

## 낙동강 하구 생태계의 종속영양세균의 군집구조 분석 및 수리학적 분류

권오섭 · 조경제\*

인제대학교 자연과학대학 환경학과 \*생물학과

낙동강 하구생태계에 분포한 종속영양세균의 환경변화에 따른 군집구조의 변화를 파악하기 위해 총 858 균주를 분리하여 수리학적 방법에 의해 분석하였다. 종의 다양성(H')은 1.54~3.49로, 하구연 건설 전의 수치와 큰 차이가 없었으나, 균등성지수(evenness index) (J')는 0.31~0.80으로 감소하였다. Physiological tolerance index 중 수온에 대한 지수(P)는 수심이 얕은 정점에서, pH와 염분에 대한 P<sub>h</sub> 및 P<sub>e</sub>는 담수와 해수가 교차하는 정점에서 높았다. 우점의 cluster를 속(genus) 수준에서 동정한 결과 *Aeromonas*, *Vibrio*, *Pseudomonas*, *Acinetobacter-Morexella*, *Alcaligenes*, *Flavobacterium*, Micrococcaceae, Enterobacteriaceae 등으로 분류되어 하구연 축조 전과 동일한 종류의 세균분포를 나타냈으나 그 출현비율은 달랐다. 이와 같은 결과로 미루어 하구연 축조 등에 따른 낙동강 하구역의 환경변화는 분포세균의 종류보다는 생리적 특성에 영향을 미쳐 특정종의 우점을 나타나게 한 것으로 사료된다.

**KEY WORDS** □ Naktong Estuary, heterotrophic bacteria, diversity, physiological tolerance, numerical taxonomy

미생물은 서식처의 다양함 만큼 생리적 특성 또한 다양하다. 생물의 서식처로서 하구생태계는 다른 생태계에 비해 환경변화가 심한 편이지만 오히려 분포생물의 다양성은 크며(23), 이러한 생태계에서는 환경변화에 대한 적응력이 큰 생물만이 존재할 수 있다.

낙동강 하구생태계의 경우 자연현상에 의한 환경 변화 뿐만 아니라, 생활하수, 공장폐수, 농업용수 및 최근 건설된 하구연에 의해 많은 영향을 받고 있다(1, 2). 이러한 수역에 분포하는 미생물의 특성에 관한 연구는 미생물이 지닌 여러가지 생태학적 지위에 의해 그 의미가 크며, 특히 종속영양세균의 경우 환경변화를 나타내는 지표생물로 많이 사용되고 있어서 낙동강하구와 같이 유기물의 유입이 많은 하구생태계의 특성 연구에 많은 도움이 된다. 낙동강 하구생태계에서 하구연의 축조에 따른 생태계의 변화에 관한 연구는 권(1, 2), 문과 최(4) 등이 있으며, 이들에 따르면 하구연 축조 후 담수역과 해수역의 분리에 따른 수계의 부영양화가 가장 주요한 변화요인으로 나타났다. 이러한 변화는 분포하는 종속영양세균의 생리적 특성에도 영향을 미쳐 영양물질의 과다현상과 관련된 형질이 주요 특성으로 나타났다(2).

따라서 본 연구에서는 이러한 특성을 지닌 낙동강 하구역에 분포하는 종속영양세균의 다양성과 환경변화에 따른 생리적 내성 등을 수리학적 분류(numerical taxonomy)에 의해 조사함으로써 하구연 건설 전의 종속영양세균의 군집구조(11, 15)와 비교하고자 한다. 세균의 군집구조를 파악하는 데는 많은 어려

움이 따르지만 특히 종의 구분에 어려움이 많다. 따라서 본 연구에서는 수리학적 분류에 의해 기능적인 측면에서 생물의 다양성과 동일한 개념인 cluster(13, 22)로 분리균주를 구분하여 종속영양세균의 군집구조를 파악하였다.

### 재료 및 방법

#### 시료채취

낙동강 하구역의 구포(St.1), 하구연(St.2), 다대포(상층수, St.3; 하층수, St.4) 부근의 4개 정점을 대상으로 1989년 4월부터 12월까지 매월 1회씩 시료를 채수하여 조사하였다. 각 정점별 특성 및 채수방법은 권 등(3)과 권(1)에 나타낸 바와 동일하다.

#### 종속영양세균의 분리 및 형질실험

하구의 특성을 고려하여 염분의 농도가 각각 0, 10, 25‰ 인 N-0, N-10, Z-25 등 3종류의 영양배지에 각 정점에서 채수한 시료를 접종하고 25°C에서 5일간 배양하여 종속영양세균의 개체수를 측정하였다(3). 각 정점에서 가장 많은 개체수를 나타내는 배지에서 매월 20~30 균주를 무작위로 선택하여 순수분리하였다. 매월 각 정점에서 순수분리한 균주를 35가지의 형태학적 및 생리학적 형질에 대하여 조사하였다(3). 실험방법 및 배지조성은 Cowan(8)과 Gerhardt 등(9)에 따라 행하였다.

#### 통계처리 및 군집의 동정

각 군주에 대한 형질실험 결과를 Sokal과 Sneath

**Table 1.** Variations of heterotrophic bacterial density (log CFU/ml) on 3 kinds of medium in Naktong Estuary during 1989

	N-0 medium		N-10 medium		Z-25 medium	
	mean	std	mean	std	mean	std
St.1	4.42	0.30	4.10	0.32	3.45	0.49
St.2	4.88	0.49	4.96	0.40	4.48	0.46
St.3	3.92	0.36	4.03	0.62	4.31	0.53
St.4	3.18	0.26	3.58	0.48	3.72	0.57

(22)의 single linkage clustering method에 의해 70%의 유사성을 기준으로 cluster analysis하였다. 총 분리균주수와 각 cluster에 속한 개체수에 의해 Shannon-Weaver의 다양도지수(Shannon-Weaver diversity index) ( $H'$ )와 균등도지수(evenness index) ( $J'$ )를 구하였다(17). 환경변화에 대한 내성을 나타내는 physiological tolerance index는 Hauxhurst 등의 방법에 따라 구하였다(12).

Cluster analysis에 의해 결정된 우점의 cluster는 cluster에 포함된 분리균주의 산술적 평균 형질을 계산한 후 몇 가지 분류체계에 의하여 속명으로 동정하였다(7, 16, 21).

### 결과 및 고찰

본 조사대상 지역의 종속영양세균의 개체수는 조사시기, 조사정점, 배지의 종류 등에 따라  $10^2 \sim 10^5$  cells/ml의 변화를 보였으며, 지역적으로는 비교적 오염물의 유입이 많은 St.2에서의 개체수가 대부분의 배지에서 최고치를 기록하였다(Table 1). 하구연 건설 전의 조사결과(14)와 마찬가지로 St.1은 N-0 배지에서, St.2는 N-10 배지에서, St.3과 St.4는 Z-25 배지에서 각각 가장 많은 개체수를 나타냈다. 각 정점에서 우점한 세균을 분리하기 위해서는 보다 다양한 종이 자랄 수 있는 배지에서 선택해야 하며, 보다 많은 개체가 자랄 수 있는 배지는 그만큼 다른 배지에 비해 덜 선택적이고 다양한 종이 출현할 수 있으므로 각 정점별 균주분리는 최고치의 개체수를 나타낸 배지에서 분리하였다.

세균의 군집구조를 파악하는 위해서는 무작위로 선택한 20~30 균주를 대상으로 30여 가지의 형질을 실험하면 충분하다(6). 본 실험의 경우 4회에 걸쳐 이 조건을 충족시키지 못한 경우가 있으나(Table 2), 분리 균주수와 cluster수 사이의 관련성을 계산한 결과 둘 사이의 상관성에 큰 신뢰도가 없는 것으로 나타나 ( $r^2=0.024$ ), 위의 조건을 충족시키지 못하는 경우라도 군집구조의 분석에 포함시켰다. 총 858 균주를 분리하였으며, 월별 정점별 분리균주수 및 70%의 유사도를 기준으로 구분한 cluster의 수는 Table 2에 나타낸 바와 같다.

세균의 다양성을 나타내는 다양도 지수( $H'$ )와 균

**Table 2.** Numbers of heterotrophic bacterial isolates and clusters (in parenthesis) analyzed by 70% similarity level in Naktong Estuary during 1989

	St.1	St.2	St.3	St.4
Apr 8	22(5)	27(6)	30(6)	21(7)
May 19	25(7)	22(8)	18(10)	29(11)
Jun 26	21(7)	30(5)	29(11)	30(13)
Jul 27	13(9)	13(7)		
Aug 25	30(13)	25(8)	26(8)	26(11)
Sep 26	30(12)	29(8)	24(9)	26(12)
Oct 21	23(10)	29(7)	30(7)	28(8)
Nov 21	21(11)	28(6)	30(9)	26(8)
Dec 23	17(6)	29(7)	26(7)	25(10)

**Table 3.** Diversity indices ( $H'$ ) and evenness indices ( $J'$ ) of heterotrophic bacterial communities in Naktong Estuary during 1989

	St.1		St.2		St.3		St.4	
	$H'$	$J'$	$H'$	$J'$	$H'$	$J'$	$H'$	$J'$
Apr 8	1.91	0.43	1.68	0.35	1.63	0.33	2.16	0.49
May 19	2.02	0.43	2.45	0.55	3.13	0.75	3.11	0.64
Jun 26	2.10	0.48	1.54	0.31	2.86	0.59	3.33	0.68
Jul 27	2.97	0.80	2.44	0.66				
Aug 25	3.49	0.71	2.30	0.49	2.83	0.60	2.93	0.62
Sep 26	3.08	0.63	2.71	0.56	2.85	0.62	3.33	0.71
Oct 21	3.10	0.69	2.40	0.49	2.38	0.48	2.82	0.66
Nov 21	3.23	0.74	2.12	0.44	2.70	0.55	2.59	0.55
Dec 23	2.21	0.54	2.16	0.44	2.49	0.53	2.83	0.61
mean	2.68	0.61	2.20	0.48	2.61	0.56	2.89	0.62

등도 지수( $J'$ )는 각각 1.54~3.49, 0.31~0.80의 변화폭을 나타내어(Table 3), 이 등(5)이 소양호에서 조사한 값보다 높았다. 전 정점에서 추계로 가면서 다양성이 증가하다 동계로 접어들면서 감소하는 경향성을 보여 하구연 건설 전의 결과(15)와 비슷한 계절적 변화양상을 나타냈다. St.2와 3의 경우  $H'$ 와  $J'$ 의 각 평균치가 예년(15)에 비해 감소하였으나 St.1과 4는 증가하였다. 이는 하구연으로 인한 유입오염물의 확산이 억제된 결과 주요 오염원인 사상천과 장림천이 각각 St.2와 3에 영향을 미친 결과로 사료된다. 4개 정점의 다양성의 평균치를 살펴보면,  $H'$ 의 경우 하구연 건설 전후에 각각 2.59, 2.60의 비슷한 수치를 기록하였으나,  $J'$ 는 각각 0.64, 0.56으로 금년 조사치가 다소 낮게 나왔다.  $H'$ 의 계산에는 종의 갯수가 중요하게 작용하지만,  $J'$ 는 종을 구성하는 개체의 수에 많은 영향을 받는다(17). 따라서 낙동강 하구역에 분포하는 종속영양세균의 전체적인 종조성에는 큰 변화가 없으나, 하구연과 같은 환경변화로 인하여 특정종의 개체수가 급격히 늘어나  $J'$ 의 값이 떨어진 것으로 해석된다.

**Table 4.** Physiological tolerance indices for temperature ( $P_t$ ), pH ( $P_h$ ), and salinity ( $P_s$ ) of heterotrophic bacterial communities isolated from Nakdong Estuary during 1989

	St. 1			St. 2			St. 3			St. 4		
	$P_t$	$P_h$	$P_s$	$P_t$	$P_h$	$P_s$	$P_t$	$P_h$	$P_s$	$P_t$	$P_h$	$P_s$
Apr 8	0.46	0.37	0.32	0.55	0.55	0.49	0.44	0.33	0.80	0.38	0.27	0.47
May 19	0.51	0.65	0.73	0.45	0.58	0.64	0.57	0.49	0.76	0.31	0.20	0.63
Jun 26	0.79	0.48	0.50	0.94	0.72	0.71	0.52	0.26	0.58	0.50	0.34	0.68
Jul 27	0.68	0.79	0.66	0.63	0.75	0.69						
Aug 25	0.40	0.61	0.52	0.73	0.92	0.78	0.36	0.87	0.81	0.28	0.54	0.61
Sep 26	0.59	0.65	0.55	0.63	0.46	0.41	0.48	0.66	0.66	0.50	0.62	0.65
Oct 21	0.34	0.51	0.54	0.62	0.89	0.65	0.51	0.78	0.99	0.53	0.71	0.90
Nov 21	0.49	0.71	0.36	0.65	0.81	0.57	0.32	0.83	0.56	0.57	0.90	0.81
Dec 23	0.31	0.53	0.40	0.52	0.86	0.61	0.42	0.64	0.83	0.35	0.42	0.60
mean	0.52	0.59	0.51	0.64	0.73	0.62	0.45	0.61	0.75	0.43	0.50	0.67

하구생태계에서 다른 환경인자에 비해 비교적 변화가 심한 수온, pH, 염분의 변화에 대한 내성을 알아보기 위해 physiological tolerance index(12)를 구하였다(Table 4). 수온에 대한 tolerance index( $P_t$ )의 경우 St.1과 2에 분포하는 세균이 다른 정점의 세균에 비해 다소 높은 값을 나타냈다. 이는 이들 정점의 수심이 낮아 대기온도의 변화를 쉽게 받아 수온의 변화가 다른 정점에 비해 크며(11), 따라서 이들 정점에서 분리한 세균의 수온변화에 대한 내성이 다른 정점에 서의 세균에 비해 크기 때문인 것으로 사료된다. pH에 대한 지수인  $P_h$ 의 경우 St.2와 3에서, 염분의 변화에 대한 지수인  $P_s$ 는 St.2, 3, 4에서 비교적 높은 값을 나타냈다. 이는 하구연 축조 후 해수의 영향이 하구연 상부에 거의 미치지 않으며(1), 간조시의 수문조절 등으로 하구연 아래 부분에 위치한 정점에서만 낮은 pH와 염분을 지닌 담수와 높은 pH와 염분을 지닌 해수의 교차가 일어나 이들 환경인자의 변화에 대한 세균의 적응력이 St.2, 3, 4 등에서 나타난 결과로 사료된다. 하구연 건설 전(15)의 평균치와 비교하면  $P_t$ 는 비슷하였으나,  $P_h$ 와  $P_s$ 는 각각 0.1 정도씩 증가하여, 하구연 건설에 따른 환경변화(1, 4)가 종속영양세균의 군집구조에도 영향을 미친 것으로 사료된다.

각 정점별 분포세균의 수리학적 분류를 위해 매월 각 정점에서 분리한 균주를 각 정점별로 cluster analysis하였다. 그 결과 St.1에서는 202개의 분리균주가 14개의 cluster로, St.2는 232 균주에서 12 cluster로, St.3은 213 균주에서 15 cluster로, St.4는 211 균주에서 19 cluster로 구분되었다. 각 cluster의 형질을 백분율로 환산한 후, 정점별 우점 cluster의 주요 형질을 Table 5에 나타냈다. 이러한 형질을 바탕으로 각 정점의 주요 cluster를 분류한 결과 다음의 7가지 group으로 구분되었다.

Group 1. Gram-negative, fermentative, oxidase-positive, motile rods (St.1의 cluster 7, St.2의 cluster 10, St.3의 cluster 6, 14, St.4의 cluster 2, 10). 이러한

형질은 *Aeromonas*나 *Vibrio*와 일치한다(7, 16). St.1을 제외한 전 정점에서 우점속으로 나타났으며, 특히 St.2에서는 분리균주의 24.6%를 차지하였다. *Vibrio*는 연안수계에 흔히 존재하는 세균으로 염분이 5.0‰ 이하로 되면 개체수가 증가하는 것으로 알려져 있다(20). *Aeromonas*는 담수계에 널리 분포하며, 연안수계에도 존재한다는 보고도 있다(14, 19).

Group 2. Gram-negative, oxidative or non-fermentative, motile rods(St.1의 cluster 2, 8, St.2의 cluster 8, St.3의 cluster 8, 9, St.4의 cluster 9, 19). *Pseudomonas*의 특성으로 구분하였다(16, 21). Group 1과 달리 St.2에서 3.9%의 비교적 적은 분포를 보였으며, St.1과 4에서는 분포세균 중 가장 많은 비율을 차지하였다.

Group 3. Gram-negative, non-motile, non-fermentative, oxidase-positive(St.1의 cluster 3, St.2의 cluster 5, St.3의 cluster 1, St.4의 cluster 5, 7). 이러한 특성은 Bondel(7)의 분류기준에 의하면 *Alcaligenes*로 구분되며, 전 정점에서 고른 분포를 나타냈다.

Group 4. Gram-negative, non-motile, non-pigmented, rods-coccobacilli(St.2의 cluster 6, St.3의 cluster 4, 5, St.4의 cluster 11, 18). *Acinetobacter-Moraxella* group으로 분류하였으나 *Acinetobacter-Moraxella* group은 주로 coccobacilli form이라는 형태학적 특성에 의해 분류되는 경우가 많아 다른 Gram-negative, non-motile, non-pigmented bacteria와의 구분이 명확치 못하다(10). 이 group은 St.3에서 21.6%의 우점속으로 출현하였다.

Group 5. Gram-negative, non-motile, pigmented (St.1의 cluster 14, St.2의 cluster 4, St.3의 cluster 3, St.4의 cluster 1, 4, 13). *Flavobacterium*이 이러한 특성을 지니고 있으며(7). St.4에서 비교적 많은 분포를 보였다. Genus *Flavobacterium*은 노란색 색소를 띄는 특성에 의해 주로 구분되는 경우가 많아 분류학적으로 많은 논란이 되고 있다(18).

**Table 5.** Features of selected characteristics of major clusters in bacterial population isolated from each station of Naktong Estuary

Station Cluster No.	1				2				3				4																										
	1	2	3	4	1	2	3	4	1	2	3	4	1	2	3	4																							
No. of isolates	1	2	3	7	8	9	10	1	3	4	5	6	7	8	9	12	13	14	1	2	4	5	7	9	10	11	13	18	19										
Character	20	42	26	11	21	23	8	28	35	12	20	29	9	50	57	25	21	18	28	32	8	10	18	17	15	9	11	22	13	8	31	36	17	9	22	10	16		
cell morphology	c	r	r	r	d	d	r	r	d	r	r	r	e	r	r	d	r	d	r	d	r	r	r	r	r	r	r	r	r	r	r	r	r	r	r	r	r	r	r
motility	-	+	d	+	-	-	-	-	-	d	d	-	+	+	+	-	d	d	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
Gram stain	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
pigment	w	w	w	w	y	w	w	w	y	w	w	w	d	w	w	w	w	w	w	w	w	w	w	w	w	w	w	w	w	w	w	w	w	w	w	w	w	w	
OF test	-	-	-	f	-	-	-	-	-	f	f	f	d	f	f	f	f	f	f	f	f	f	f	f	f	f	f	f	f	f	f	f	f	f	f	f	f	f	f
starch hydrolysis	-	-	-	d	d	+	-	d	+	-	-	d	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	
tween 80 degrad	+	d	d	+	d	d	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
gelatin liquefa	-	-	-	d	+	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
casein hydrolysis	-	-	-	d	+	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
citrate utiliza	d	d	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
nitrate reducti	-	d	+	-	d	+	+	+	+	+	+	+	d	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
KCN tolerance	+	d	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
oxidase product	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
catalase produc	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
growth at 4°C	d	-	-	-	d	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
10°C	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
37°C	-	+	-	d	+	d	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
44°C	d	d	-	d	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
pH 4.0	-	-	-	d	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
pH 5.0	d	d	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	
pH 9.0	+	d	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	
pH 10.0	+	d	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	
NaCl 0.0%	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	
NaCl 1.5%	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	
NaCl 3.0%	d	d	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	
NaCl 5.0%	d	-	-	+	d	d	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
NaCl 10.0%	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	

+ >=75%, - <=25%, 25%<d<75%, c. cocci; r. rod; w. white; y. yellow; f. fermentative; o. oxidative.

Group 6. Gram-positive, non-motile, oxidase-negative, cocci(St.1의 cluster 1, 9, St.3의 cluster 7). 이러한 특성은 Family Micrococcaceae와 일치하며 (16). St.1에서 21.3%의 우점도를 보였다.

Group 7. Gram-negative, fermentative, oxidase-negative, rods(St.1의 cluster 13, St.2의 cluster 1, 9, St.3의 cluster 12, 13). Bonde(7)에 따르면 이러한 특성을 지닌 cluster는 Family Enterobacteriaceae로 분류되며, 오염물이 직접 유입하는 St.2와 3에서 15% 정도의 비교적 높은 우점도를 나타냈다.

Enterobacteriaceae와 Micrococcaceae는 주로 동물의 장내나 육상생태계에 존재하며, 따라서 수계의 비토착성 세균인 이들이 St.1, 2, 3에서 비교적 우점으로 출현하는 것은 분변성 오염 및 경우에 의한 토양의 유입이 낙동강 하구생태계를 지배하는 주요 환경변수라는 요인분석의 결과(1)와도 일치한다.

낙동강 하구역에 분포하는 종속영양세균의 생리학적 형질을 이용한 요인분석의 결과(2)에 따르면 하구연 건설 전에 비해 건설 후 분포세균의 형질 중 특히 영양물질을 분해하는 형질이 세균의 분포에 미치는 주요인으로 나타나 세균군집의 속조성에 변화가 생겼을 것으로 추측했다. 그러나 본 조사의 결과 낙동강 하구역에 분포하는 종속영양세균은 비록 출현속의 분포 비율은 다르지만 출현속의 종류는 하구연 건설 전의 결과(15)와 동일하였다. 따라서 환경변화에 따른 세균군집의 생리적 특성의 변화에도 불구하고 분포종이 유사한 것은 환경변화에 대한 생리적 적응으로 판단할 수 있다. 이러한 결과는 염분 및 pH에 대한 생리적 내성이 변화한 것으로도 알 수 있으며, 앞에서 거론한 것처럼 특정종의 우점에 의한 세균군집의 J'는 비록 줄었으나 H'는 큰 차이가 없었던 것으로도 알 수 있다.

## 사 사

이 연구는 1991년도 교육부 기초과학육성연구비(과제번호 BSRI-91-428)의 지원에 의한 것임.

## 참 고 문 헌

1. 권오섭. 1991. 낙동강 하구연 건설에 의한 환경요인의 변화. 한국수속학회지. 24: 231-238.
2. 권오섭. 1992. 낙동강 하구생태계의 환경변화에 따른 종속영양세균의 생리학적 특성. 한국미생물학회. 30: 193-198.
3. 권오섭, 하영철, 홍순우. 1987. 낙동강하구에서의 미생물 다양성과 환경변화에 따른 내성관계. 한국미생물학회지. 25: 229-237.
4. 문창호, 최혜지. 1991. 낙동강 하구 환경특성과 식물플랑크톤의 군집구조에 관한 연구. 한국해양학회지. 26: 144-154.
5. 이동훈, 안태석, 조규송. 1990. 소양호에서의 종속영양세균의 종조성 및 alkaline phosphatase 분비세균에 관한 연구. 한국미생물학회지. 28: 204-219.

6. Bianchi, M.A.G. and A.J.M. Bianchi. 1982. Statistical sampling of bacterial strains and its use in bacterial diversity measurement. *Microb. Ecol.* 8: 61-69.
7. Bonde, G.J. 1977. Bacterial indicator of water pollution. p 273-364. In: M.R. Droop and H.W. Jannasch (ed.), *Advances in aquatic microbiology*. Vol. 1. Academic Press, London.
8. Cowan, S.T. 1974. *Manual for the identification of medical bacteria*. Cambridge Univ. Press, Cambridge.
9. Gerhardt, P.R., G.E. Murray, R.N. Costilow, E.W. Nester, W.A. Wood, N.R. Krieg and G.B. Philips. 1981. *Manual of methods for general bacteriology*. ASM, Washington, D.C.
10. Gibson, D.H., M.S. Hendrie, N.C. Houston, and A. Hobbs. 1977. The identification of some Gram negative heterotrophic aquatic bacteria. p. 135-160. In: F.A. Skinner and J.M. Shewann (ed.), *Aquatic microbiology*. Academic Press, London.
11. Hah, Y.C. and O-S. Kwon. 1988. Numerical taxonomy of heterotrophic bacteria in Naktong Estuary. *Kor. J. Microbiol.* 26: 247-255.
12. Hauxhurst, J.D., T. Kaneko, and R.M. Atlas. 1981. Characteristics of bacterial communities in the Gulf of Alaska. *Microb. Ecol.* 7: 167-182.
13. Kaneko, T., R.M. Atlas and M. Krichevsky. 1977. Diversity of bacterial populations in the Beaufort Sea. *Nature.* 270: 595-599.
14. Kaper, J.B., H. Lockman, R.R. Colwell and S.W. Joseph. 1981. *Aeromonas hydrophila*: ecology and toxigenicity of isolates from an estuary. *J. Appl. Bacteriol.* 50: 359-377.
15. Kwon, O-S. and Y.C. Hah. 1988. Characteristics of heterotrophic bacteria and their relationships with environmental parameters in Naktong Estuary. *Kor. J. Microbiol.* 26: 256-261.
16. LeChevallier, M.W., R.J. Seidler and T.M. Evans. 1980. Enumeration and characterization of standard plate count bacteria in chlorinated and raw water supplies. *Appl. Environ. Microbiol.* 40: 922-930.
17. Pielou, E.C. 1966. Shannon's formula as a measure of species diversity: its use and misuse. *Am. Nat.* 100: 463-465.
18. Poen, E., M. Aufderheide, H. Diekmann and R.M. Kroppenstedt. 1984. Taxonomic studies on filamentous bacteria from sewage belong to the Flavobacterium-Cytophaga complex. *Arch. Microbiol.* 137: 295-301.
19. Rippey, S.R. and V.J. Cabelli. 1980. Occurrence of *Aeromonas hydrophila* in limnetic environments: relationship of the organism to trophic state. *Microb. Ecol.* 6: 45-54.
20. Seidler, R.J. and T.M. Evans. 1984. Computer-associated analysis of *Vibrio* field data: four coastal areas. p. 411-425. In: R.R. Colwell (ed.), *Vibrios in the environment*. John Wiley & Sons, New York.
21. Shewann, J.M., G. Hobbie and W. Hodgekiss.

1960. a determinative scheme for the identification of certain genera of Gram-negative bacteria, with special reference to the Pseudomonadaceae. *J. Appl. Bacteriol.* **23**: 379-390.
22. Sokal, R.P. and P.H. Sneath. 1963. Principles of numerical taxonomy. W.H. Freeman and Co., San Francisco.
23. Zobell, C.E. 1973. Microbial and environmental transitions in estuaries, p. 9-34. *In*: L.H. Stevenson and R.R. Colwell (ed.), estuarine microbial ecology. Univ. south Caroline Press, Columbia.

(Received September 2, 1992)

(Accepted October 1, 1992)

---

**ABSTRACT: Characterization and Numerical Taxonomy of Heterotrophic Bacterial Community in Naktong Estuarine Ecosystem.**

**Kwon, O-Seob and Kyung Je Cho\*** (Department of Environmental Science and \*Biology, Inje University, Kimhae 621-749, Korea)

A total of 858 heterotrophic bacteria were isolated and analyzed by numerical method to investigate the heterotrophic bacterial community structure in Naktong Estuary. Although the values of  $H'$  (Shannon's diversity index), ranged between 1.54 and 3.49, were similar with those of the data before the construction of Naktong River barrage, however  $J'$  (evenness index, 0.31~0.80) was reduced. Physiological tolerance index for water temperature ( $P_t$ ) was high at St.1 and 2 whose depths are shallower than the other stations, and indices for pH ( $P_h$ ) and salinity ( $P_s$ ) were high at St. 2, 3, 4 where freshwater and seawater are mixed. The predominant clusters were identified as *Aeromonas*, *Vibrio*, *Pseudomonas*, *Acinetobacter-Moraxella*, *Alcaligenes*, *Flavobacterium*, Micrococcaceae, and Enterobacteriaceae. The kinds of the isolates were similar with the previous result, but the dominant genus was changed. These results suggest that the environmental changes in Naktong Estuary affect the bacterial physiological adaptation rather than the composition of heterotrophic bacterial community.