budaii</i>	99.03	AB617564
D	Evaporation pond	D3-3M	<i>Salinivibrio</i> sp.<Un-known> ^a	96.81	AB617565
D	Evaporation pond	D3-4M	<i>Salinivibrio vallismortis</i>	98.68	AB617566
D	Evaporation pond	D3-5M	<i>Salinivibrio</i> sp.<Un-known> ^a	96.69	AB617567
D	Evaporation pond	D2-7M	<i>Salinivibrio</i> sp.	99.17	AB617568
D	Evaporation pond	D2-2T	<i>Vibrio harveyi</i>	99.51	AB617569
T	Crystallization pond	T8-4T	<i>Virgibacillus pantothenicus</i>	99.93	AB617570
D	Seawater	D1-4M	<i>Alteromonas macleodii</i>	99.28	AB617571
T	Crystallization pond	T7-3M	<i>Staphylococcus epidermidis</i>	99.93	AB617572
T	Crystallization pond	T8-19M	<i>Staphylococcus epidermidis</i>	99.93	AB617573

^aUn-known, the isolates that have a 16S rDNA sequence similarity below 97% are novel species.

known sp. 등이다. Madigan et al.[15]에 의해 기술된 저서를 토대로 호염미생물의 분류체계를 나뉘어 볼 때 분리균들 중 대표적인 극호염성균인 *Halobacillus*와 *Halomonas*는 T염전에서만 검출되었고 중호염균에 해당하는 대부분의 미생물들은 D와 T염전에서 분리되었다[8]. Lim et al.[14]이 국내산 천일염에서 분리하여 새롭게 명명하여 보고한 *Halomonas korensis*는 우리 연구에서는 발견되지 않았다.

그 외 저호염균인 *Alteromonas macleodii*는 D염전의 저장수에서, *Staphylococcus epidermidis*는 T염전의 토관염 제조 공정 중 결정지에서만 검출되었다. 특히 97% 미만의 낮

은 동정율을 나타낸 *Salinivibrio*속에 분류된 2개의 분리균은 유연관계가 낮아 추후 유전자 상동성 분석을 통해 신규성 검토를 위해 좀더 연구를 수행할 예정이다.

Phylogenetic analysis 분석을 통한 신규 미생물의 위치

Fig. 1에서 보는 것처럼 16S rRNA 염기서열 간의 상동성 비교를 위한 계통학적 분석 접근법을 통해 신규미생물의 위치를 파악해 보았다. 97% 미만의 동정율을 나타낸 *Salinivibrio* sp. D3-3M와 D3-5M는 비록 같은 속에 그룹 되어 있지만 특히 D3-5M의 경우 다른 속으로 명명될 가능성이 매우 높

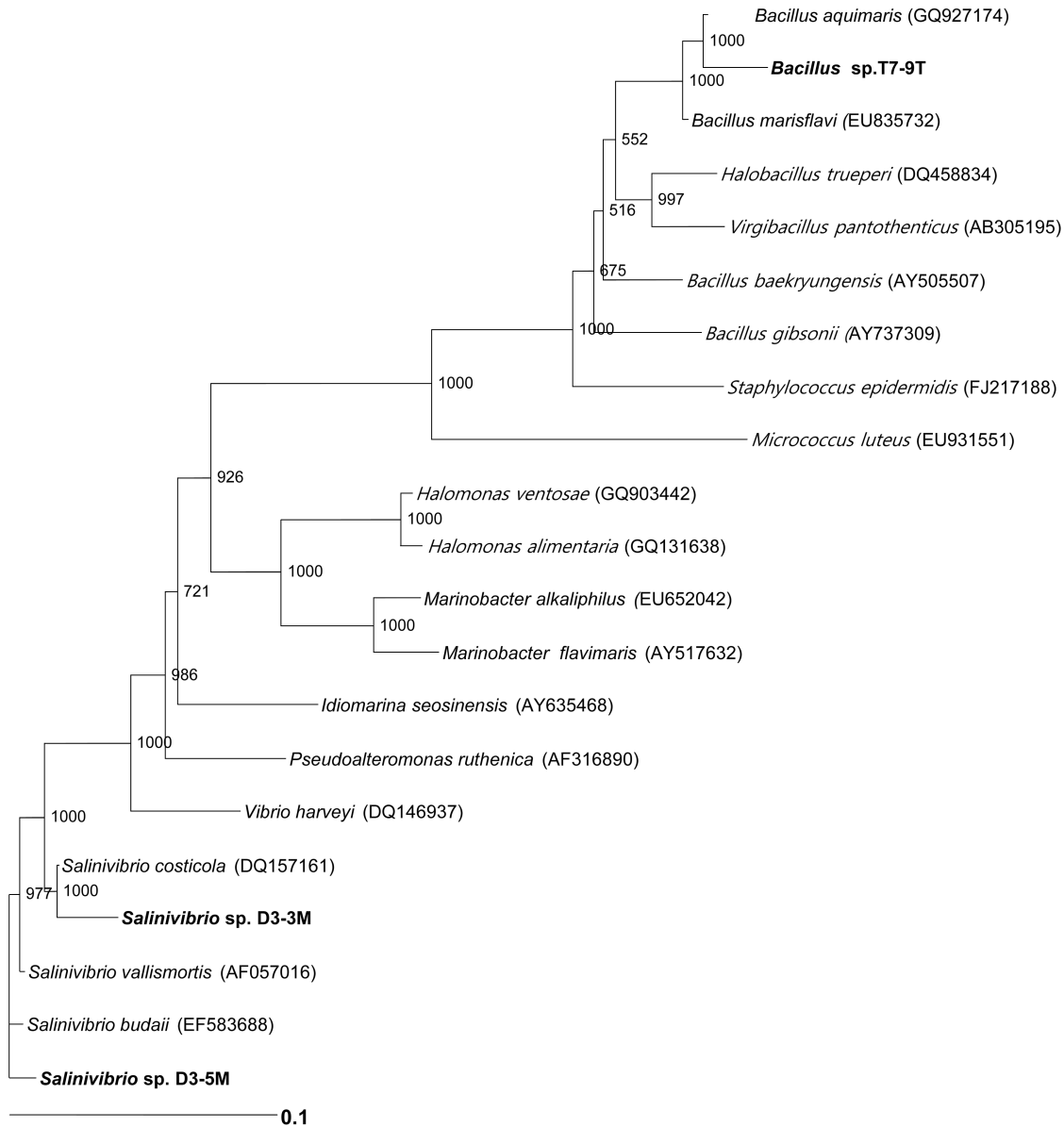


Fig. 1. Phylogenetic position of the representative and novel strains of halophilic bacteria isolated from solar salts based on 16S rRNA gene sequence.

아 이 균 역시 좀 더 심층연구가 필요할 것으로 판단된다.
 본 연구에서 우리는 천일염 생산 공정별 미생물 분포를 조사한 결과 대장균 등 식품 오염지표 미생물들의 불검출과 다양한 호염미생물의 존재를 확인하였다. 이 결과는 비록 일 본의 식품염 규격 기준[16]을 토대로 비교하였지만, 추후 우 리나라 식염에 대한 미생물 검출기준이 마련되기 위한 기초 자료로 활용될 수 있고, 현 시점에서는 국내산 천일염 생산 지는 식품 오염지표 미생물들의 불검출이라는 연구 결과를 토대로 위생학적으로 안전하다고 판단된다. 또한 천일염 생 산지는 다양한 새로운 호염미생물의 저장고로 앞으로 더욱 주목 받을 것으로 기대된다.

요 약

우리나라 전남지역에서 생산되는 천일염의 생산공정별 미 생물 분포 조사 및 배양 분리법을 이용하여 호염미생물을 분 리하여 동정하는 것을 이번 연구의 목표로 삼았다. 천일염 시료는 생산지를 고려하여 육지 염전인 영광군 한 지역과 해 안 염전 지역인 신안군 두 군데에서 생산공정별로 세분화하 여 총 28개 분석시료를 수집하여 사용하였으며, 이들 시료 를 십진 희석하여 4종류의 미생물 분리용 배지에 도말, 배 양한 후 나타난 집락(colony)을 계수하였다. 그 결과 천일염 생산 공정 중 대장균 등의 식품 오염지표 미생물은 검출되

지 않았지만, 저장수에서 증발지 단계로 진행되면서 $1.1 \times 10^3 \sim 1.8 \times 10^5$ CFU/g의 호염성 미생물들이 검출되었다. 그러나 이후 단계인 함수저장고, 결정지에서는 미생물 수가 점차적으로 감소되었으며, 소금저장소에 보관된 천일염 시료에서는 미생물이 전혀 검출되지 않았다. 이들 분리균들은 형태학적 특성에 따라 무작위로 62개 집락을 선정하여 분리하였다. 순수 분리된 미생물들은 PCR 기법을 통해 16S rRNA 유전자의 염기서열을 분석한 후, 기존에 보고된 미생물 유전자 database와 비교함으로써 12속의 천일염 유래 호염균들의 존재를 확인하였다. 이번 연구 결과 천일염 생산 단계에서 분리된 halophilic bacteria는 *Halobacillus*, *Halomonas*, *Bacillus*, *Idiomarina*, *Marinobacter*, *Pseudoalteromonas*, *Vibrio*, *Salinivibrio*, *Virgibacillus*, *Alteromonas*, *Staphylococcus* 및 un-known 등이다.

Acknowledgments

This study was carried out with the support of “Cooperative Research Program for Agricultural Science & Technology Development (Project No. PJ006764)”, Rural Development Administration, Republic of Korea and “Research Program for Agricultural Science & Technology Development (Project No. PJ006488)”, National Academy of Agricultural Science, Rural Development Administration, Republic of Korea.

References

- Baati, H. S. Guermazi, N. Gharsallah, A. Sghir, and E. Ammar. 2010. Microbial community of salt crystals processed from Mediterranean seawater based on 16S rRNA analysis. *Can. J. Microbiol.* **56**: 44-51.
- Beak, H. Y. 1987. A study on nutrition of salt. *Kor. J. Soc. Food Cookery Sci.* **3**: 92-106.
- Benlloch, S., A. López-López, E. O. Casamayor, L. Øvreås, V. Goddard, F. L. Daae, G. Smerdon, R. Massana, I. Joint, F. Thingstad, C. Pedrós-Alió, and F. Rodríguez-Valera. 2002. Prokaryotic genetic diversity throughout the salinity gradient of a coastal solar saltern, *Environ. Microbiol.* **4**: 349-360.
- Birbir, M., B. Calli, B. Mertoglu, R. E. Bardavid, A. Oren, M. N. Ogmen, and A. Ogan. 2007. Extremely halophilic Archaea from Tuz Lake, Turkey, and the adjacent Kaldırım and Kayacik salterns. *World J. Microbiol. Biotech.* **23**: 309-316.
- Gilmour, D. 1990. *Microbiology of Extreme Environments*. Halotolerant and halophilic microorganism. McGraw-Hill. New York. pp. 147-177.
- Huh, K., M. H. Kim, M. K. Hong, and I. S. Song. 1999. Safety evaluation of salt in food hygiene. *J. East Asian Soc. Dietary Life* **9**: 386-386
- Hwang, K. M., S. H. Oh, and K. Y. Park. 2007. Increased antimutagenic and in vitro anticancer effects by adding green tea extract and bamboo salt during doenjang fermentation. *J. Kor. Soc. Food Sci. Nutr.* **36**: 1-7.
- Javor, B. 1984. Growth potential of halophilic bacteria isolated from solar salt environments: carbon sources and salt requirements. *Appl. Environ. Microbiol.* **48**: 352-360.
- Javor, B. J. 2002. Industrial microbiology of solar salt production. *J. Ind. Microbiol. Biotechnol.* **28**: 42-47.
- Jo, E. J. and D. H. Shin. 1998. Study on the chemical compositions of sun-dried, refined, and processed salt produced in Chonbuk area. *J. Fd. Hyg. Safety.* **13**: 360-364.
- Kim, S. Y. and H. J. Park. 2009. *Global Food and Culture*. pp. 23-33. Summer ed. Studies on solar salts as the ingredients for development of well-being foods. Department of Agrofood Resources, NAAS, RDA, KOREA (In Korean).
- Lee, K. D., J. W. Park, C. R. Choi, H. W. Song, S. K. Yun, H. C. Yang, and K. S. Ham. 2007. Salinity and heavy metal contents of solar salts produced in Jeollanamdo province of Korea. *J. Kor. Soc. Food Sci. Nutr.* **36**: 753-758.
- Liaw, H. J. and R. A. Mah. 1992. Isolation and Characterization of *Haloanaerobacter chitinovorans* gen. nov., sp. nov., a Halophilic, Anaerobic, Chitinolytic Bacterium from a Solar Saltern. *Appl. Environ. Microbiol.* **58**: 260-266.
- Lim, J. M., J. H. Yoon, J. C. Lee, C. O. Jeon, D. J. Park, C. K. Sungm, and C. J. Kim. 2004. *Halomonas koreensis* sp. nov., a novel moderately halophilic bacterium isolated from a solar saltern. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* **54**: 2037-2042.
- Madigan, M. T. and J. M. Martinko. 2006. *Brock Biology of Microorganisms*. 11th ed. Pearson Prentice Hall, Upper Saddle River, NJ.
- Niino, Y., H. Nishimura, A. Koga, Y. Nakayama, and M. Haga. 2003. Quality of common salt(part II). *J. Cookery Sci. Japan.* **36**: 305-320.
- Oren, A. 2008. Microbial life at high salt concentrations: phylogenetic and metabolic diversity. *Saline Systems.* **4**: 2.
- Park, H. S. and M. J. Jeong. 1996. Isolation and identification of an extremely halophilic bacterium from solar salts. *Kor. J. Appl. Microbiol. Biotechnol.* **24**: 671-677.
- Park, J. W., S. J. Kim, S. H. Kim, B. H. Kim, S. G. Kang, S. H. Nam, and S. T. Jung. 2000. Determination of mineral and heavy metal contents of various salts. *Kor. J. Food Sci. Technol.* **32**: 1442-1445.
- Pesenti, P. T., M. Sikaroodi, P. M. Gillevet, C. Sanchez-Porro, A. Ventosa, and C. D. Litchfield. 2008. *Halorubrum californiense* sp. nov., an extreme archaeal halophile isolated from a crystallizer pond at a solar salt plant in California, USA. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* **58**: 2710-2715.
- Shin, T. S., C. K. Park, S. H. Lee, and K. H. Han. 2005. Effect of age on chemical composition in sun-dried salts. *Kor. J. Food Sci. Technol.* **37**: 312-317.
- Sorokin, D. Yu., T. P. Tourova, A. M. Lysenko, and G.

- Muyzer. 2006. Diversity of culturable halophilic sulfur-oxidizing bacteria in hypersaline habitats. *Microbiology* **152**: 3013-3023.
23. Ventosa, A., E. Quesada, F. Rodriguez-Valera, F. Ruiz-Berraquero, and A. Ramos-Cormenzana. 1982. Numerical taxonomy of moderately halophilic gram-negative rods. *J. Gen. Microbiol.* **128**: 1959-1968.
24. VijayAnand, S., J. Hemapriya, J. Selvin, S. Kiran, and J. Hemapriya. 2010. Production and optimization of haloalkaliphilic protease by an extremophile *Halobacterium* sp. JS1, isolated from thalassohaline environment. *Global J. Biotech. Biochem.* **5**: 44-49.