

서해안의 바지락(*Venerupis philippinarum*)에서 장구균(*Enterococcus* spp.)의 분포 및 동정

이신혜¹ · 김희대² · 박권삼^{1,3*}

¹군산대학교 식품생명공학과, ²충북도립대학교 바이오생명의약과, ³군산대학교 수산과학연구소

Distribution and Identification of *Enterococcus* spp. Strains Isolated from *Venerupis philippinarum* in the West Coast of Korea

Shin-Hye Lee¹, Hee-Dai Kim² and Kwon-Sam Park^{1,3*}

¹Department of Food Science and Biotechnology, Kunsan National University, Gunsan 54150, Republic of Korea

²Department of Biotechnology and Biomedicine, Chungbuk Provincial College, Cheongju 28160, Republic of Korea

³Fisheries Science Institute, Kunsan National University, Gunsan 54150, Republic of Korea

This study aimed to detect *Enterococcus* spp. strain, a fecal contamination indicator, by PCR assay from short neck clams *Venerupis philippinarum* in Cheonsu Bay area, Chu Island area and Wonsan Island area, the west coast of Korea, from November 2022 to February 2023 of *Enterococcus* spp. strain was detected in 19 (79.2%) among 24 samples, and its concentration ranged from <18 to 33,000 MPN (most probable number)/100 g. The 269 isolated *Enterococcus* spp. strains were identified by PCR assay, and *Enterococcus* spp. distribution in short neck clams were *E. faecium* (39.8%), *E. faecalis* (23.0%), *E. hirae* (21.9%), *E. gallinarum* (10.4%), *E. casseliflavus* (1.5%), *E. durans* (1.5%) and unidentified strains (1.9%). Thus, *E. faecium* was the most dominant strain followed by *E. faecalis*. Overall, these results provide novel insight into the necessity for shellfish sanitation in the sea and could help reduce the fecal contamination risk.

Keywords: *Enterococcus* spp., Most probable number, Polymerase chain reaction, *Venerupis philippinarum*

서론

장구균(*Enterococcus* spp.)은 사람, 포유동물 및 조류의 장내 정상균총으로 G+C 함량이 낮은 그람 양성균의 통성 혐기성 구균이며 일반적으로 사람의 분변에는 약 10⁵-10⁷ CFU (colony forming unit)/g의 농도로 존재한다(Byappanahalli et al., 2012). 장구균은 분변내 다른 세균에 비해 화학적 및 물리적 요인, 즉 상당히 넓은 온도 범위(10-45°C), pH (4.5-10.0) 및 6.5% 염화나트륨의 환경에서도 생존이 가능하며 외계 환경에서의 분포가 대장균보다 낮기 때문에 사람이나 가축의 분변 오염에 대한 지표세균으로서 유용성을 나타낸다고 보고되어 있다(Audicana et al., 1995; Figueras et al., 1998; Vancanneyt et al., 2004; Byappanahalli et al., 2012). 장구균은 사람과 포유동물의 장내상재균이기 때문에 식품, 토양, 물 및 식물 등에 널

리 분포하고 있으며(Terzić-Vidojević et al., 2015), 일부 균주는 박테리오파지를 포함한 항균 화합물을 생산하는 것으로 보고되고 있어 식품, 수의학 및 의료분야에서 응용되고 있다(Hanchi et al., 2018). 장구균은 16S rDNA 서열에 기초하여 현재까지 55종이 보고되어 있으며, 다양한 시료에서 분리되는 우점종은 *Enterococcus faecium* 및 *E. faecalis*로 전체의 80% 이상을 차지한다고 알려져 있다(Torres et al., 2018). 장구균은 비교적 독성이 약하기 때문에 정상인에게는 질병을 일으키지 않으나 노인이나 면역 저하 환자에게 요로감염, 창상감염, 균혈증 등의 기회감염증을 유발할 수 있으며 *E. faecalis*가 가장 병원성이 강한 종인 반면 *E. faecium*은 항생제 내성 획득 및 전이에 관여하기 때문에 이들 균주는 임상적으로 중요하게 취급되고 있다(Nilsson, 2012; Torres et al., 2018). 장구균에 관한 국내 연구는 식품, 임상 및 다양한 환경에서의 장구균의 분리, 항균제 내성 및

*Corresponding author: Tel: +82. 63. 469. 1822 Fax: +82. 63. 469. 7448

E-mail address: parkks@kunsan.ac.kr



This is an Open Access article distributed under the terms of the Creative Commons Attribution Non-Commercial License (<http://creativecommons.org/licenses/by-nc/3.0/>) which permits unrestricted non-commercial use, distribution, and reproduction in any medium, provided the original work is properly cited.

<https://doi.org/10.5657/KFAS.2023.0520>

Korean J Fish Aquat Sci 56(4), 520-525, August 2023

Received 20 June 2023; Revised 31 July 2023; Accepted 8 August 2023

저자 직위: 이신혜(대학원생), 김희대(교수), 박권삼(교수)

특성 등에 관한 다수의 연구결과가 보고되어 있으나, 수산물에서의 장구균에 관한 연구는 한정적이며(Ham, 2007; Oh et al., 2008; Sung et al., 2013; Kim et al., 2014), 육상과 인접한 해역에서 생산되는 바지락(*Venerupis philippinarum*)에서 장구균의 오염상태를 파악한 연구는 전무한 실정이다.

본 연구에서는 서해안의 천수만, 추도 및 원산도 해역에서 양식되는 바지락에서 장구균의 오염상태를 파악함과 동시에 분리한 장구균에 대한 종 동정을 실시하여 바지락에 오염되어 있는 장구균의 우점종을 파악함으로써 패류의 위생 및 안전성 관리를 위한 장구균 연구의 기초 자료로 활용하고자 한다.

재료 및 방법

시료 채취

충남 태안군, 서산시, 홍성군 및 보령시에 면하고 있는 천수만, 보령 추도 및 원산도 해역에서 생산되는 바지락에 대한 장구균의 오염도를 파악하기 위하여 2022년 11월부터 2023년 2월까지 매월 1회 바지락을 채취하였으며 채취 지점은 Fig. 1 및

Table 1. Coordinates of sampling stations in Cheonsu bay area, Chu island area and Wonsan island area, the west coast of Korea, from November 2022 to February 2023

Station	Coordinate	
	Latitude	Longitude
Cheonsu bay-1	36°60'08.69"	126°41'96.11"
Cheonsu bay-2	36°57'12.82"	126°45'34.87"
Chu island-1	36°47'41.23"	126°47'33.73"
Chu island-2	36°40'45.57"	126°43'37.03"
Wonsan island-1	36°38'59.10"	126°43'33.69"
Wonsan island-2	36°38'59.10"	126°50'55.17"

Table 2. Primers used in this study

Target gene	Oligonucleotide sequence	Amplicon size (bp)	Reference
<i>Enterococcus</i> spp.	5'-TCAACCGGGGAGGGT-3' 5'-ATTACTAGCGATTCCGG-3'	733	Deasy et al. (2000)
<i>E. faecium</i>	5'-TTGAGGCAGACCAGATTGACG-3' 5'-TATGACAGCGACTCCGATTCC-3'	658	Dutka-Malen et al. (1995)
<i>E. faecalis</i>	5'-TCAAGTACAGTTAGTCTTTATTAG-3' 5'-ACGATTCAAAGCTAACTGAATCAGT-3'	941	Dutka-Malen et al. (1995)
<i>E. hirae</i>	5'-CTTTCTGATATGGATGCTGTC-3' 5'-TAAATTCCTTAAATGTTG-3'	187	Jackson et al. (2004)
<i>E. gallinarum</i>	5'-GGTATCAAGGAAACCTC-3' 5'-CTTCCGCCATCATAGCT-3'	822	Kariyama et al. (2000)
<i>E. casseliflavus</i>	5'-CGGGGAAGATGGCAGTAT-3' 5'-CGCAGGGACGGTGATTTT-3'	488	Kariyama et al. (2000)
<i>E. durans</i>	5'-CCTACTGATATTAAGACAGCG-3' 5'-TAATCCTAAGATAGGTGTTT-3'	295	Jackson et al. (2004)

Table 1에 나타내었다. 채취한 바지락은 얼음이 채워진 아이스 박스에 넣어 10°C 이하로 유지하면서 실험실로 운반하여 분석에 사용하였다.

시험 균주

장구균의 동정을 위하여 5종의 표준 균주(*E. faecalis* KCTC 3206, *E. faecium* KCTC 13225, *E. hirae* KCTC 3616, *E. casseliflavus* KCTC 3638, *E. durans* KCTC 13289)는 한국생명공학연구원(Korean Collection for Type Cultures, KCTC)에서 분양받아 사용하였다.

장구균의 정량

바지락의 표면에 묻어 있는 이물질은 수돗물로 제거한 후 멸균된 타올로 물기를 제거하고 멸균된 칼로 박신하여 패육과 패액은 멸균된 비커에 모았으며, 시료 25 g을 멸균된 Waring blender cup (Waring® Laboratory Science, Torrington, CT, USA)에 넣고 여기에 멸균인산완충희석액(phosphate buffered saline, pH 7.4)을 225 mL를 가하여 90초간 균질화 후 10진법으로 희석하여 10 mL buffered peptone water (BPW, pH 8.5)에 5개 시험관법으로 10, 1, 0.1 및 0.01 mL를 접종한 후 37±1.0°C에서 20–24시간 정치 배양하였다. 배양액 1 mL를 ependorf tube (Axygen Scientific, Inc., Union city, CA, USA)에 취한 후 12,000 rpm에서 2분간 원심분리하여 균체를 회수하고 여기에 멸균 증류수 100 µL를 넣고 현탁 후 100°C에서 10분 가열하여 상층액은 polymerase chain reaction (PCR) assay를 위한 template DNA로 사용하였다. 실험에 사용한 DNA 증폭용 primers의 염기서열 및 증폭 DNA의 크기 등은 Table 2에 나타내었으며, primers는 Bioneer (Daejeon, Korea)에서 합성하였다. PCR 반응은 EmeraldAmp PCR Master Mix (Takara, Otsu, Japan) 12.5 µL, primer 각각 1.0 µL, 2.5 µL의 DNA template에

DW를 최종 25 μ L가 되게 첨가하여 SimpliAmp Thermal Cycler (ThermoFisher Scientific, Singapore)를 사용하여 증폭하였다. *Enterococcus* spp.의 확인을 위한 PCR 반응 조건은 95°C에서 5분간 1회 열 변성 후 94°C 1분, 60°C 1분, 72°C 1분을 한 단위로 하여 이를 25회 반복하여 DNA를 증폭하였다. 증폭된 DNA 산물은 1.5% agarose (Biosesang, Seongnam, Korea) gel에서 전기영동 후 ethidium bromide (Bioneer, Daejeon, Korea)로 염색하여 Vilber Lourmat (Bio-Print ST4, Marne-la-Vallée, France)사 Gel-Doc system으로 확인하였다. 균수의 정량은 각 단계별 PCR assay의 양성수를 최확수[MPN (most probable number)/100 g]에 적용하여 계산하였다.

장구균의 분리

10 mL buffered peptone water (BPW, pH 8.5)에 접종 후 37±1.0°C에서 20–24시간 정치 배양한 배양액 1 mL를 10 mL Enterococcosel broth (MB cell, Seoul, Korea)에 접종하여 37±1.0°C에서 20–24시간 배양하였다. 배양액은 Enterococcus Mixed medium (peptone 10 g, yeast-extract 10 g, sodium azide 0.5 g, lactose 5 g, potassium dihydrogen phosphate 2.7 g, sodium citrate 10 g, sodium carbonate 2 g, agar 16 g/L) (Chang et al., 2016)에 백금이로 접종 후 37±1.0°C에서 24시간 배양하였다. Enterococcus Mixed medium에서 장구균으로 추정되는 집락은 tryptic soy broth (Merck, Darmstadt, Germany)에 접종하고 37±1.0°C에서 16–18시간 배양하여 PCR assay로 장구균 유무를 확인하였으며 확인된 균주는 최종 농도 15%가 되도록 멸균된 글리세린을 첨가하여 cryovial storage box (Simport, Canada)에 넣어 -80°C에 보관하면서 실험에 사용하였다.

PCR assay에 의한 균의 동정

E. faecalis 및 *E. faecium*의 동정을 위한 PCR 조건은 94°C에서 2분간 1회 열 변성 후 94°C 1분, 54°C 1분, 72°C 1분을 한 단위로 하여 이를 30회 반복하여 DNA를 증폭하였으며, *E. casseliflavus*는 94°C에서 5분간 1회 열 변성 후 94°C 1분, 54°C 1분, 72°C 1분을 한 단위로 하여 이를 30회 반복하여 DNA를 증폭하였다. 또한 *E. gallinarum*, *E. durans*, *E. hirae*의 동정을 위한 PCR 조건은 95°C에서 4분간 1회 열 변성 후 95°C 30초, 55°C 1분, 72°C 1분을 한 단위로 하여 이를 30회 반복하여 DNA를 증폭하였다.

결과 및 고찰

바지락에서 장구균의 분포

바지락에서 장구균의 오염도를 측정하기 위하여 바지락 시료를 채취한 천수만 해역, 보령 추도 해역 및 원산도 해역의 각 지점은 Fig. 1 및 Table 1에 나타내었다. 천수만 해역은 서해 연안



Fig. 1. Sampling location of short neck clams *Venerupis philippinarum* from the Cheonsu bay area, Chu island area and Wonsan island area, Chungcheongnam-do, Korea, from November 2022 to February 2023.

의 중부지역에 위치한 수심 25 m 이내의 천해성 내만으로 충남 태안군의 안면읍, 서산시의 부석면 및 홍성군의 서부면에 면한 지선으로 수면적은 약 60 km² (6,000 ha)이며, 주요 양식 품종은 바지락, 새조개, 피조개, 새꼬막, 굴, 해삼, 어류 및 해조류 등이다. 천수만 해역의 1번 지점은 서산시 부석면 간월도리 마을과 간월호 방조제 및 간월도리 하수처리장에서 방출되는 오염물질이 천수만 해역으로 유입되는 곳으로 최종방출수에서 지선으로 0.6 km 떨어진 곳에 위치하고 있으며, 2번 지점은 홍성군 서부면의 속동 마을과 차동천 및 상황천에서 방출되는 오염물질이 천수만 해역으로 유입되는 곳으로 최종방출수에서 지선으로 0.9 km 떨어진 곳에 위치하고 있다.

보령 추도 해역은 충남 태안군의 고남면과 안면읍 및 보령시의 천북면과 오천면으로 둘러싸여 있으며 천수만 입구에서 죽도에 이르는 연안에 해당되는데 면적은 약 55 km² (5,500 ha)이며, 주요 양식 품종은 바지락, 가무락, 굴, 전복 및 다시마 등이다. 보령 추도 해역의 1번 지점은 보령시 천북면의 사호3리 마을에서 방출되는 생활하수 등이 해역으로 유입되는 곳으로 최종방출수에서 지선으로 0.8 km 떨어진 곳에 위치하고 있으며, 2번 지점은 태안군 고남면의 고남6리 및 보령시 오천면의 추도 마을에서 방출되는 생활하수 등이 해역으로 유입되는 곳으로 최종방출수에서 지선으로 0.8 km 떨어진 곳에 위치하고 있다. 원산도 해역은 보령시 오천면과 태안군 고남면에 면한 해역으로 수면적은 71 km² (7,100 ha)이며, 주요 양식 품종은 바지락, 전복, 해삼, 굴, 어류, 김 및 미역 등이다. 원산도 해역의 1번 지점은 보령시 오천면의 원산도1리와 효자도1리 마을에서 방출되는 생활하수 등이 원산도 해역으로 유입되는 곳으로 최종방출수에서 지선으로 0.2 km 떨어진 곳에 위치하고 있으며, 2번 지점은 보령시 주교면의 송학리에서 방출되는 생활하수 등이 원산도 해역으로 유입되는 곳으로 최종방출수에서 지선으로 1.0 km 떨어진 곳에 위치하고 있다.

천수만, 보령 추도 및 원산도 해역에서 생산되고 있는 바지락에 분변 지표세균인 장구균의 오염도를 검토하기 위하여 2022년 11월부터 2023년 2월까지 각 해역의 2개 지점에서 매월 1회 총 24개 바지락 시료를 채취하였다. 시료는 패육과 패액을 균질화하여 5개 시험관법으로 10 mL buffered peptone water (BPW, pH 8.5)에서 증균 후 PCR assay로 장구균의 표적 유전자의 증폭 여부를 전기 영동으로 확인하여 양성수는 최확수 (MPN/100 g)에 적용하여 계산하였다. Table 3에 제시한 바와 같이 천수만 해역의 바지락에서는 11월과 12월에는 장구균이 검출되지 않았으나, 시료채취일을 포함하여 8일간 강우가 전혀 발생하지 않았음에도 불구하고 2023년 1월 시료에서는 2개 지점에서 공히 23,000 MPN/100 g의 농도의 장구균이 확인되었으며, 2월 시료에서는 <18 MPN/100 g 및 130 MPN/100 g으로

확인되었다. 이 결과는 1월에 분변이 포함된 육상오염원이 해역으로 유입되어 바지락이 오염되었을 가능성을 시사하는 결과로 해석된다. 추도 해역은 330–790 MPN/100 g 및 490–790 MPN/100 g의 농도로 검출되었으며 장구균의 농도 변화는 매우 적은 편이며 일정한 수준으로 검출되었다는 점에서 일정 수준의 분변이 꾸준하게 해역으로 유입되고 있다고 판단된다. 원산도 해역의 바지락에서 장구균은 330–3,300 MPN/100 g 및 3,300–33,000 MPN/100 g 수준으로 검출되었는데 원산도 2번 지점의 바지락은 다른 지점에 비해 장구균의 오염도가 상대적으로 높게 검출되었다는 점에서 이 지점으로 유입되고 있는 육상유입수에는 분변이 포함된 정화처리되지 않은 육상오염수가 유입되고 있다고 판단되며 패류의 위생 및 안전성을 위하여 하수처리장의 설치 및 운영이 필요하다고 판단된다.

바지락에서 장구균의 분리 및 동정

10 mL buffered peptone water (BPW, pH 8.5)에서 1차 증균 및 Enterococcosel broth에서 2차 증균하여 장구균의 선택 배지의 일종인 Enterococcus Mixed Medium (Chang et al., 2016)에서 배양 후 크기 및 모양이 다른 집락 3–5균주를 각각의 평판에서 순수 분리하여 PCR assay로 장구균 유무를 확인하였다. Table 4에 나타난 바와 같이 4개월에 걸쳐 천수만 해역에서 50균주, 추도 해역에서 79균주 및 원산도 해역에서 153균주 총 282균주를 분리하였다. 그러나 추도 해역에서 분리한 10균주 및 원산도 해역에서 분리한 3균주는 장구균의 표적 유전자 증폭이 PCR assay에서 확인되지 않아 이들 13균주를 제외한 269균주를 대상으로 종의 동정은 PCR assay로 확인하였다. 269균주 중 107균주는 *E. faecium* (39.8%), 62균주는 *E. faecalis* (23.0%), 59균주는 *E. hirae* (21.9%), 28균주는 *E. gallinarum* (10.4%), 4균주는 *E. casseliflavus* (1.5%), 4균주는 *E. durans* (1.5%) 및 나머지 5균주(1.9%)는 준비한 프라이머에는 증폭되지 않아 미동정균주로 분류하였다. 해역에 따른 동정 결과를 살펴보면, 천수만 해역의 총 50균주 중 39균주는 *E. faecium* (78.0%), 5균주는 *E. faecalis* (10.0%), 4균주는 *E. hirae* (8.0%)

Table 3. Distribution of *Enterococcus* spp. strains by PCR assay from short neck clams *Venerupis philippinarum* in Cheonsu bay area, Chu island area and Wonsan island area, the west coast of Korea, from November 2022 to February 2023

Sea area	<i>Enterococcus</i> spp. (MPN /100 g)				No. of samples
	Nov.	Dec.	Jan.	Feb.	
Cheonsu bay-1	< 18	< 18	23,000	< 18	4
Cheonsu bay-2	< 18	< 18	23,000	130	4
Chu island-1	330	490	490	790	4
Chu island-2	490	790	490	490	4
Wonsan island-1	3,300	330	330	790	4
Wonsan island-2	3,300	4,900	33,000	4,900	4

PCR, Polymerase chain reaction; MPN, Most probable number.

Table 4. Number of *Enterococcus* spp. strains isolated from short neck clams *Venerupis philippinarum* in Cheonsu bay area, Chu island area and Wonsan island area, the west coast of Korea, from November 2022 to February 2023

Sea area	Number of <i>Enterococcus</i> spp.				Total
	Nov.	Dec.	Jan.	Feb.	
Cheonsu bay-1	0	0	26	4	30
Cheonsu bay-2	0	0	20	0	20
Chu island-1	10	8	9	8	35
Chu island-2	10	11	10	13	44
Wonsan island-1	22	25	13	12	72
Wonsan island-2	22	22	22	12	81

Table 5. Distribution of *Enterococcus* spp. isolated from short neck clams *Venerupis philippinarum* in Cheonsu bay area, Chu island area and Wonsan island area, the west coast of Korea, from November 2022 to February 2023

	Number of <i>Enterococcus</i> spp. isolate (%)						Total
	Cheonsu bay-1	Cheonsu bay-2	Chu island-1	Chu island-2	Wonsan island-1	Wonsan island-2	
<i>E. faecium</i>	26 (24.3)	13 (12.1)	6 (5.6)	11 (10.3)	12 (11.2)	39 (36.4)	107
<i>E. faecalis</i>	1 (1.6)	4 (6.5)	15 (24.2)	12 (19.4)	20 (32.3)	10 (16.1)	62
<i>E. hirae</i>	3 (5.1)	1 (1.7)	5 (8.5)	13 (22.0)	22 (37.3)	15 (25.4)	59
<i>E. gallinarum</i>	0	2 (7.1)	2 (7.1)	3 (10.7)	10 (35.7)	11 (39.3)	28
<i>E. casseliflavus</i>	0	0	0	0	2 (50.0)	2 (50.0)	4
<i>E. durans</i>	0	0	0	0	3 (75.0)	1 (25.0)	4
Unidentified	0	0	0	2 (40.0)	1 (20.0)	2 (40.0)	5

및 2균주는 *E. gallinarum* (4.0%)로 동정되어 이 해역에서 분리된 장구균의 우점종은 *E. faecium*로 확인되었다. 추도 해역에서 분리한 69균주중 17균주는 *E. faecium* (24.6%), 27균주는 *E. faecalis* (39.1%), 18균주는 *E. hirae* (26.1%), 5균주는 *E. gallinarum* (7.2%) 및 2균주(2.9%)는 미동정 균주로 동정되어 이 해역에서 분리한 장구균의 우점종은 *E. faecalis*이었다. 원산도 해역에서 분리한 150균주중 51균주는 *E. faecium* (34.0%), 37균주는 *E. hirae* (24.7%), 30균주는 *E. faecalis* (20.0%), 21균주는 *E. gallinarum* (14.0%), 4균주는 *E. casseliflavus* (2.7%), 4균주는 *E. durans* (2.7%) 및 나머지 3균주(2.0%)는 미동정 균주이며 이 해역에서 우점종의 장구균은 *E. faecium*이었다(Table 5). 결과적으로 해역의 따라 장구균의 우점종은 차이가 있었으며 천수만 및 원산도 해역의 바지락에서는 *E. faecium* 및 추도 해역에서는 *E. faecalis*가 우점종으로 확인되었는데 이 결과는 육상에서 해역으로 유입되고 있는 육상오염원에 포함되어 있는 오염원의 유래 및 오염원의 농도 차이가 가장 큰 원인일 것으로 판단된다. 국내에서 생산된 바지락에서 *Enterococcus* spp.의 오염도에 관한 연구보고는 없기 때문에 다른 수산물 및 해역으로 유입되는 육상배출수에서의 *Enterococcus* spp.의 오염도에 관한 연구결과와 비교해 보면, 시판 수산 건포류 164건에서 87균주를 분리하였는데 28균주의 장구균 중 24균주는 *E. faecalis* 및 4균주는 *E. faecium*이 분리되었다는 연구결과(Ham, 2007), Oh et al. (2008)은 넙치, 조피볼락, 참돔, 농어와 사육용수 등에서 *E. faecalis* (44.1%), *E. faecium* (32.4%), *E. gallinarum* (11.8%), *E. durans* (5.9%), *E. avium* (8.8%)을 분리하였다는 결과 및 인천광역시 옹진군 자월면 및 충남 태안군 이원면 해역의 패류(굴 및 바지락) 30점에서 총 528균주를 분리하였으며 이중 10균주가 *Enterococcus* spp.이었다는 연구결과가 있다(Park et al., 2022). 또한 가로림만과 태안군 이원면 해역 인근 육상오염원 배출수에서 분리한 총 143균주의 장구균에서 129균주가 *E. faecium* 및 14균주가 *E. faecalis*이었다는 결과(Jeong et al., 2022) 및 Seong et al. (2013)은 낙동강 인근 방류수에서 분리한 117균주의 장구균 중 104균주는 *E. faecalis* 및 13균주는 *E. faecium*이었다는 결과와 같이 수산물

또는 해역으로 유입되는 육상배출수에서 분리한 장구균의 우점종은 *E. faecium* 및 *E. faecalis*라는 결과는 본 연구결과와 거의 일치하였다.

최근 장구균은 기회감염증의 병원균으로 중요성이 점차 부각되고 있으며 다양한 항균제에 대한 다재내성균의 검출 빈도도 증가하고 있다는 점에서 육상과 인접한 해역에서 생산되고 있는 굴 및 바지락 등 패류의 안전성을 확보하기 위해서는 장구균에 대한 지속적인 모니터링 및 관리가 필요하다고 판단된다.

사 사

이 논문은 2023년도 군산대학교 수산과학연구소 학술연구비 지원에 의하여 연구되었음.

References

- Audicana A, Perales I and Borrego JJ. 1995. Modification of kanamycin-esculin-azide agar to improve selectivity in the enumeration of fecal streptococci from water samples. *Appl Environ Microbiol* 61, 4178-4183. <http://doi.org/10.1128/aem.61.12.4178-4183.1995>.
- Byappanahalli MN, Nevers MB, Korajkic A, Staley ZR and Harwood VJ. 2012. Enterococci in the environment. *Microbial Mol Biol Rev* 76, 685-706. <http://doi.org/10.1128/MMBR.00023-12>.
- Chang DH, Yoon JB, Lee KH and Park KR. 2016. Development of selective media for Enterococci. *Korean J Microbiol* 52, 25-31. <http://doi.org/10.7845/kjm.2016.5068>.
- Deasy BM, Rea MC, Fitzgerald GF, Cogan TM and Beresford. 2000. A rapid PCR based method to distinguish between *Lactococcus* and *Enterococcus*. *Syst Appl Microbiol* 23, 510-522. [http://doi.org/10.1016/S0723-2020\(00\)80025-9](http://doi.org/10.1016/S0723-2020(00)80025-9).
- Dutka-Malen S, Evers S and Courvalin P. 1995. Detection of glycopeptide resistance genotypes and identification to the species level of clinically relevant enterococci by PCR. *J Clin Microbiol* 33, 24-27. <http://doi.org/10.1128/jcm.33.1.24-27.1995>.

- Figueras MJ, Inza I, Polo F and Guarro J. 1998. Evaluation of the oxolinic acid-esculin-azide medium for the isolation and enumeration of faecal streptococci in a routine monitoring programme for bathing waters. *Can J Microbiol* 44, 998-1002. <http://doi.org/10.1139/cjm-44-10-998>.
- Ham HJ. 2007. *E. faecalis* and *E. faecium* isolated in dried marine products. *J Fd Hyg Safety* 22, 294-299.
- Hanchi H, Mottawea W, Sebei K and Hammami R. 2018. The genus *Enterococcus*: Between probiotic potential and safety concerns-an update. *Front Microbiol* 9, 1791. <http://doi.org/10.3389/fmicb.2018.01791>.
- Jackson CR, Fedorka-Cray PJ and Barrett JB. 2004. Use of a genus- and species-specific multiplex PCR for identification of Enterococci. *J Clin Microbiol* 42, 3558-3565. <http://doi.org/10.1128/JCM.42.8.3558-3565.2004>.
- Jeong YG, Park BM, Hwang JI, Kim MJ and Oh EG. 2022. Detection of vancomycin resistance genes and antibiotic resistance characteristics of *Enterococcus* spp. isolated from inland pollution sources near shellfish farms on the west coast of South Korea. *Korean J Fish Aquat Sci* 55, 505-513. <https://doi.org/10.5657/KFAS.2022.0505>.
- Kariyama R, Mitsuata R, Chow JW, Clewell DB and Kumon H. 2000. Simple and reliable multiplex PCR assay for surveillance isolates of vancomycin-resistant Enterococci. *J Clin Microbiol* 38, 3092-3095. <http://doi.org/10.1128/JCM.38.8.3092-3095.2000>.
- Kim YJ, Oh MH, Kim YH, Kim SH, Park KS and Joo IS. 2014. Monitoring of antimicrobial resistance and genetic analysis of *Enterococcus* spp. isolated from beef, pork, chicken and fish in Korea. *J Fd Hyg Safety* 29, 228-233. <http://doi.org/10.13103/JFHS.2014.29.3.228>.
- Nilsson O. 2012. Vancomycin resistant enterococci in farm animals - occurrence and importance. *Infect Ecol Epidemiol* 2, 16959. <http://doi.org/10.3402/iee.v2i0.16959>.
- Oh EG, Son KT, Yu HS, Kim JH, Lee TS and Lee HJ. 2008. Antimicrobial susceptibility pattern of *Enterococcus faecalis* and *E. faecium* from fish farms in the southern coast of Korea. *Korean J Fish Aquat Sci* 41, 435-439. <http://dx.doi.org/10.5657/kfas.2008.41.6.435>.
- Park BM, Jeong YG, Hwang JI, Kim MJ and Oh EG. 2022. Comparison of antimicrobial resistance characteristics of bacteria isolated from cultured shellfish on the west coast of Korea. *Korean J Fish Aquat Sci* 55, 495-504. <http://doi.org/10.5657/KFAS.2022.0495>.
- Seong JU, Cha SB, Ryu KH, Choi KS and Park JC. 2013. Distribution characteristics and antibiotics resistance of *Enterococcus* spp. in Nakdong River. *Korean J Ecol Environ* 46, 360-366. <http://doi.org/10.11614/KSL.2013.46.3.360>.
- Sung CH, Chon JW, Kwak HS, Kim HS and Seo KH. 2013. Prevalence and antimicrobial resistance of *Enterococcus faecalis* and *Enterococcus faecium* isolated from beef, pork, chicken and sashimi. *Korean J Food Sci An* 33, 133-138. <http://doi.org/10.5851/kosfa.2013.33.1.133>.
- Terzić-Vidojević A, Veljović K, Begović J, Filipić B, Popović D, Tolinački M, Miljković M, Kojić M and Golić N. 2015. Diversity and antibiotic susceptibility of autochthonous dairy enterococci isolates: Are they safe candidates for autochthonous starter cultures?. *Front Microbiol* 6, 964. <http://doi.org/10.3389/fmicb.2015.00954.eCollection2015>.
- Torres C, Alonso CA, Ruiz-Ripa L, León-Sampedro R, Del Campo R and Coque TM. 2018. Antimicrobial resistance in *Enterococcus* spp. of animal origin. *Microbiol Spectr* 6, ARBA 0032. <https://doi.org/10.1128/microbiolspec.arba-0032-2018>.
- Vancanneyt M, Zamfir M, Devriese LA, Lefebvre K, Engelbeen K, Vandemeulebroecke K, Amar M, De Vuyst L, Haesebrouck F and Swings J. 2004. *Enterococcus saccharominimus* sp. nov., from dairy products. *Int J Syst Evol Microbiol* 54, 2175-2179. <http://doi.org/10.1099/ijs.0.63193-0>.