大韓環境工學會誌・論文 - Original Paper - 653～658. 2008.

식품 폐수 처리 시설에서 암모니아성 악취제거 세균의 분리 및 특성 분석

오경희*,**・최인학***・조영철†,***

*충북대학교 바이오연구소・**서울대학교 생명과학부・***충북대학교 환경공학과

(2008년 5월 6일 접수, 2008년 6월 9일 채택)

Isolation and Characterization of Ammonia-removing Bacteria from a Food-wastewater Treatment Facility

Kyoung-Hee Oh*,**・In-Hak Choi***・Young-Cheol Cho†,***

**Biotechnology Research Institute, Chungbuk National University, **School of Biological Sciences, Seoul National University*
****Department of Environmental Engineering, Chungbuk National University*

ABSTRACT : The bacteria responsible for the reduction of ammonia concentration in a food-wastewater treatment facility were isolated and their characteristics were analyzed. The isolated bacteria were closely related to the bacteria belonging to genus *Citrobacter*, *Enterobacter*, *Buttiauxella*, *Shigella*, and *Aeromonas*, which were found in gut of animals, indicating the isolated bacteria may come from the butchery-byproduct of pigs which is the main component of wastewater. When we monitored the concentration of nitrite and nitrate in the process, it was relatively constant, indicating the isolated bacteria reduce ammonia concentration through ammonia assimilation. Based on the removal efficiency of ammonia by the isolated bacteria, we concluded that they play a role in the reduction of odorous compounds.

Key Words : *Food Wastewater Treatment Facility, Ammonia-removing Bacteria, Odorous Compounds*

요약 : RABC 처리 공정을 사용하여 고농도 식품폐수를 처리할 때 악취가 적게 발생하는 기작을 밝히기 위하여, RABC 공정으로부터 암모니아성 악취의 제거능이 우수한 세균을 분리하고 이의 특성 및 제거능을 평가하였다. 분리된 암모니아 제거 세균 중 제거능이 뛰어난 것으로 밝혀진 5종의 세균은 각각 *Citrobacter*, *Enterobacter*, *Buttiauxella*, *Shigella*, *Aeromonas* 속에 속하는 세균과 분류학적으로 가장 근접하였으며, 이들 세균은 모두 동물의 내장에서 발견된 것이다. 따라서 본 연구에서 분리된 세균은 폐수처리시설에 유입된 돼지의 도축 부산물에서 유래한 것으로 판단된다. 암모니아 제거과정에서 아질산염 또는 질산염이 발생하지 않는 것으로 보아, 분리된 세균은 암모니아 동화과정을 통해 폐수 중 암모니아의 농도를 저감시키는 것으로 판단된다. 분리된 세균의 암모니아 제거능이 매우 뛰어난 것으로 측정되었으며, 이러한 결과로 판단할 때 이들이 RABC 폐수 처리 공정의 악취 제거에 중요한 기여를 하고 있는 것으로 보인다.

주제어 : 식품폐수 처리시설, 암모니아 제거세균, 악취 제거

1. 서 론

식품 산업폐수는 독성물질의 농도가 낮아 위해성은 높지 않지만 유기물뿐만 아니라 질소와 인을 고농도로 함유하고 있기 때문에, 질소 및 인의 처리를 위한 고도처리공정이 필요하다.[1] 특히 식품 산업폐수에 포함되어 있는 고농도의 유기물을 처리하는 과정에서 발생하는 악취로 인한 민원 문제가 빈발하고 있어 이의 처리를 위한 효율적인 공정의 개발이 필요한 실정이다.

최근 *Bacillus* sp.를 농화시켜 하・폐수 처리 과정에서 유기물 제거는 물론 질소와 인을 동시에 제거할 수 있는 공정에 대한 연구가 활발하게 진행되고 있다. *Bacillus*를 이용한 생물학적 폐수처리 공정으로 B3(Bio Best *Bacillus*)와 RABC(Rotating Activated *Bacillus* Contactor) 공법이 널리 알려져 있다.[2] RABC는 망상형 회전 접촉제에 *Bacillus* 종을 부착시켜 우점 배양시킨 후 유입수와 접촉시켜 유기물, 질소 및 인을 제거하고 다음 공정인 생물 반응조에서 미처리된 오염물질을 처리하는 방법이다.[3] *Bacillus*가 우점화된 공정을 도축 폐수 또는 축산 폐수의 처리에 사용하였을 때 유기물과 질소, 인의 제거 효과가 우수한 것으로 보고되었다.[4,5] 또한 이 공정에서 *Bacillus*를 첨가한 슬러지가 일반 활성슬러지 보다 침강성이 개선되었고, 수중의 대장균 제거 효율도 증가하는 것으로 보고되었다.[6]

식품 산업폐수의 처리 공정에서는 암모니아와 아민과 같은 질소 계열과 황화수소와 메틸머캅탄과 같은 황 계열의 악취 물질이 주로 발생하며, 이중 암모니아의 발생량이 가장 많다. RABC 공정의 가장 큰 장점 중의 하나는 악취의 발생량이 적어 별도의 탈취시설이 필요없다는 것으로, RABC 공정을 통하여 고농도 폐수를 처리할 때 암모니아

† Corresponding author
E-mail: choy@chungbuk.ac.kr
Tel: 043-261-3577 Fax: 043-261-2465

의 발생량이 현저히 감소되는 것으로 보고되고 있다.[3)]

하지만 아직까지 RABC 공정에서 악취가 적게 발생하는 기작에 대한 연구 결과는 보고된 바가 없다. 따라서 본 연구에서는 RABC 공정으로부터 암모니아성 악취의 제거능이 우수한 세균을 분리하고 이의 특성 및 제거능을 평가함으로써, 이 공정에서 암모니아성 악취가 저감되는 기작에 대하여 고찰하고자 한다.

2. 재료 및 방법

2.1. 식품 폐수 처리 공정

암모니아 제거 세균의 분리에 사용된 활성슬러지는 고농도 식품폐수의 처리를 위해 고안된 RABC 공정의 pilot plant에서 채취하였다(Fig. 1). Pilot plant에 유입된 폐수는 햄 제조 공장에서 발생하는 폐수로 햄의 재료인 돼지의 도축과정에서 발생하는 부산물을 포함하고 있다. 이 공정의 특징은 RBC와 생물반응조가 연계되어 있으며, 3개로 구성된 생물 반응조의 용존산소농도가 1단계에는 1~2 ppm, 2단계와 3단계는 0.5 ppm 이하에서 운영된다는 것이다. 이 결과 고농도로 유입되는 COD뿐만 아니라 질소와 인이 동시에 제거되며, 악취가 매우 적게 발생하는 것으로 알려져 있다.[4,5)]

2.2. 암모니아 제거 세균의 분리 및 배양

고농도 식품폐수의 처리 시설이 안정화된 후 채취한 활성슬러지로부터 암모니아 제거능이 뛰어난 세균을 분리하였다. 채취한 활성슬러지를 phosphate-buffered saline(PBS, pH 7.2)으로 적당히 희석한 후, 질소원이 포함되지 않은 최소한천배지에 도말하였다. 최소한천배지의 조성은 glucose (10 g/L), Na_2HPO_4(4.9 g/L), KH_2PO_4(2.0 g/L), $MgCl_2 \cdot 6H_2O$(340 mg/L), $CaCl_2 \cdot 2H_2O$(1.7 mg/L), $FeSO_4 \cdot 7H_2O$ (2.4 mg/L), $ZnSO_4 \cdot 7H_2O$(0.3 mg/L), $CoCl_2 \cdot 6H_2O$(2.4 mg/L), $MnSO_4 \cdot 7H_2O$(2.4 mg/L), $CuCl_2 \cdot 2H_2O$(0.2 mg/L), Na_2MoO_4 (0.25 mg/L), 한천(15 g/L)이었다. 멸균된 솜에 암모니아 수를 적신 후, 혼합 세균이 도말된 배양접시의 뚜껑에 놓고 배양접시를 밀폐하여 30℃에서 배양하였다. 배양접시에 자란 세균 집락에서 세균을 채취하여 순수 분리하였다.

분리된 세균은 최소한천배지에서 한천을 제외한 액체 배지가 들어있는 serum vial에 접종하고 고무마개로 막은 후, 주사기를 사용하여 암모니아 수를 공급하였다(최종농도, 0.2 mM). 24시간 배양 후 배지 중에 있는 암모니아의 잔류 농도를 측정하였다. 최종 농도가 초기에 비해 50% 이상 감소한 시료에 접종한 세균을 암모니아 제거능이 뛰어난 세균으로 판단하였다.

2.3. 분리된 세균의 암모니아 제거능 평가

암모니아 제거능이 뛰어난 것으로 판단된 5종의 분리 세균과 대조군으로 사용하기 위한 2 종의 세균에 대하여 암모니아 제거능을 평가하였다. 대조군으로 사용된 세균은 *Bacillus megaterium* M12와 *Bacillus subtilis* KCTC3135 이었다. *Bacillus megaterium* M12는 실험에 사용된 폐수처리 시설의 생물 반응조에서 분리된 것이며, *Bacillus subtilis* KCTC3135는 KCTC(Korean Collection for Type Cultures)에서 분양받은 것이다.

질소원으로 $(NH_4)_2SO_4$(2.0 g/L)를 첨가한 최소액체배지에 분리된 세균과 대조세균을 접종한 후 30℃, 150 rpm에서 24시간 동안 교반 배양하였다. 배양액을 원심분리하여 균체를 회수한 후, 이를 PBS로 2회 세척하였다. 세척된 균체를 질소원이 첨가되지 않은 최소액체배지로 희석하여 균체의 최종농도(OD_{600})를 0.5로 조절한 후 serum vial로 옮기고 고무마개로 막았다. 주사기로 암모니아수를 주입하여 암모니아의 최종농도가 0.16, 0.80, 1.6, 8.0 mM이 되도록 하였다. 세균이 아닌 다른 요인에 의한 암모니아 농도 변화 정도를 측정하기 위해 세균을 접종하지 않고 암모니아 만 주입한 시료를 준비하였다. 이렇게 제조된 시료들을 교반배양기(30℃, 150 rpm)에 넣고 배양하면서 일정 시간 간격으로 시료를 채취하여 용액 중 암모니아의 농도 변화를 측정하였다. 암모니아의 제거 실험에 사용된 모든 시료는 각 조건별로 3개씩 준비하였으며, 결과는 각 시료에서 측정된 평균값으로 나타내었다. 암모니아, 아질산염, 질산염의 농도는 Standard Methods에 따라 분석하였다.[7)]

2.4. 분리된 세균의 분류학적 특성 분석

분리된 세균의 16S ribosomal RNA(rRNA) 유전자의 염기서열을 분석하여 세균의 분리학적 위치를 추정하였다. 세균으로부터 chromosomal DNA를 추출한 후, phenol-chloroform 법으로 정제하였다.[8)] 정제된 DNA를 사용하여 세균의 16S rRNA 유전자의 특정 부위를 PCR로 증폭하였으며, 이때 primer는 27F와 1492R을 사용하였다.[9)] PCR 산물을 정제한 후, DNA 염기서열분석기(Megabase 1000, GE

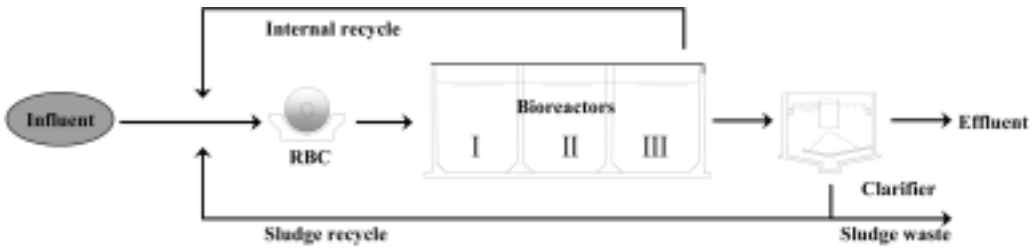

Fig. 1. Diagram of pilot plant designed to treat highly concentrated food industry wastewater.[1)]

Healthcare)를 사용하여 염기서열을 결정하였다. 이러한 과정을 통하여 획득한 염기서열을 RDP II(ribosomal database project II)에 입력하여 기존에 알려진 염기서열과 비교 분석하였다.[10] 분리된 세균과 유사성이 높은 것으로 나타난 세균의 16S rRNA 유전자의 염기서열을 RDPII로부터 내려 받은 후, MEGA 4.0 프로그램을 사용하여 Neighbor-Joining method를 사용하여 계통수를 작성하였다.[11] 이러한 결과로부터 분리된 암모니아 제거세균의 분류학적 위치를 추정하였다.

3. 결과 및 토의

3.1. 암모니아 제거 세균의 분류학적 특징

고농도 식품폐수 처리시설로부터 분리한 암모니아 제거 세균을 배양한 후 DNA를 추출하여 세균의 16S rRNA 유전자의 염기서열을 분석하였다. RDPII에 수록된 데이터베이스의 자료를 사용하여, 분석된 염기서열과 계통분류학적으로 가장 근접한 세균을 구하였다(Table 1, Fig. 2). 암모니아 제거능이 뛰어난 것으로 밝혀진 모든 세균은 ℽ-proteobacteria에 속하는 것으로 밝혀졌다. 4종류는 family Enterobacteriaceae에 속하며, KCAD-13은 family Aeromonadaceae에 속하였다.

배양된 세균 중 KCAD-3과 계통학적으로 가장 근접한 것은 *Citrobacter freundii* ATCC8090^{T}이었으며,[12] 배양이 되지 않은 세균 중에서는 strain aaa85g06(GenBank accession number, DQ816008)이 가장 근접한 것으로 나타났다(유사도, 0.990).[13] KCAD-4와 근접한 세균은 진딧물의 내장에서 발견된 *Enterobacter asburiae* JCM6051이었다.[14] KCAD-9의 경우 축사 근처에서 분리된 세균인 *Buttiauxella agrestis* HS-39와 분류학적으로 유사한 것으로 나타났다.[15] KCAD-12와 KCAD-13의 경우 배양된 세균 중에서는 각각 *Shigella flexneri* ATCC29903^T, *Aeromonas media* ATCC33907^{T}와 분류학적으로 가장 근접하였으나,[16,17] 배양되지 않은 세균으로는 각각 strain aab26f04(GenBank accession number, DQ819167; 유사도, 0.989), aab60f12(GenBank accession number, DQ814163; 유사도, 0.981)와 매우 근접하였다.[13]

분리된 암모니아 세균의 16S rRNA 유전자 분석 결과에서 특이한 것은 이들이 모두 내장에서 발견된 세균과 분류학적으로 유사하다는 것이다. KCAD-3, 12, 13의 경우에는 zebrafish와 생쥐의 내장에서 발견된 aaa85g06(DQ816008), aab26f04(DQ819167), aab60f12(DQ814163)와 16S rRNA 유전자의 염기서열이 매우 근접하였으며, KCAD-4의 경우 진딧물의 내장에서 분리한 세균과 계통학적으로 매우 가깝게 나타났다. 또한 KCA-9의 경우에는 축사에서 분리된 세균과 분류학적으로 매우 가까운 것으로 나타났다. 이러한 것은 세균을 분리한 식품 폐수 처리장은 햄 생산 공장에 설치된 시설로, 햄의 원료인 돼지를 도축하는 과정에서 발생한 부산물을 함께 처리하기 때문에 이들의 내장에

Table 1. Phylogenetic relationship of ammonia-removing bacteria isolated from a food-wastewater treatment facility based on 16S rRNA gene sequences(GenBank accession numbers for the closest relatives are given in parentheses).

Strains	Nearest phylogenetic relative	Similarity	Reference
KCAD-3	*Citrobacter freundii* ATCC8090^T(AJ233408)	0.983	12
KCAD-4	*Enterobacter asburiae* JCM6051^T(AB004744)	0.952	14
KCAD-9	*Buttiauxella agrestis* HS-39(DQ440549)	0.982	15
KCAD-12	*Shigella flexneri* ATCC29903^T(X96963)	0.980	16
KCAD-13	*Aeromonas media* ATCC33907^T(X74679)	0.972	17

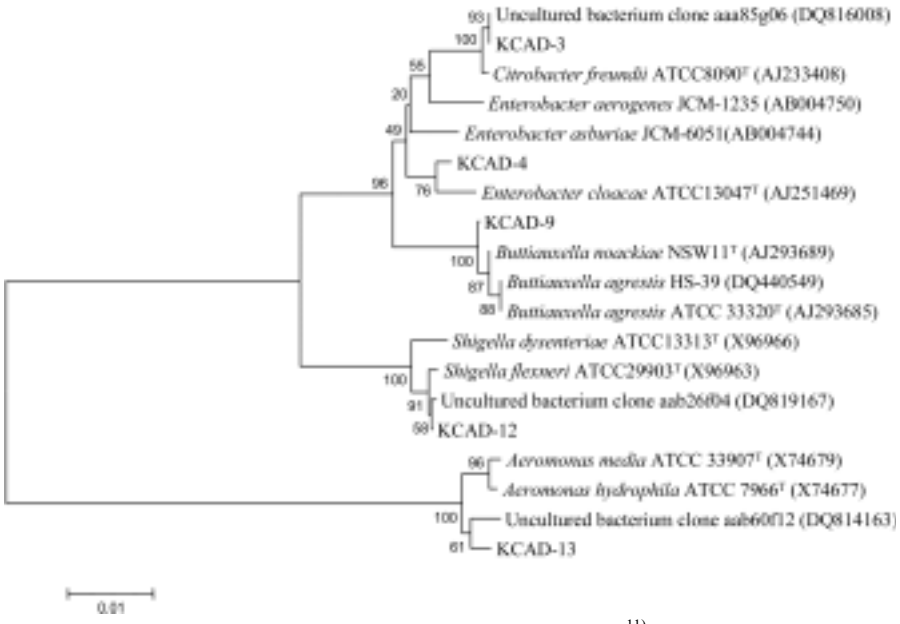

Fig. 2. Evolutionary relationships of 15 taxa which were constructed in MEGA4.[11] The evolutionary history was inferred using the Neighbor-Joining method.[18]

서식하는 세균이 폐수처리시설로 다량 유입되기 때문인 것으로 판단된다.

3.2. 분리된 세균의 암모니아 제거능

분리된 세균의 암모니아 제거능을 평가하기 위하여 세균을 배양한 후 암모니아를 주입한 후 시간에 따른 암모니아의 잔류량을 측정하였다. 암모니아의 농도를 1.6 또는 8.0 mM로 주입하였을 경우 실험에 사용된 모든 세균에서 암모니아의 제거가 관찰되지 않았으며, 시간이 지남에 따라 세균이 사멸하는 것으로 나타났다. 이는 암모니아의 농도가 높을 경우 이의 독성에 의해 일어난 현상으로 판단된다.

암모니아의 농도를 0.16 mM로 주입하였을 경우 8시간 경과하였을 때 암모니아의 94.1 ± 0.56%가 제거되었으며, 16시간 경과 후 95.6 ± 1.1%의 암모니아가 제거되었다(Fig. 3(a)). 이후 32시간 동안 암모니아의 농도를 측정하였을 때 더 이상의 제거가 일어나지 않았다. 가장 제거능이 높은 세균은 KCAD-3였으며, KCAD-13, KCAD-12, KCAD-9, KCAD-4의 순서로 암모니아의 제거 정도가 높은 것으로 나타났다. 대조군으로 사용한 *Bacillus* sp.의 경우에는 93.1 ± 3.9%의 제거도를 보였으며, 분리된 세균과 비교하였을 때 통계적으로 큰 차이가 없는 것으로 보인다(t-test, $P = 0.21 > 0.005$).

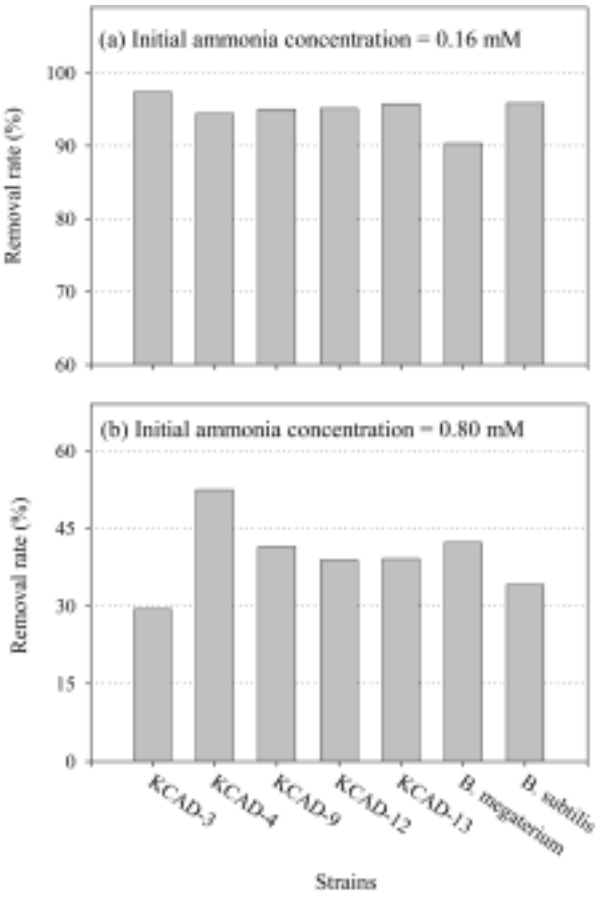

Fig. 3. Removal rate of ammonia by isolated bacteria in variable ammonia concentration.

암모니아를 0.80 mM로 주입하였을 경우 분리된 세균에 의해 배양 후 8시간 만에 37.4 ± 5.7%의 암모니아가 제거되었으며, 16시간 후에는 40.3 ± 8.2%가 제거되었다(Fig. 3(b)). 암모니아를 높은 농도로 공급하였을 경우에도 대조균인 *Bacillus* sp.와 암모니아 제거율은 통계적으로 차이가 없었다(t-test, $P = 0.76 > 0.05$). 배지 중 아질산염과 질산염의 농도를 측정하였을 때 시간 별로 거의 변화가 없었으며 암모니아에 비해 매우 낮은 농도로 측정되었다.

폐수처리 과정에서 발생한 암모니아가 공기 중으로 방출되지 않고 용액 중 제거되는 과정은 크게 네 가지로 나뉜다.[19] 첫 번째는 화학독립영양세균인 질산화균에 의해 암모니아가 질산염으로 전환된 후 탈질 세균에 의해 질소로 제거되는 질산화-탈질 과정이고, 두 번째는 무산소 및 혐기조건에서 일어나는 혐기성 암모니아 산화(ANAMMOX, anaerobic ammonia oxidation) 과정이다. 두 과정은 모두 중간 대사 물질로 질산염이 발생한다. 세 번째 암모니아 처리 과정은 암모니아의 산화가 불완전하여 아질산까지만 진행되다가 바로 질소기체로 환원하는 부분질산화-탈질 과정이며, 마지막으로는 반응조 내 세균이 질소원으로 암모니아를 사용하는 암모니아 동화(assimilation) 과정이 있다.

폐수를 처리하는 과정에서 암모니아를 제거하기 위하여 가장 많이 연구된 것은 질산화-탈질 과정이다. 이 기작을 통하여 암모니아가 효과적으로 제거되기 위해서는 폐수 중에 포함된 암모니아 산화세균 및 아질산염 산화세균가 호기 조건에서 일련의 반응을 통해 암모니아가 질산염으로 산화되는 질산화 과정을 거쳐야 한다. 그러나 질산화에 관여하는 세균은 증식속도가 느리고 질산화 대사산물인 아질산과 질산의 농축으로 인하여 질산화균 증식에 저해를 받는다. 또한 폐수 중 탄소원의 농도가 높을 경우 종속 영양균 및 사상균이 증식함으로써 질산화균의 증식을 저해하기 때문에, 이런 종류의 폐수에서는 질산화균에 의한 암모니아 처리 능력이 낮은 것으로 보고되고 있다.[20] 특히 0.3 mg/L 이하의 용존산소 조건에서는 효과적인 질산화를 기대하기 힘들다고 알려져 있기 때문에,[21] 폐수 처리 과정에서 *Bacillus*의 포자화를 유도하기 위하여 용존 산소의 농도를 낮게 유지시키는 RABC의 경우 질산화균에 의한 질산화가 저해될 수 있다.[2,3]

분리된 세균에 의한 암모니아 제거율을 평가하기 위하여 암모니아를 공급한 후 아질산염 및 질산염의 농도를 측정하였으나, 배양 중 암모니아의 농도는 급격히 감소하는 반면 아질산염과 질산염은 생성되지 않았다. 폐수 중 암모니아를 제거하는 4가지의 기작 중 질산화-탈질 및 ANAMMOX의 경우 중간 대사 산물로 질산염을 생성하며, 부분질산화-탈질 과정에서도 아질산염이 생성된다. 따라서 배양 중 이러한 물질이 생성되지 않았다는 것은 분리된 세균에 의한 암모니아 제거가 질산화-탈질, ANAMMOX, 또는 부분탈질화-탈질 과정에 의한 것이 아니라 암모니아 동화에 의해 일어나고 있음을 시사한다.

16S rRNA 유전자의 염기서열을 기초로 분류학적 특징을 살펴본 결과 본 연구에서 분리된 세균은 도축 과정에서

발생한 부산물로부터 유래된 것으로 판단된다. 최근의 연구 결과에 따르면 본 연구에서 분리된 세균과 비슷한 특징을 나타내는 *Vibrio alginolyticus*를 접종하였을 때 이를 접종하지 않은 대조시료에 비하여 암모니아의 제거율이 13.3배나 높아지는 것으로 나타났다.[20] 바이오필터에 *Rhodococcus equi* A3을 식종하였을 때 암모니아 제거율이 90.8%로 *Nitrosomonas* sp.와 *Nitrobacter* sp.를 접종한 바이오필터의 암모니아 제거율인 80% 보다 높은 것으로 보고되었다.[22,23]

본 연구에서 사용된 폐수 처리 공정에서는 *Bacillus* 균이 탄소, 질소 및 악취의 제거에 중요한 역할을 하는 것으로 알려져 있다.[1,4] 실제로 바이오필터에 접종한 *Bacillus cereus* YCa-1214가 55～60% 정도의 암모니아를 제거한 것으로 보고되었으며,[24] 본 연구에서 대조균으로 사용한 *Bacillus megaterium*과 *Bacillus subtilis*의 암모니아 제거능이 높은 것으로 나타나, RABC 공정에서 *Bacillus* sp.가 악취의 제거에 일정 정도의 역할을 하고 있는 것으로 판단된다. 하지만 암모니아를 단일 질소원으로 공급한 배지에서 성장한 세균 중 *Bacillus* 속에 속하는 세균이 없고 대부분이 Enterobacteriaceae이었다. 또한 본 실험에서 분리된 세균의 암모니아 제거 능력이 매우 뛰어난 것으로 나타나, 본 폐수 처리 공정에서 이들 세균이 악취 제거에 중요한 역할을 하는 것으로 판단된다.

4. 결 론

Bacillus sp.를 농화시킨 RABC 처리 공정을 사용하여 고농도 식품폐수를 처리할 때 악취가 적게 발생하는 기작을 밝히기 위하여, RABC 공정으로부터 암모니아성 악취의 제거능이 우수한 세균을 분리하고 이의 특성 및 제거능을 평가한 결과는 다음과 같다.

1) 폐수 처리시설로부터 분리한 암모니아 제거 세균의 16S rRNA 유전자를 이용하여 계통분류학적 특성을 조사한 결과 제거능이 뛰어난 5종의 세균이 모두 γ-proteobacteria에 속하며, 각각 *Citrobacter*, *Enterobacter*, *Buttiauxella*, *Shigella*, *Aeromonas* 속에 속하는 세균과 분류학적으로 가장 근접하였다.

2) 분리된 세균과 분류학적으로 유사한 세균은 모두 동물의 내장에서 발견된 것으로, 폐수 처리시설에 유입된 돼지의 도축 부산물에서 유래한 것으로 판단된다.

3) RABC 공정의 생물반응조의 용존산소 농도가 낮으며 암모니아 제거 과정에서 아질산염 또는 질산염의 농도가 변하지 않는 것으로 보아, 분리된 세균은 암모니아 동화과정을 통해 폐수 중 암모니아의 농도를 저감시키는 것으로 판단된다.

4) 분리된 세균의 암모니아 제거능을 측정한 결과, 도축 부산물로부터 유입되어 처리 시설에 정착한 장내세균이 RABC 폐수 처리 공정의 악취 제거에 중요한 기여를 하고 있는 것으로 보인다.

사 사

이 논문은 2006년도 충북대학교 학술연구지원사업의 연구비 지원에 의하여 연구되었으며, 이에 감사드립니다.

참 고 문 헌

1. 배우근, 김승진, 박성준, 김문일, 권기욱, 이성범, 최형주, “바실러스를 이용한 회전 생물막 접촉조의 처리 효율 평가,” 대한환경공학회 2006 추계학술연구발표회 논문집, pp. 112～116(2006).
2. 남지현, 배우근, 이동훈, “*Bacillus*와 내생포자 발아가 유기물 제거에 미치는 효과,” 대한환경공학회지, **29**(2), 169～175(2007).
3. 김응호, 조연제, 박성주, 신광수, 임수빈, 정진권, “망상형 회전식 바실러스 접촉장치를 이용한 하수의 고도처리공정에 관한 연구,” 한국물환경학회지, **20**(2), 190～195(2004).
4. 조연제, 성기문, “바실러스균을 이용한 돈・도축 폐수처리에 관한 연구,” 한국물환경학회・대한상하수도학회 공동추계학술발표대회 논문집, pp. 285～291(2000).
5. Choi, Y. S., Hong, S. W., Kim, S. J., and Chung, I. H., “Development of a biological process for livestock wastewater treatment using a technique for predominant outgrowth of *Bacillus* species,” *Water Sci. Technol.*, **45**, 71～78(2002).
6. 김응호, 조연제, 박성주, 신광수, 임수빈, 박현주, “회전식 부착 바실러스를 이용한 하수고도처리 공정에서의 총대장균군 제거 특성,” 한국물환경학회지, **21**(1), 73～78(2005).
7. AWWA, Standard Methods for the Examination of Water and Wastewater, 20th ed., Washington, DC, USA(1999).
8. Lee, D. H., Zo, Y. G., and Kim, S. J., “Nonradioactive method to study genetic profiles of bacterial communities by PCR-single-strand-conformation polymorphism,” *Appl. Environ. Microbiol.*, **62**, 3112～3120(1996).
9. Polz, M. F. and Cavanaugh, C. M., “Bias in template-to-product ratios in multi-template PCR,” *Appl. Environ. Microbiol.*, **64**(10), 3724～3730(1998).
10. Maidak, B. L., Cole, J. R., Lilburn, T. G., Parker, C. T., Jr., Saxman, P. R., Farris, R. J., Garrity, G. M., Olsen, G. J., Schmidt, T. M., and Tiedje, J. M., “The RDP-II(Ribosomal Database Project),” *Nucleic Acids Res.*, **29**(1), 173～174(2001).
11. Tamura, K., Dudley, J., Nei, M., and Kumar, S., “MEGA4: Molecular Evolutionary Genetics Analysis(MEGA) software version 4.0,” *Mol. Biol. Evol.*, **24**, 1596～1599(2007).
12. Sproer, C., Mendrock, U., Swiderski, J., Lang, E., and Stackebrandt, E., “The phylogenetic position of *Serratia*, *Buttiauxella* and some other genera of the family En-

terobacteriaceae," *Int. J. Syst. Bacteriol*., **49**(4), 1433～1438(1999).
13. Rawls, J. F., Mahowald, M. A., Ley, R. E., and Gordon, J. I., "Reciprocal gut microbiota transplants from zebrafish and mice to germ-free recipients reveal host habitat selection," *Cell*, **127**(2), 423～433(2006).
14. Harada, H., Oyaizu, H., and Ishikawa, H., "A consideration about the origin of aphid intracellular symbiont in connection with gut bacterial flora," *J. Gen. Appl. Microbiol.*, **42**, 17～26(1996).
15. Park, J. -W., Oh, Y. -S., Lim, J. -Y., and Roh, D. -H., "Isolation and characterization of cold-adapted strains producing β-galactosidase," *J. Microbiol.*, **44**(4), 396～402(2006).
16. Wang, R. F., Cao, W. W., and Cerniglia, C. E., "Phylogenetic analysis and identification of *Shigella* spp. by molecular probes," *Mol. Cell. Probes.*, **11**(6), 427～432(1997).
17. Ruimy, R., Breittmayer, V., Elbaze, P., Lafay, B., Boussemart, O., Gauthier, M., and Christen, R., "Phylogenetic analysis and assessment of the genera *Vibrio*, *Photobacterium*, *Aeromonas*, and *Plesiomonas* deduced from small-subunit rRNA sequences," *Int. J. Syst. Bacteriol.*, **44**(3), 416～426(1994).
18. Saitou, N. and Nei, M., "The neighbor-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees," *Mol. Biol. Evol*., **4**, 406～425(1987).
19. 송홍규, 권오섭, 김종설, 안승구, 양성렬, 오계헌, 이태진, 환경미생물학, 동화기술(2004).
20. 김남진, 정윤철, 正田誠, "신규 미생물, *Vibrio alginolyticus*에 의한 고부하 암모니아 가스 처리에 관한 연구," 한국물환경학회 대한상하수도학회 공동춘계학술발표회 논문집, pp. 363～366(2002).
21. Strenstrom, M. K. and Poduska, R. A., "The effect of dissolved oxygen concentration on nitrification," *Water Res.*, **14**, 643～649(1980).
22. 이승주, 장동일, 임송수, 장홍희, "돈사 악취 저감을 위한 바이오필터 개발," 한국환경농학회지, **24**(4), 386～390(2005).
23. Choi, S. S. and Choi, C. S., "Biofiltration of ammonia in food waste composting," *J. Korea Society of Environmental Administration*, **6**(1), 77～83(2000).
24. 임광희, 이은주, 박중곤, "황화수소와 암모니아의 동시제거를 위한 *Enterobacter* sp. YES-1153과 *Bacillus cereus* YCa-1214를 고정한 바이오필터의 활용," 응용화학, **10**(2), 685～688(2006).