

PB1) 산소를 제한인자로 둔 질산화유도 반응기내의 균집변화

조순자*, 윤수정, 정재원¹, 김미희¹, 이상준

부산대학교 미생물학과, ¹부산광역시 보건환경연구원

1. 서 론

하수처리장에서의 생물학적 질소제거는 수계의 보존과 부영양화 방지를 위한 목적으로 수행되어진다. 유입하수의 질소 구성을 보면 NH₄가 60-70%정도이고 유기질소가 30-40%정도이다. 이들 질소는 표준 활성슬러지법에 의해서는 약 10-30%정도가 제거되며, 생물학적 질소제거공정에서는 약 70-80%정도 제거된다.

생물학적 질소제거의 경우 탈질은 선행반응으로서 질산화가 일어나야 하며 대부분의 전통적인 질산화균의 경우는 독립영양의 절대호기성균으로 알려져있다. 그러나 최근 미호기 혹은 무산소조건에서도 암모니아의 산화가 일어난다는 보고가 있었다. 이러한 조건은 탈질로 바로 이어질 수 있는 가능성을 가진다고 할 수 있다. 그러나 현재까지는 이들 조건들에서의 암모니아 산화의 주역에 대한 미생물학적 접근에 의한 규명은 부족한 실정이라고 할 수 있는데 본 연구는 호기와 무산소조건에서 질산화를 유도한 후 각 조건에서 균집을 이루는 개체군을 DGGE기법을 통해 규명해보고자 하였다.

2. 재료 및 방법

무기질소염을 공급하면서 산소를 충분히 준 반응기와 그렇지 않은 실용량 1.2 L의 반응기를 정치배양의 방식으로 HRT 24시간으로 운전하였다. 각 반응기는 30°C로 운전하였으며, 6개월이상 탄소원 없이 암모늄과 아질산염을 질소원으로한 무기염배지로 순화를 시켰고 각 반응기에서의 pH 및 질소태의 거동을 통해 두 반응기의 반응이 현저히 다르다는 것을 확인하였다. 이것은 반응기내 균집의 변화로 인한 것이라고 판단한 후 이들 두 반응기내 균집을 이루는 개체군들을 살펴보기 위해 각 반응기로부터 meta-genomic DNA로부터 추출하여 PCR-DGGE를 실시하였다. DGGE로부터 얻은 gel상의 band pattern과 DNA band의 염기서열분석을 통해 결과를 도출하였다.

3. 결과 및 고찰

무산소 조건과 호기의 조건에서 잘 순화된 슬러지의 DGGE 기법을 통해 보았을 때 현저한 것은 우선 두 균집은 초기식종 슬러지를 구성하고 있는 균집에 비해 큰 변화가 일어났음을 알 수 있었다. 전체적으로는 순화를 시키지 않은 초기의 슬러지구성에 비교해볼 때, 순화를 시키지 않은 슬러지보다는 순화를 시킨 반응기의 슬러지 구성 미생물이 훨씬 단순해졌음을 band의 patterns이 단순해졌음을 통해 알 수 있었다. 즉, 이것은 유기물 공급이 없어

중속영양세균의 대부분이 배제된 결과일 것이다. 그리고, 현재까지 잘 알려진 질산화균들이 절대호기성이 대부분이라고 알려졌는데, 비교적 미호기적/무산소적인 조건에도 다수 존재할 수 있는 내성을 가진다는 것을 알 수 있었으며, 아질산화균으로 알려진 *Nitrospira* sp.도 이에 속하였다. 그러나 DGGE band DNA의 염기서열을 NCBI의 mega Blast search를 통해 가장 근연종을 찾으려고 했을 때 대부분은 환경상에서 분리된 비배양된 균종에 가장 가깝다는 결과를 얻었다. 따라서, 이들 DNA band로 추정된 균들이 미호기조건에서도 내성을 가지는 질산화균인지, 그렇지 않으면 내생단계의 탈질균인지 혹은 또다른 독립영양의 균류인지 등은 명확하지 않다고 하겠다. 비록, 여전히 배양적 방법만으로는 환경내 미생물의 역할과 기능을 해석하기는 한계가 있지만, 배양되어지지 않은 균들이 환경내에서 각자의 생태적 지위를 가지면서 그 역할을 감당하고 있음은 충분히 증명할 수 있었다는 점에서는 그 의의를 가질 수 있다고 사료된다.

4. 요약

본 연구는 서로 다른 조건에서 질산화를 유도한 반응기의 군집동태를 살피기 위해 DGGE를 이용하여 반응기 초기의 슬러지 구성 군집의 상태와 질산화 유도후의 군집변화를 살펴보고자 하였다. DGGE의 전체 profile에 의하면 군집을 조성하는 개체군의 수가 상당히 축소되었다는 점과 비배양적인 질산화균이 여전히 많다는 점, 그리고 호기조건과 미호기/무산소 조건에 공존하는 band가 많은 것으로 볼 때 예상보다는 산소에 대해 내성이 있는 질산화균이 많다는 것을 알 수 있었다.

참 고 문 헌

- Finger, Lyautey, E., B. Lacoste, L. Ten-Hage, J. L. Rols and F. Garabetian, 2005, Analysis of bacterial diversity in river biofilms using 16S rDNA PCR-DGGE: methodological settings and fingerprints interpretation, *Water Res.*, 39, 380-388.
- Lee, D. G, J. H. Lee and S. J Kim, 2005, Diversity and dynamics of bacterial species in a biofilm at the end of the Seoul water distribution system, *World J. Microb. Tech.*, 21, 155-162.
- Stephen, J. R., G. A. Kowalchuk, M. V. Bruns and A. E. Macaig, 1998, Analysis of *beta*- subgroup proteobacterial ammonia oxidizer population in soil by denaturing gradient gel electrophoresis and hierarchical phylogenetic probing, *Appl. Environ. Microb.*, 64, 2958-2965.