

## 감마선 조사된 수산 자숙액의 오염 미생물군 특성

최종일 · 김연주 · 김재훈 · 전병수<sup>1</sup> · 안동현<sup>1</sup> · 권중호<sup>2</sup> · 황영정<sup>3</sup> · 변명우 · 이주운<sup>†</sup>  
한국원자력연구원 정음방사선과학연구소, <sup>1</sup>부경대학교 식품생명공학부, <sup>2</sup>경북대학교 식품공학과,  
<sup>3</sup>진주국제대학교 식품과학부

## Characteristics of Microorganisms Contaminating Seafood Cooking Drips Exposed to Gamma Irradiation

Jong-Il Choi, Yeon-Joo Kim, Jae-Hun Kim, Byung-Soo Chun<sup>1</sup>, Dong-Hyun Ahn<sup>1</sup>,  
Joong-Ho Kwon<sup>2</sup>, Young Jung Hwang<sup>3</sup>, Myung-Woo Byun and Ju-Woon Lee<sup>†</sup>

Advanced Radiation Technology Institute, Korea Atomic Energy Research Institute, Jeongeup, 580-185, Republic of Korea

<sup>1</sup>Food Science and Biotechnology, Pukyong National University, Busan, 608-737, Republic of Korea

<sup>2</sup>Department of Food Science & Technology, Kyungpook National University, Daegu, 702-701, Republic of Korea

<sup>3</sup>Division of Food Science, Jinju International University, Jinju 660-579, Republic of Korea

### Abstract

Microorganisms in seafood cooking drips were counted and identified. Total viable cell counts were 6.40 and 3.10 log CFU/g in cooking drips of *Hizikia fusiformis* and *Thunnus thynnus*, respectively. However, microbial populations fell with increased irradiation doses. In *H. fusiformis* cooking drips, a 5-log reduction in total aerobic bacteria was obtained by irradiation with 5 kGy. In *T. thynnus* cooking drips, however, contaminating microorganisms were more resistant to gamma irradiation and only a 1-log reduction was seen. DNA sequence analysis showed that the principal contaminating microorganisms in *H. fusiformis* and *T. thynnus* cooking drips were *Lactobacillus* and *Bacillus* species, respectively. Therefore, the high irradiation resistance of *T. thynnus* cooking drips microbes may result from spore formation by *Bacillus* species.

**Key words** : microbial contamination, cooking drip, gamma irradiation

### 서 론

투스, 미역, 참치, 고등어, 굴, 오징어, 문어 및 멸치 등과 같은 수산물의 통조림 및 건제품 가공과정에서는 부산물로써 다량의 자숙액이 발생되며, 이들 자숙액의 대부분은 폐기물로 처리되거나 일부는 저가의 조미료 재료나 식품 중간소재로 이용되고 있다(1). 자숙액에는 수산 원료에 포함된 다양한 성분들, 특히 기능성 생물 활성 물질이 추출되어 함유되어 있다. 하지만, 자숙액은 다량으로 발생하고 활용 분야가 많지 않기 때문에 아무런 처리 없이 폐기되고 있는데, 이러한 폐액은 생물학적 산소 요구량의 증대와 같은 해양 환경에 중요한 영향을 미칠 수 있어 자숙액의 회수 및 이용은 폐기 자원의 이용이라는 측면뿐만 아니라 환경

보호의 측면에서도 매우 필요하다(2). 현재 자숙액에 함유되어 있는 유리아미노산, 유기산, 일부 핵산관련물질 등과 같은 용출성 영양성분들을 기능성 물질의 새로운 자원으로 재이용하려는 많은 연구가 시도되었다(3). 그러나, 다량으로 얻어지는 자숙액은 상온에서 개방된 상태로 아무런 처리 없이 보관되기 때문에 미생물의 오염 위험이 높고, 또한 자숙액 내의 높은 영양성분 때문에 미생물이 쉽게 성장하게 된다. 따라서, 자숙액을 식품 소재로 이용하기 위해서는 오염을 최소화하고, 오염된 제품을 살균하는 방법을 모색하는 것이 시급하다.

최근 식품 위생화의 새로운 방법으로 대두되고 있는 방사선 조사는 식품 고유의 풍미와 생화학적 품질에 영향을 미치지 않으면서도 미생물에 대하여 선택적인 살균효과를 나타내며, 잔류독성이 없고 제품의 포장 후 살균이 가능하여 2차 오염을 방지할 수 있는 특성이 있다(4,5). 또한, 식품의 품온 상승에 따른 성분의 파괴를 최소화할 수 있고 유해

<sup>†</sup>Corresponding author. E-mail : sjwlee@kaeri.re.kr,  
Phone : 82-63-570-3204, Fax : 82-63-570-3207

성분의 생성이나 잔류성분이 남지 않으며 필요에 따라 대형화 할 수 있다는 등의 장점으로 인하여 식품의 보존성 향상을 목적으로 다양한 연구가 진행되고 있고 이미 농산물과 분말식품 등의 보존에는 이 기술이 적용되고 있다(6). 따라서 저장 기간 동안 미생물의 영향을 받는 자숙액에 감마선을 적용할 경우 자숙액의 위생화에 대한 긍정적인 효과가 기대된다.

본 연구에서는 수산 가공 부산물인 자숙액을 식품 및 공중보건 소재로 이용하기 위해 자숙액의 위생화를 위한 감마선 조사기술의 이용가능성을 검토할 목적으로 자숙액의 감마선 조사에 따른 미생물 생존율을 비교하였다. 또한 자숙액 내에 생존하고 있는 미생물을 동정하여 감마선 조사에 대한 상대적 저항성을 평가하고자 하였다.

## 재료 및 방법

### 시료 준비

본 연구에서 사용한 톳, 참치 및 굴 자숙액은 국내 수산 업체에서 구입하거나 제공받았다. 자숙액을 2 mL tube에 담은 후 감마선 조사하였다. 실험에 사용된 용매들은 모두 시약용으로 구매하여 사용하였다.

### 감마선 조사

감마선 조사는 한국원자력연구원 방사선과학연구소 (Jeongeup, Republic of Korea) 내 선원 11.1 PBq, Co-60 감마선 조사시설 (point source AECL, IR-79, MDS Nordion International Co. Ltd., Ottawa, ON, Canada)을 이용하여 실온 (14±1°C)에서 시간당 10 kGy의 선량율로 각각 0, 1, 2, 3, 4 및 5 kGy의 총 흡수선량을 얻도록 하였다. 흡수선량 확인은 alanine dosimeter (5 mm, Bruker Instruments, Rheinstetten, Germany)를 사용하였다. Dosimetry 시스템은 국제원자력기구 (IAEA)의 규격에 준용하여 표준화한 후 사용하였으며, 총 흡수선량의 오차는 2% 이내였다. 비조사구인 0 kGy는 동일한 온도효과를 얻기 위하여 감마선 조사 시설 외부에 둔 후, 조사 직후 처리구와 함께 4°C 냉장고에 저장하였다.

### 생균수 측정

자숙액 시료 1 mL에 멸균된 식염수(0.85%, NaCl) 9 mL을 첨가하여 Bag mixer (Model 400, Interscience, France)를 사용하여 120초 동안 혼합한 후 10진 희석법으로 희석한 희석액을 total plate count agar (PCA, Difco Laboratories, Sparks, MD)를 사용하여 도말하였다. 미생물의 증식은 표준한천배양방법으로 37°C에서 48시간 배양한 후 계수하였다.

### 균주의 분리 및 DNA 추출

자숙액 내 미생물의 분리를 위하여 PCA 배지를 사용하

였다. 자숙액을 멸균 식염수에 희석하여 PCA에 접종한 다음 30°C에서 48시간 배양한 후 생성된 colony를 취하여 순수 분리하였다. 각 조건에서 최소 30개 이상의 분리된 colony들을 수거하여 Genomic DNA kit (Invitrogen, Calsbad, CA)를 이용하여 PCR에 사용될 Template DNA를 추출하였다.

### PCR primer

원료 자숙액 오염 미생물의 유전자를 증폭하기 위해 2종의 PCR primer를 이용하여 실험하였다. 목적 염기서열로는 16S rDNA를 선정하였다. 16S rDNA PCR을 위하여 Keyser 등(7), Lehner 등(8)의 논문에 기술된 primer들로 5' -CCC GCA TCT CTG CAG GAT TCT C-3' 과 5' -CTA ATA CCG CAT AAC GTC TAC G-3' 을 사용하였다.

### 중합효소연쇄반응(PCR)

중합효소연쇄반응 용액은 총 20 µL이며 증류수 19.2 µL, Template DNA 0.5 µL (100 ng/µL)와 각각의 primer는 0.3 µL (20 pmol)를 취하여 premix (Bioneer, 대전, 한국)를 사용하여 PCR을 수행하였다. PCR 수행 조건은 thermal cycler PC-808 (ASTECH, Fukuoka, Japan)을 사용하여 denaturation은 94°C에서 30초, annealing은 50°C에서 30초, extension은 72°C에서 1분씩 총 30회를 반복 실시하고 마지막으로 72°C에서 3분간 last extension을 실시하였다.

### Agarose gel 전기영동에 의한 증폭산물의 확인

PCR 증폭산물의 확인을 위하여 1.2% (w/v) agarose gel을 이용하여 전기영동장치 (Advance, Tokyo, Japan)로 분석하였다. Agarose 1.2 g과 1× TBE 완충용액 (54 g Tris base, 27.5 g boric acid, 20 mL 0.5 M EDTA(pH 8.0), D.W. upto 5 L) 100 mL을 섞어 1.2% gel을 만든 후 PCR 산물 2 µL에 10× bromophenol blue dye 0.5 µL를 섞어서 gel에 loading하고 100 V에서 40분 전기영동 시켰다. Size marker로는 1000 bp DNA ladder (TAKARA)를 사용하였다. 전기영동이 끝난 후 gel은 SYBR Green (Cambrex, East Rutherford, NJ)으로 염색하였으며 증폭된 DNA는 Gel image analyser (Bio-rad, Hercules, CA)로 관찰하였다. 증폭된 PCR product는 PCR purification kit (Qiagen, Hilden, Germany)를 이용하여 정제하였다.

### 염기서열 분석

확보된 염기서열은 National Center for Biotechnology Information (NCBI)의 Basic Local Alignment Search Tool (9)과 Ribosomal Database Project II tool (10)에 등록되어 있는 database를 사용하여 검색하였으며, 높은 유사성을 가지는 염기서열을 기초로 하여 group 별로 정리한 후, Clustal W (EBI, UK)를 이용한 multiple alignment를 통해 sequence data들을 비교하였다(11).

## 통계 분석

모든 실험은 3회 반복 실시하였으며, 얻어진 결과들은 SPSS software(12)에서 프로그램에 의한 ANOVA test를 이용하여 분산분석을 한 후 Duncan의 다중 검정을 실시하였다.

## 결과 및 고찰

### 자숙액의 감마선 조사에 따른 총균수 변화

수산 자숙액내의 오염 미생물의 분포도를 알아보기 위하여 톳, 참치 및 굴 자숙액을 37°C에서 저장하면서 감마선 조사한 후 미생물의 생균수를 계수하였다. 굴 자숙액에서는 호기성 미생물이 검출되지 않았으나, 톳 및 참치 자숙액에서는 약 6.40 및 3.10 Log CFU(집락형성단위)/g의 호기성 미생물이 검출되었다 (Fig. 1, 2). 저장 기간이 증가함에 따른 톳 및 참치 자숙액의 저장기간 동안의 미생물 수에는 유의적 차이가 없었다 (Data not shown).

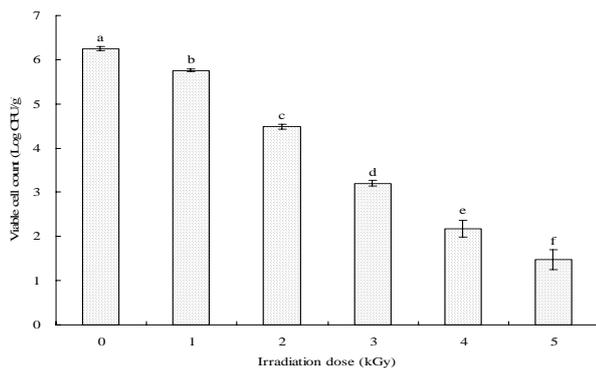


Fig. 1. Total viable cell counts of cooking drips of *Hizikia fusiformis* by gamma irradiation.

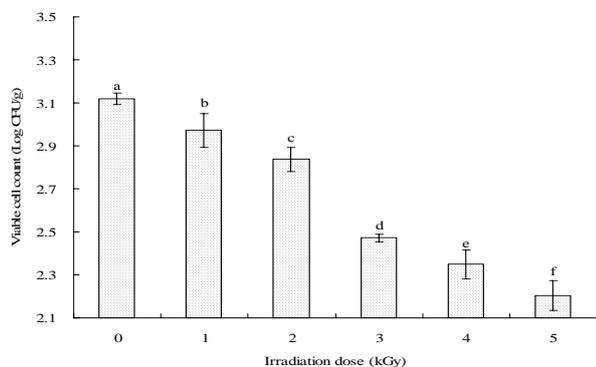


Fig. 2. Total viable cell counts of cooking drips of *Thunnus thynnus* by gamma irradiation.

한편, 감마선 조사에 의해 톳 및 참치 자숙액의 미생물 수가 감소하였음을 확인 할 수 있었다 (Fig. 1, 2). 감마선에

의해 미생물의 세포 내 DNA의 공유결합이 절단되어 purine 이나 pyrimidin 염기가 소실되어 치명적인 돌연변이가 일어나거나 DNA 사슬이 절단되는데, 수복이 되지 못하면 사멸하게 된다(13). 5 kGy의 감마선을 조사하였을 때 톳 및 참치 자숙액에서는 1.48 및 2.20 log CFU/g의 미생물이 검출되었다. 본 연구 결과 수산 자숙액을 식품 및 공중 보건 산업에 이용함에 있어 자숙액 내에 있는 오염 미생물을 살균시키는 방법으로써 감마선 조사의 효과를 확인하였다. 감마선 조사 결과, 톳 자숙액에서는 5 kGy의 선량에서 약 5 log CFU/g 값이 감소하였으나, 참치 자숙액에서는 같은 선량에서 1 log CFU/g 값만이 감소하였다. 따라서 자숙액 별로 미생물들의 감마선 저항성이 큰 차이를 보였으며, 참치 자숙액에서는 톳 자숙액보다 높은 감마선 조사선량이 필요하다고 생각된다. 동일한 선량의 감마선 조사에 의해 미생물 사멸율이 다른 이유를 알아보기 위하여 자숙액 내에 존재하는 미생물을 동정하였다.

### 염기서열분석에 의한 자숙액의 오염 미생물군 분석

자숙액 내의 미생물로부터 확보한 PCR product는 정제된 후 염기서열의 확인을 통해 세균 동정과 함께 자숙액 내 오염 미생물의 군집을 조사하였다. 이때 확인된 염기서열은 NCBI의 Blast search를 통하여 유사도가 높은 gene을 검색한 결과, 자숙액의 종류에 따라 서로 다른 오염 미생물이 동정되었다(Table 1). 톳 및 참치 자숙액에서 *Lactobacillus plantarum*, *Lactobacillus pentosus*, *Paenibacillus sp.*, *Bacillus subtilis*, *Bacillus gelatini* 등을 포함하여 총 18종 이상의 오염 미생물을 확인할 수 있었다. 톳 자숙액에서는 주로 *L. plantarum*이 주로 검출되었고, *Ralstonia sp.* 및 *Paenibacillus sp.* 등도 검출되었다. 참치 자숙액에서는 *Bacillus subtilis*가 주로 검출되었고, *B. gelatini*, *Brevibacillus borstelensis*, *Bacillus sporothermodurans*, *Sporosarcina aquimarina* 및 *Bacillus cereus* 등이 검출되었다. 톳 자숙액에서 검출된 *L. plantarum*의 D<sub>10</sub> value는 0.56 kGy라고 보고 되었으며(15), 참치 자숙액에서 검출된 *B. subtilis* 및 *B. cereus*의 D<sub>10</sub> value는 각각 1.43(17), 및 1.22 kGy(18)로 보고 되었다. 하지만 이러한 보고된 미생물들의 D<sub>10</sub> value를 측정하였던 실험조건보다 본 연구에서 사용된 자숙액에서는 단백질의 함량이 높고, 다양한 radical quencher들이 존재하기 때문에 방사선 조사에 의한 CFU 값의 감소가 낮게 나타난 것으로 생각된다. 또한 참치 자숙액에서는 다량의 지방산 성분들이 존재하기 때문에 감마선 조사에 의해 생성된 라디칼들의 많은 부분이 지방산과 결합하여 방사선 저항성이 더 높아진 것으로 사료된다.

자숙액 내의 오염 미생물의 감마선 조사에 대한 영향을 알아보기 위하여 자숙액 시료에 1, 3 및 5 kGy의 감마선을 조사하여 미생물을 동정한 결과를 Table 1에 나타내었다. 톳 자숙액의 경우, 비조사군에서 *L. plantarum*, *Ralstonia*

sp., *L. pentosus* 및 *Lactobacillus paraplantarum*이 동정되었고, 1 kGy의 감마선 조사한 자숙액에서는 *L. plantarum* 및 *L. pentosus*가 발견되었으며, 조사선량이 높아질수록 *Paenibacillus sp.*가 더 오랫동안 생존하였다. *Paenibacillus sp.*에 대한 방사선 감수성은 보고되지 않았지만, 본 실험 결과 이미 보고된 *L. plantarum* 보다 높은 방사선 저항성을 가지는 것으로 생각되었다.

**Table 1. Identification of contaminated microorganisms in gamma-irradiated cooking drips using PCR method - 16S rDNA**

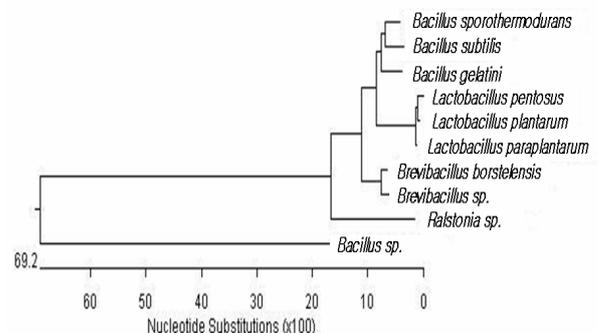
Species	Irradiation dose (kGy)	Nearest neighbor strain	Percentage (%)
<i>Hizikia fusiformis</i>	0	<i>Lactobacillus plantarum</i>	25
		<i>Ralstonia sp. M22</i>	25
		<i>Lactobacillus pentosus</i>	25
		<i>Lactobacillus paraplantarum</i>	25
	1	<i>Lactobacillus plantarum</i>	67
		<i>Lactobacillus pentosus</i>	33
	3	<i>Paenibacillus sp. P117</i>	67
		<i>Paenibacillus sp. 5M01</i>	33
	5	<i>Paenibacillus sp. P117</i>	100
	0	<i>Bacillus subtilis</i>	50
<i>Bacillus gelatini</i>		10	
<i>Brevibacillus borstelensis</i>		10	
<i>Bacillus sporothermodurans</i>		10	
<i>Bacillus sp. ZSA</i>		10	
<i>Brevibacillus sp. R-7745</i>		10	
<i>Bacillus sporothermodurans</i>		10	
<i>Sporosarcina ginsengisoli</i>		10	
<i>Sporosarcina aquimarina</i>		10	
<i>Thunnus thynnus</i>		1	<i>Bacillus subtilis</i>
	<i>Bacillus sp. ge05</i>		10
	3	<i>Bacillus gelatini</i>	10
		<i>Bacillus sp. ZSA</i>	10
		<i>Bacillus subtilis</i>	80
		<i>Bacillus gelatini</i>	20
5	<i>Bacillus pseudomycooides</i>	12	
	<i>Bacillus cereus</i>	12	
	<i>Sporosarcina ginsengisoli</i>	12	
		<i>Bacillus subtilis</i>	64

참치 자숙액의 경우, 비조사군에서 *B. subtilis*, *B. gelatini*, *B. borstelensis* 및 *B. sporothermodurans*가 동정되었다. 1 kGy 감마선 조사 후 *B. sporothermodurans*, *Sporosarcina ginsengisoli*, *Sporosarcina aquimarina*, *B. subtilis*, *B. gelatini* 및 *Bacillus sp.*가 동정되었으며, 조사선량이 증가함에 따라 참치 자숙액에서는 *B. subtilis*가 더 오랫동안 생존한다는 것을 알 수 있었다.

생균수를 측정하는 과정에서 참치 자숙액의 미생물 사멸율이 톳 자숙액에 비해 낮은 것을 알 수 있었는데, 참치 자숙액의 *Bacillus* 속 세균이 *Lactobacillus* 속에 비해 D<sub>10</sub> value가 높은 이유 때문(15)이라고 사료된다. 이는 *Bacillus* 속이 영양분의 결핍이나 용존산소의 농도가 낮으면 내생포자(endospore)를 형성하는 특징(15,16)이 있기 때문이다.

자숙액 내 미생물의 계통발생학적 분석을 위하여 Clustal W를 이용하여 multiple alignment와 함께 phylogenetic tree를 작성하여 미생물 다양성을 확인하였다 (Fig. 3). 확인 결과, 참치 자숙액 내에 존재하는 *B. sporothermodurans*와 *B. subtilis*는 92.5%의 유사성을 나타내었고, *B. borstelensis*와 *Brevibacillus sp.*는 96.5%의 유사성을 나타내었다. 또한, 톳 자숙액의 *L. pentosus*와 *L. plantarum*은 97.2%의 높은 유사성을 나타내었고, *L. paraplantarum*과 *L. plantarum*은 97.9%의 높은 유사성을 나타내었다. 톳 자숙액 내에 존재하는 *Lactobacillus* 속은 참치 자숙액에 존재하는 *Bacillus* 종과 약 88% 정도의 유사성을 나타내었다.

이상의 결과에서, 톳 자숙액의 오염 미생물은 대부분 *Lactobacillus* 속이었고 참치 자숙액의 오염 미생물은 대부분 *Bacillus* 속인 것으로 나타났으며, 톳 및 참치 자숙액을 감마선 조사하였을 때 오염 미생물의 살균효과가 확인되었다. 참치 자숙액은 톳 자숙액에 비해 낮은 정도의 미생물 오염도를 나타내었으나, 감마선 조사하였을 때 사멸 효과가 낮아 톳 자숙액보다 높은 선량의 감마선 조사가 필요하다고 생각된다.



**Fig. 3. A neighbor-joining tree of 16S rDNA sequences of cooking drips by gamma irradiation. The nucleotide sequences were aligned with Clustal W and phylogenetic tree was constructed with TreeView.**

## 요 약

수산 가공 부산물인 자숙액을 식품 및 공중보건 소재로 이용하기 위해 자숙액의 위생화를 위한 감마선 조사기술의 이용가능성을 검토하였다. 톳, 참치 및 굴 자숙액을 시료로 하여 1-5 kGy의 감마선을 조사하여 미생물 생존율을 측정하였고 생존미생물을 동정하였다. 굴 자숙액에서는 호기성 미생물이 검출되지 않았으나, 톳 및 참치 자숙액에서는 약 6.4 및 3.1 log CFU/g의 호기성 미생물이 검출되었고, 저장 기간이 증가함에 따른 미생물 수에는 유의적인 차이가 없었다. 또한 감마선 조사선량이 증가함에 따라 생균수의 감소와 자숙액에 오염된 미생물의 살균효과를 확인하였으나, 자숙액 종류별로 미생물의 감마선 저항성이 상이하였다. 수산 자숙액에 존재하는 모든 미생물을 사멸시키기 위해서는 톳 자숙액의 경우 10 kGy, 참치자숙액의 경우 20 kGy 이상의 감마선 조사가 필요하다고 생각된다. 자숙액에 오염된 미생물을 동정한 결과 *L. plantarum*, *L. pentosus*, *Paenibacillus sp.*, *B. subtilis*, *B. gelatini* 등을 포함하여 총 20종의 오염 미생물을 확인할 수 있었다. 톳 자숙액에서는 주로 *Lactobacillus* 속 들이 주로 검출되었고, 참치 자숙액에서는 *Bacillus* 속이 주로 검출되었다.

## 감사의 글

본 연구는 해양수산부 마린바이오 21사업의 해양바이오 프로세스연구단 연구비 지원(과제관리번호 M2007-05)에 의해 수행되었습니다. 이 논문은 한국원자력연구원 기본사업으로 지원받았습니다.

## 참고문헌

1. Jung, H.S. (2007) Antioxidant effect of histidine containing low molecular weight peptide isolated from *skipjack* boiled extract. *Korean J. Food Cookery Sci.*, 23, 221-226
2. Ebitani, K.T.O. and Takahashi, K. (1992) Development of taurine collection technology from sardine cooking wastes. In: National Conference Materials for Fisheries Utilization and Processing, Takahashi, K.(Editor). Central Fisheries Institute, Tokyo, Japan, p. 88-91
3. Kim, W.J., Bae, T.J., Choi, J.D. and Ahn, M.H. (1994) A study exploiting raw material of seasoning by using fish and shells. 1. On composition of seasoning material in cooking by-product. *Bull. Kor. Fish Soc.*, 27, 259-264
4. Thayer, D.W. (1990) Food irradiation: Benefits and

- concerns. *J. Food Quality*, 13, 147-169
5. Byun, M.W. (1997) Application and aspect of irradiation technology in food industry. *Food Sci. Ind.*, 30, 89-100
6. WHO (1981) Wholesomeness of Irradiated Food. Report of joint FAO/IAEA/WHO expert committee, Technical Report Series 659, p. 34
7. Keyser, M., Withuhn, R.C., Ronquest, L.C. and Britz, T. (2003) Treatment of winery effluent with upflow anaerobic sludge blanket (UASB)-granular sludges enriched with *Enterobacter sakazakii*. *Biotechnol. Lett.*, 25, 1893-1898
8. Lehner, A., Tasara, T. and Stephan, R. (2004) 16S rRNA genes based analysis of *Enterobacter sakazakii* strains from different sources and development of a PCR assay for identification. *BMC Microbiol.*, 4, 43-50
9. Altschul, S.F., Madden, T.L., Schaffer, A.A., Zhang, J., Zhang, Z., Miller, W. and Lipman, D.J. (1997) Gapped BLAST and PSI-BLAST: A new generation of protein database search programs. *Nucl. Acids Res.*, 23, 3398-3402
10. Cole, J.R., Chai, B., Marsh, T.L., Farris, R.J., Wang, Q., Kulam, S.A., Chandra, S., McGarrell, D.M., Schmidt, T.M., Garrity, G.M. and Tiedge, J.M. (2003) The Ribosomal database project (RDP-II): preview a new autoaligner that allows regular updates and the new prokaryotic taxonomy. *Nucl. Acids Res.*, 31, 442-443
11. Thompson, J.D., Higgins, D.G. and Gibson, T.J. (1994) CLUSTAL W: Improving the sensitivity of progressive multiple sequence alignment through sequence weighting, position-specific gap penalties and weight matrix choice. *Nucl. Acids Res.*, 22, 4673-4680
12. Nie, N., Bent, D. and Hull, C. (1970) SPSS: Statistical Package for the Social Sciences, McGraw-Hill, New York, U.S.A.
13. Hong, W.J. (1990) Sanitary sterilization of dried fishes and mixed condiments. *Korean J. Soc. Food Sci.*, 6, 97-104
14. Sangster, D.F. (1984) Radiation Chemistry in Food Preservation, IAEA, Vienna, Austria, p. 7
15. Alcarde, A.R., Walder, J.M.M. and Horri, J. (2003) Fermentation of irradiated sugarcane must. *Scientia Agricola*, 60, 677-681
16. Kim, E.H., Jo, Y.J., Park, S.J., Sin, G.S., Im, S.B. and Jeong, J.G. (2004) Advanced wastewater treatment process using rotating activated Bacillus contactor (RABC). *Journal of Korean Society on Water Quality*, 20, 190-195

17. Huhtanen, C.N. (1991) Gamma radiation resistance of *Clostridium botulinum* 62A and *Bacillus subtilis* spores in honey. J. Food Protect., 54, 894-896
18. Hong, Y.H., Park, J.Y., Park, J.H., Chung, M.S., Kwon, K.S., Chung, K., Won, M. and Song, K.B. (2008) Inactivation of *Enterobacter sakazakii*, *Bacillus cereus*, and *Salmonella typhimurium* in powdered weaning food by electron-beam irradiation. Radiat. Phys. Chem., 77, 1097-1100

---

(접수 2008년 12월 1일, 채택 2009년 2월 27일)