

# 낙동강 하구의 미생물 분포와 활성에 미치는 환경요인의 통계적 분석

안 태 영

단국대학교 미생물학과

자연수계 생태계는 해양, 하천, 호수, 지하수 등과 같이 그 특성에 따라 많은 종류로 구분할 수 있는데, 그중에서 하구는 물리, 화학적 성질은 물론 미생물을 포함한 많은 생물이 끊임없이 변천(transition)하는 생태계의 하나로 꼽을 수 있다. 환경의 변화는 수온, 염분, pH, Eh, 투명도, 부유물질 등의 변화를 포함하는데, 하구 감조수역에서 가장 심한 변화를 일으키는 것은 일반적으로 영양염류의 양과 종류, 수온, 염분 등이다(Morita *et al.*, 1973; Rublee *et al.*, 1984).

그리므로 본 연구에서는 1985년 7월부터 1986년 12월까지 낙동강에 위치한 3개 정점(Fig. 1)에서, 물리, 화학적 환경, 영양염류, BOD, 세균 및 heterotrophic activity의 28개 변수의 변화를 살

펴보았다. 이렇게 측정된 결과를 중회귀 및 요인 분석으로 생태계에서 세균의 분포와 활성에 미치는 영향요인을 분석하고자 하였다.

## 1. 표준화(Normalization)

환경요인으로서 생태학에서 사용된 양적인 변수는 주로  $\text{cells}/\text{ml}$ ,  $\text{mg}/\text{l}$ ,  $\mu\text{g}/\text{l}$ ,  $\text{pH}$  등 서로 다른 측정단위로써 표현된다. 이러한 이질적인 변수들을 비교하기 위해서는 공통적인 측정 수단이 강구되어야 한다. 그러나 이러한 측정 수단의 개발은 불가능하며, 이러한 문제를 해결하는 가능한 방법은 변화의 범위를 동등하게 해주는 것이다(Legendre and Legendre, 1983).

회귀곡선에서 나타난 변수들은 그 변화의 범위와 단위가 다르므로 회귀곡선에 영향을 미치는 정도를 파악하기 위해서 각 변수들을 표준화하여야 한다. 각 변수는 그 변수들의 분포를 파악한 후 정규분포를 따르도록 Table 1과 같이 표준화시켰다.

## 2. 중회귀분석(Multiple regression)

일반적으로 어떤 종속변수의 변화는 두개 이상의 독립변수에 의하여 영향을 받으며, 설명력있는 여러 개의 독립변수를 잘 선택하여 이들의 함수로써 종속변수의 변화하는 특성을 설명할 수 있을 경우에 단순회귀에 비하여 좀더 정확한 분석이 가능하다. 중회귀모형에서 구한 중회귀식에 의하여 종속변수가 설명되어지는 정도는 다음과 같은 방법에 의하여 계산된다.

$$\text{SST} = \text{SSE} + \text{SSR}$$

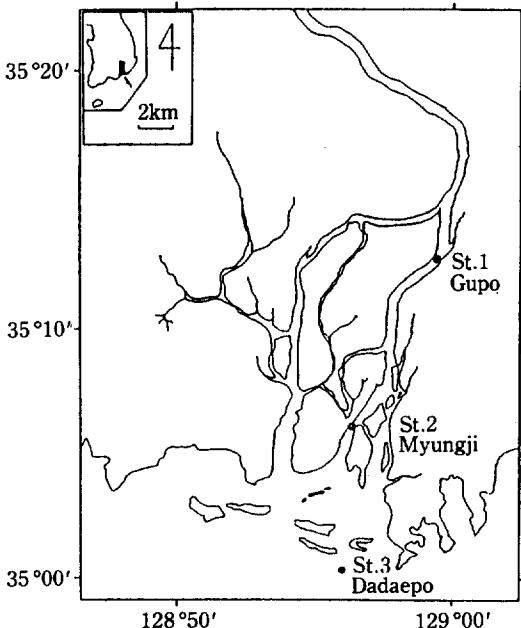


Fig. 1. Sampling stations in the Nakdong River estuary.

**Table 1. Normalization of environmental parameters measured in the Naktong River Estuary(all the data)**

Parameter	Transformation	Skewness		Normality( $\sigma$ )	
		Untrans.	Trans.	Untrans.	Trans.
MBOD	log(MBOD)	1.40	-0.27	0.17	0.09
MBOD-P	log(MBOD-P)	1.15	-0.21	0.14	0.11
NH <sub>4</sub>	log <sup>2</sup> (NH <sub>4</sub> )	3.27	0.10	0.24	0.10
NO <sub>3</sub>	log(NO <sub>3</sub> )	2.36	-0.49	0.20	0.11
CHL	$\sqrt{CHL} + 1$	1.55	0.83	0.19	0.17
TB	log <sup>2</sup> (TB)	1.04	-0.08	0.16	0.09
LIP	log(LIP)	1.88	-0.24	0.23	0.07
PRO	log <sup>2</sup> (PRO)	4.35	0.24	0.33	0.09
N-0	log(N-0)	7.73	-0.02	0.40	0.10
N-10	log(N-10)	8.01	0.21	0.42	0.08
Z-25	log(Z-25)	3.52	0.01	0.28	0.07
TC	log(TC + 1)	3.04	-0.24	0.32	0.09
FC	log(FC + 1)	6.08	-0.29	0.37	0.09
SPO	log(SPO)	2.49	0.79	0.42	0.11
AR	log(AR)	3.47	0.08	0.29	0.11
GV	log(GV)	3.12	-0.38	0.29	0.10
GT	log(GT)	1.78	0.28	0.29	0.12
GK	log(GK)	1.91	-0.01	0.20	0.10

CHL: chlorophyll a; TB: total bacteria; LIP: lipolytic; PRO: proteolytic; TC: total coliform; FC: fecal coliform; SPO: spore former; AR: turnover rate(acetate); GT: turnover time(glucose); GV:  $V_{max}$ (glucose); GK: Kt + Sn (glucose).

$$r^2 = \frac{SSR}{SST}$$

SST(total sum of squares)는 종속변수의 관측값과 이들의 평균값의 차를 제곱한 것으로 총변동을 의미한다. SSE(residual sum of squares)는 오차항의 제곱합이며 SSR(regression sum of squares)는 회귀식에 의해 설명되는 변동으로 회귀변동이라 한다. 따라서  $r^2$  회귀직선에 의해 종속변수가 설명되어지는 정도를 나타내게 되며, 이  $r^2$ 를 결정계수(coefficient of determination)라 한다.  $r^2$ 가 1에 가까울수록 총변동에 대한 회귀직선에 의해 설명되는 변동이 기여하는 비율이 커지므로 효과적인 회귀직선이 된다.

정점 1에서 총세균을 비롯한 대부분의 세균의 분포가 available한 영양염류에 의해서 지배되고, heterotrophic activity는 available한 영양염류의 영향을 받는 세균에 의해서 지배되고 있다. 정점 2에서는 세균의 분포가 인의 변화에 의해서 낮

은 정도가 설명되며 heterotrophic activity는 비교적 높게 설명된다. 정점 3의 상층에서는 세균의 분포가 salinity에 영향을 받고, heterotrophic activity는 salinity의 영향을 받는 세균의 변화에 의해서 설명되어진다. 한편 하층은 가장 안정되는 생태계로 세균의 분포에 영향을 미치는 환경요인이 단순할 뿐 아니라 설명되어지는 %도 매우 낮다. Heterotrophic activity의 변화 역시 주로 총세균의 변화에 의해서 설명되어지고 있다.

전 정점의 모든 자료를 중회귀분석한 결과는 Table 2와 같다. 세균의 분포를 살펴보면, salinity의 영향을 적게 받는 heterotroph z-25를 제외한 모든 세균이 salinity 변화에 따라 변화하고 있으며, 이차적으로 영양염류, 수온, pH, DO 등의 일반환경요인이 영향을 미치고 있다. 한편 포도당의 최대 흡수속도는 총세균과 분변성 대장균에 의해서 50%가 설명되고, 전환시간은 세균의

**Table 2. Significant independent variables in the regression models for the parameters of heterotrophic activity and bacterial community based on all the data in Nakdong River Estuary**

Dependent variable	R <sup>2</sup> (%)	Independent variables
<b>Heterotrophic activity</b>		
V <sub>max</sub> (glucose)	66	TB(47); -MBOD-N(4); MBOD(5); NH <sub>4</sub> (3); FC(3); BOD(2); SAL(2)
Tt(glucose)	59	-FC(44); -MBOD(8); -TB(3); -TW80(2); -SAL(2)
Kt + Sn(glucose)	38	-MBOD-N(17); NH <sub>4</sub> (15); NO <sub>3</sub> (5); -TW80(1)
Resp.(glucose)	48	-MBOD(15); -TEM(6); -N/P(8); -Ch-a(7); NO <sub>2</sub> (2)
T. rate(acetate)	66	N-10(53); FC(6); MBOD-P(5); Chl-a(2)
Resp.(acetate)	33	-DO(25); -NH <sub>4</sub> (8)
<b>Bacterial community</b>		
Total bacteria	78	-SAL(62); NH <sub>4</sub> (6); -pH(2); TEM(2); MOBD-N(3); N/P(1); -NO <sub>3</sub> (1); MBOD-P(1)
<b>Heterotrophs</b>		
N-0	66	-SAL(59); NH <sub>4</sub> (5); MBOD-P(2)
N-10	62	-SAL(45); MBOD-P(10); NH <sub>4</sub> (3); TEM(2); BOD(2)
Z-25	28	MBOD-P(12); N/P(7); PO <sub>4</sub> (6); -pH(3)
Fecal coliform	62	-SAL(52); NO <sub>2</sub> (2); TEM(2); NH <sub>4</sub> (2); MBOD-N(2); MBOD-P(2)
Total coliform	60	-SAL(45); TEM(3); MBOD-N(4); NH <sub>4</sub> (4); BOD(4)
Lipolytic	48	-SAL(37); NH <sub>4</sub> (4); N/P(3); PO <sub>4</sub> (4)
Proteolytic	62	-SAL(28); MBOD-P(17); Chl-a(3); -NH <sub>4</sub> (5); NO <sub>2</sub> (2); PO <sub>4</sub> (3); -MBOD(2); BOD(2)
Spore former	61	-SAL(40); -DO(2); -NO <sub>2</sub> (2); NH <sub>4</sub> (2); BOD(2); TEM(3)

변화에 의해서 49%가 설명된다. 포도당의 Kt + Sn과 호흡률은 영양염류의 변화에 의해서 37%와 25%의 영향을 받는다. 초산의 전환율은 종속영양 세균 N-10과 분변성 대장균의 변화에 의해서 59%가 설명되고, 호흡률은 용존산소의 변화에 의해서 25%의 지배를 받는다.

### 3. 요인분석(Factor analysis)

요인분석(factor analysis)에 의하여 낙동강 하구 생태계를 분석하여 5개 요인이 영향을 미침을 밝혔다(Table 3). 요인 1이 염분과 -0.84, pH와 -0.74 아질산염 질소와 0.72, 질산염 질소와 0.64, 암모니아염 질소와 0.59의 상관관계를 보여주고 있어, 요인 1은 담수의 유입으로 볼 수 있다.

이 요인 1은 종속 영양세균 N-0에 85% ( $0.93 \times 0.93$ ), 종속 영양세균 N-10의 변화에 79% ( $0.89 \times 0.89$ )의 영향을 미치고, 종속 영양세균 z-25의 변화는 42% ( $0.65 \times 0.65$ )를 설명할 수 있다. 분변성 대장균, 총세균, 총대장균, 지방분해세균, 단백질 분해세균 및 포자 형성세균의 변화가 각각 76%, 69%, 64%, 56%, 49%와 40%씩 요인 1에 의하여 영향을 받고 있어, 낙동강 하구에 출현하는 대부분의 세균이 담수에서 유입된 것임을 알 수 있다. 또한 요인 1은 포도당의 최대 흡수속도, 전환시간과 초산의 전환율의 변화에 각각 58%, 61%, 69%의 변화를 줄 수 있다.

이와같이 낙동강 하구에서 요인분석 결과에 의하면 담수의 유입이 가장 큰 요인이며, 이 요인은 미생물의 활성과 세균의 분포에 영향을 미쳐 낙동

**Table 3. Varimax rotated factor matrix among biotic and abiotic parameters determined in the Nakdong River Estuary**

PARAMETERS	FACTORS					COMM.
	1	2	3	4	5	
Heterotroph(N-0)	.93				0.00	.93
Heterotrophs(N-10)	.93	.25				.90
Fecal coliform	.87	-.26				.90
Salinity	-.84					.78
Turnover rate(acet.)	.83		.27			.92
Total bacteria	.83	.21			-.25	.81
Total coliform	.80				-.25	.80
Turnover time(glu.)	-.78		-.24	-.22		.93
V <sub>max</sub> (glu.)	.76		.22		.45	.94
Lipolytic	.75					.82
pH	-.74	-.21				.65
Nitrite	.72			.50		.88
Proteolytic	.70		.26			.84
Heterotroph(Z-25)	.65	.22				.78
Nitrate	.64				.23	.51
Sporeformer	.64			.42	.32	.83
Chlorophyll a	.62	.21				.52
Ammonia	.59	.34	-.35		.21	.79
MBOD		.94				.90
MBOD-P	.21	.77				.67
Temperature	.34		.84			.87
Dissolved oxygen	-.23		-.22	-.80		.83
Kt + Sn(glu.)		.20			.83	.85
MBOD-N		.35		-.20	-.66	.66
Respiration(acet.)		-.23	.30	.37		.51
N:P ratio	.20					.94
BOD			.35			.61
Eigenvalue	13.02	3.57	2.11	1.81	1.73	
Percent of variance	40.7	11.2	6.6	5.6	5.4	
Commulative variance	40.7	51.8	58.4	64.1	69.5	

강 하구 생태계의 변화를 41% 설명할 수 있고, 다른 요인은 거의 영향을 나타내지 못하고 있다.

#### 4. ANOVA(Analysis of variance)

Nuttall(1982)은 영국의 Welsh River Dee에

서 종속 영양세균과 분변성 오염원으로 분석한 대장균이 동시에 급격하게 증가하는 시기가 여러 번 관찰되고 두 변수의 상관관계도 높게 나타났다. 그러나 종속 영양세균의 분포가 계절적인 변화인지 혹은 정점간의 변화인지를 ANOVA(Analysis of Variance) 분석을 하여 보았을 때 정점간

**Table 4. Statistical significance(F value) of the seasonal and stational variations of heterotrophic activity and bacterial community by one-way analysis of variance tests (ANOVA)**

Parameter	Station		Month	
	F value	P>F	F value	P>F
<b>Heterotrophic activity</b>				
V <sub>max</sub> (glucose)	17.12	0.0001	1.69	0.1007
Tt(glucose)	22.01	0.0001	1.04	0.4275
Kt + Sn(glucose)	0.45	0.7200	3.67	0.0006
Respiration(glucose)	0.43	0.7315	4.47	0.0003
Tr(acetate)	13.30	0.0001	0.94	0.5132
Respiration(acetate)	0.26	0.8559	2.30	0.0338
<b>Bacterial community</b>				
Total bacteria	69.23	0.0001	0.63	0.7792
<b>Heterotrophs</b>				
N-0	41.49	0.0001	0.38	0.9984
N-10	32.89	0.0001	0.71	0.7257
Z-25	5.64	0.0017	2.02	0.0432
Fecal coliform	25.36	0.0001	1.04	0.4261
Total coliform	31.82	0.0001	0.55	0.8591
Lipolytic	10.67	0.0001	1.37	0.2155
Proteolytic	10.73	0.0001	2.55	0.0117
Sporeformer	8.29	0.0001	4.52	0.0001

Tt: turnover time; Tr: turnover rate

의 변화(F값 : 185.7, P=0.001)에서 큰 차이를 나타내므로, 종속 영양세균의 계절적 변화는 분변성 오염의 주기적인 변동에 의하여 감춰지는 것으로 추정하였다. Rhode강 하구에서 Rublee 등(1984)은 세균의 분포가 정점간의 변화(F값 : 1.11, P=0.37)보다는 계절적인 변화에서 차이가 크게 나타난다고 하였고, Williams 등(1982)은 Chesapeake만의 Patuxent강 하구에서 *Bedlovibrio*의 분포가 정점간의 변화보다 계절적인 변화에서 큰 차이가 난다고 하였다. 낙동강 하구에서 heterotrophic activity와 세균의 변화를 ANOVA 분석한 결과(Table 4)에 의하면, Welsh River Dee와 같이 모든 세균이 계절적인 변화보다는 정점간의 변화가 더 유의하다. 그러나 종속 영양세균 z-25, 단백질 분해세균, 포자형성 세균은 정점간의 변화보다는 떨어지지만 계절적인

변화 또한 유의하게 나타난다. 이것은 이러한 세균이 나머지 다른 세균보다 염분의 영향에 덜 민감하여 나타난 것으로, 다른 세균의 계절적 변화도 Welsh River Dee에서 종속 영양세균의 계절적인 변화가 분변성 오염원에 의해서 가려지듯이 염분의 영향력에 감춰진 것으로 추정된다.

Väätanen(1980b)은 생태계 분석에 있어서 같은 자료를 이용하여 회귀분석과 요인분석을 하면 같은 정보를 얻을 수 있다. 그러나 Finland 연안의 경우에는 미생물에 중요한 요인으로 요인분석에 의해서 나타나는 충계기간이 회귀분석에서는 나타나지 않고, 미생물에 영향을 미치는 환경변화 과정이 회귀분석보다 요인분석에서 쉽게 확인될 수 있기 때문에 요인분석이 더 유용하다고 하였다. 낙동강 하구에서 요인분석 결과는 주요인으로 담수의 유입에 의하여 모든 세균의 분포와 활성이 설명되므로 정확한 변화양상을 알 수 없으나, 중회귀분석으로는 주요인인 염분의 영향과 함께 이차적인 영양염류의 영향과 염분의 영향을 적게 받는 세균의 동태를 알 수 있으므로 중회귀분석이 더 유용하게 나타났다. 그외에 요인분석을 하기 위해서는 변수의 수보다 많은 측정회수를 필요로 하지만 중회귀분석에서는 이러한 제한을 완화할 수 있으므로 더욱 유용하게 쓰일 수가 있다.

## 참고문헌

- Legendre, L. and P. Legendre. 1983. Numerical Ecology. Elsevier Scientific publishing co. NY. USA.
- Morita, R.Y., L.P. Jones, R.P. Griffiths and T.S. Staley. 1973. Salinity and temperature interactions and their relationship to the microbiology of the estuarine environment. In 'Estuarine Microbiol Ecology'. L.H. Stevenson and R.R. Colwell ed. pp. 221-232, U.S.C. Press.
- Nuttall, D. 1982, The populations, characterization and activity of suspended bacteria in the Welsh River Dee, *J. Appl. Bacteriol.* 53: 49-59.
- Rublee, P.A. et al. 1984. Distribution and activity of bacteria in the headwaters of the Ro-

- de River, Maryland, U.S.A. *Microb. Ecol.* **10**: 243-255.
5. Väätanen, P. 1980. Factor analysis of the impact of the environment on microbial communities in the Tvarminne area, southern coast of Finland. *Appl. Environ. Microbiol.* **40**(1): 55-61.
6. Williams, H.N. et al. 1982. Seasonal distribution of *Bdellovibrio* at the mouth of the Patuxent river in the Chesapeake bay. *Can. J. Microbiol.* **28**: 111-116.