

배양 분리법을 통한 젓갈 내 원핵 세균 군집 분석 및 신규 미생물의 분리

김민수[†] · 박은진[†] · 정미자 · 노성운 · 배진우*

경희대학교 생물학과

우리나라의 전통 발효 식품인 젓갈로부터 배양 분리법과 분자생물학적 분석법을 이용하여 원핵 세균 군집을 분석하고, 신규 미생물 분리를 목표로 하였다. 젓갈은 생산 지역과 주재료를 고려하여 17 종을 선정하였으며, 이들 젓갈 시료를 적정 희석배수로 희석하여 12종류의 미생물 선택배지에 도말, 배양한 후 나타난 집락(colony)을 형태학적 특성에 따라 무작위로 308개를 선정하여 분리하였다. 순수 분리된 미생물은 PCR 방법을 이용하여 16S rRNA 유전자의 염기서열을 분석한 후, 기존에 보고된 미생물 database와 비교함으로써 17종의 젓갈 내 미생물 군집을 확인하였다. 젓갈의 발효 및 숙성 과정에 관여하는 lactic acid bacteria (*Leuconostoc* 속, *Weisella* 속, *Lactococcus* 속, *Lactobacillus* 속, *Carnobacterium* 속, *Marinilactibacillus* 속, *Tetragenococcus* 속)와 *Bacillus* 속, *Pseudomonas* 속, *Micrococcus* 속, *Brevibacterium* 속, *Microbacterium* 속과 *Kocuria* 속이 17가지 젓갈에서 광범위하게 분리되었으며, *Salinicoccus* 속, *Halomonas* 속, *Cobetia* 속, *Lentibacillus* 속, *Paracoccus* 속, *Psychrobacter* 속이 소수 분리되었다. 또한 분리된 미생물의 계통학적 분석을 통하여 기존에 보고된 적이 없는 신규 미생물 14종을 분리하였다.

Key words □ culture-dependent, fermented seafood, isolation, jeotgal, microbial community

젓갈은 우리나라의 대표적인 수산 발효 식품으로써 젓과 식해를 통틀어 일컫는 말이다(19). 젓은 어패류의 살, 내장과 알을 약 20%의 소금을 첨가하여 발효시키는 가공식품이며, 식해는 생선에 소금, 고춧가루, 밥알을 섞어서 발효시킨 것으로 생성된 젓산에 의한 부패가 방지되는 발효식품이다(19). 젓갈은 그 특유의 감칠맛 덕분에 예로부터 밥반찬과 조미료로 많이 이용되어 왔으며(3, 4), 유리 아미노산이 풍부하게 함유되어 있어 우수한 단백질 공급원으로 알려져 있다(13). 우리나라 젓갈은 지역성과 주재료의 종류에 따라 약 164 종이 존재하는 것으로 보고되고 있다(12).

젓갈에는 일반적으로 내염 또는 호염의 특성을 가진 호기성, 혐기성 bacteria가 대부분을 차지하며(13), g 당 생균수는 $10^3 \sim 10^5$ CFU 정도인 것으로 알려져 있다(12). 젓갈의 발효 및 숙성에 관여하는 미생물 군으로는 *Micrococcus* 속, *Brevibacterium* 속, *Leuconostoc* 속, *Bacillus* 속, *Pseudomonas* 속, *Flavobacterium* 속 등의 bacteria와 각종 yeast 등이 있다(12). 현재까지도 젓갈은 상당 부분 재래식 제조법에 의존하고 있으며, 품질 개선, 상품화 및 현대화를 위한 국내 연구는 부족한 실정이다. 또한 기존에 수행된 연구의 대부분은 시중에 지배적으로 유통되는 대표적인 몇몇의 젓갈에 한하여 이루어졌으며, 이는 형태학적이고 생리·생화학적인 특성 분석을 토대로 한 미생물 군집의 특징 및 변화를 관찰한 것이다. 그러나 이들 방법은 시간과 비용이 많이 들고 결과 분석이 명확하지 않다는 제한점이 있다(2, 7, 8, 12, 14).

따라서 본 연구에서는 16S rRNA를 바탕으로 한 분자생물학적 분석법을 이용하여 다양한 젓갈에 존재하는 원핵세균 군집을 분석하고자 하였으며, 또한 우리나라 전통 발효식품인 젓갈로부터 기존에 보고되지 않은 새로운 미생물을 분리, 보고하고자 한다.

재료 및 방법

실험 재료 및 미생물 분리

젓갈은 지역과 주재료를 고려하여 17 종을 선정하였다. 어류의 몸통이나 살을 주재료로 하는 가지미식해, 멸치젓, 황새기젓, 전어젓, 내장을 주로 사용하는 대구 아가미젓, 갈치속젓, 전어밥젓으로 정하였다. 갑각류로는 몸통 전체를 재료로 하는 간장게장, 토하젓을 선택하였으며, 부족류 및 복족류로는 가리비젓, 조개젓, 어리굴젓, 키조개젓을 선정하였다. 그 외 의충류인 개불젓, 두족류인 꼴뚜기젓, 미더덕젓, 성게류이면서 생식소를 주재료로 사용하는 성게알젓을 선택하였다. 실험에 사용한 젓갈은 대부분 시중에서 구입하였으며, 전어젓과 전어밥젓은 전남 고흥의 일반 가정에서 재래식 방법으로 제조한 것을 제공받아 사용하였다. 선정된 젓갈은 개봉 직후 PBS (phosphate buffered saline) 용액과 동량 혼합하고 1분간 vortex하여 균질화한 후 $10^{-1} \sim 10^{-10}$ 으로 십점 희석하였다. 희석액은 12종류의 선택배지에 각각 도말하여 30°C에서 48시간 이상 배양하며 관찰하였다. 사용된 배지는 세균 분리를 위한 Marine agar, Nutrient agar, MRS agar, Lysogeny agar, Tryptic soy agar, R2A agar 그리고 고세균 분리를 위한 배지(DSMZ954)이며, 2% NaCl을 함유하고 있는 Marine agar에 NaCl을 첨가하여 각각 5, 6, 10, 15, 20%의 NaCl이 첨가된 배

[†]These authors contributed equally to this work.

*To whom correspondence should be addressed.

Tel: 82-2-961-2312, Fax: 82-2-961-0244

E-mail: baejw@khu.ac.kr

지를 제조하여 사용하였다. 배양 후 형성된 집락(colony)은 크기, 모양과 색 등의 형태학적 특성에 따라 분류, 무작위로 308개를 선택하였으며, 3회의 계대배양을 통해 미생물을 순수분리 할 수 있었다.

16S rRNA gene sequence 분석을 통한 분리 미생물의 동정

순수 분리된 미생물의 16S rRNA 유전자 염기서열을 얻기 위해 colony PCR을 수행하였다. 단일 colony로부터 1 toothpick 채취하여 PCR-premix (iNtRON Biotechnology, Korea)와 혼합한 후, archaea (21f, 1492r)과 bacteria (8f, 1492r)에 특이적인 primer를 이용하여 16S rRNA gene을 증폭하였다(6). 증폭된 PCR 산물은 PCR product purification kit (QIAquick®PCR Purification kit, Germany)을 사용하여 정제한 후, BigDye Terminator Cycle Sequencing Ready Reaction kit (Applied Biosystems, USA)와 automated DNA analyzer system (PRISM 3730XL DNA analyzer, Applied Biosystems)을 통하여 염기서열을 분석하였다. 분석한 염기서열의 절편을 SeqMan software (DNASTAR)로 조합하여 16S rRNA의 염기서열을 얻었다. 각 미생물 별로 조합된 16S rRNA 염기서열을 Korea bioinformatics center의 EzTaxon (9)과 GenBank database (NCBI database) 통해 기존에 보고된 미생물의 16S rRNA 염기서열과 상동성을 비교함으로써 젓갈 내 균집을 이루는 원핵 세균의 분류군과 대표적인 종, 이를 바탕으로 한 균집의 분포도를 확인하였다. 그리고 분리된 미생물의 16S rRNA 염기서열을 CLUSTAL X program (21)으로 Multiple Sequence Alignment한 후, MEGA 4.0 (20)을 사용하여 Phylogenetic consensus tree를 작성하였다. 해당 분석은 neighbour-joining (16) 알고리즘을 바탕으로 하였다.

Genomic DNA-DNA hybridization 기법을 이용한 신규 균주의 확인

일반적으로 미생물 분류 체계상 Genomic DNA relatedness가 70% 미만이면 서로 독립적인 균주로 인정된다(22). 또한 16S rRNA 염기서열의 상동성이 97.0% 미만이면 Genomic DNA relatedness가 70% 미만이라는 것이 통계학적인 분석에 의해 증명되었다(17). 따라서 database에 등록된 균주들과의 16S rRNA 상동성 비교 결과, 젓갈 분리 균주와 16S rRNA 염기서열 상동성이 97.0% 이상으로 나타나는 균주를 reference 균주로 선정하였다. 그리고 서로 간의 Genomic DNA relatedness를 분석하여 신규 미생물 여부를 확인하였다(10, 11). 균주의 genomic DNA는 G-spin™ Genomic DNA extraction kit (iNtRON Biotechnology, Korea)를 사용하여 추출하였다.

결과 및 고찰

17 종의 젓갈을 12가지 선택 배지에 배양하여 총 308개의 단일 colony를 분리하였으며, 이들 중 305균주는 bacteria로, 3균주는 archaea로 확인되었다. 각각의 젓갈에서 분리한 미생물 수와 이들에 대한 동정 결과를 Table 1에 나타내었다. 분리된 미생물

의 16S rRNA의 염기서열을 비교·분석한 결과, 294균주는 기존의 보고된 미생물과 99.0% 이상의 상동성을 나타내었으며, 99.0% 미만의 상동성을 나타낸 14균주에 대하여 DNA-DNA hybridization을 실시하였다. 그 결과 14균주 모두 reference 균주와 70% 미만의 Genomic DNA relatedness를 나타내어 기존에 보고되지 않은 새로운 균주인 것으로 판단된다.

가자미식해, 가리비젓, 개불젓, 키조개젓, 전어밤젓, 간장게장 순서로 각각 25~48균주를 분리하였으며, 이어서 갈치속젓, 토하젓 그리고 황새기 젓갈에서 10~14균주들이, 아가미젓, 어리굴젓, 성게알젓, 멸치젓, 조개젓, 미더덕젓, 전어젓, 꼴뚜기젓에서 각각 10균주가 분리되었다. 특히 키조개젓에서 분리된 34균주에는 23 종의 다양한 미생물이 분리되었다. 분리된 모든 전체 원핵 세균을 속에 따라 분류한 결과 *Bacillus* 속이 70균주, *Tetragenococcus* 속이 34균주, *Lactobacillus* 속이 31균주, *Leuconostoc* 속이 19균주, *Weissella* 속이 5균주 그리고 *Pseudomonas* 속, *Enterobacter* 속, *Microbacterium* 속과 *Salinicoccus* 속이 각각 5균주 내외로 분리되었다. 특히 발효식품에서 많이 발견되는 lactic acid bacteria (*Lactobacillus* 속, *Leuconostoc* 속, *Lactococcus* 속, *Weissella* 속, *Tetragenococcus* 속, *Carnobacterium* 속, *Marinilactibacillus* 속)가 전체 분리 미생물의 27.6%를 차지하는 것으로 나타났다. 그 외 전어밤젓에서 31균주 중 *Vibrio* 속이 18균주로 다수 분리되었으며, 젓갈의 발효 속성에 관여하는 것으로 알려진 *Micrococcus* 속에서 재분류된 *Kocuria* 속인 11균주가 분리되었다(12, 18). Archaea로 확인된 3균주는 모두 조개젓에서 분리되었으며, *Natrialba* 속이 2균주, *Haladaptatus* 속이 1균주인 것으로 확인되었다.

분리된 308균주의 16S rRNA 염기서열을 바탕으로 작성한 Phylogenetic consensus tree를 Fig. 1에 나타내었다. 신규 미생물로 확인된 균주는 총 14균주이며, 가자미식해에서 *Alishewanella* 속 1균주, 토하젓에서 *Marinilactibacillus* 속 1균주와 *Carnobacterium* 속 1균주, 조개젓에서 *Cobetia* 속 1균주와 *Haladaptatus* 속 1균주(archaea), 황새기젓과 전어밤젓에서 각각 *Halomonas* 속 1균주씩 총 2균주, 키조개젓에서 *Kocuria* 속 2균주와 *Agromyces* 속 2균주, 가리비젓에서 *Lentibacillus* 속 1균주, 전어밤젓에서 *Proteus* 속 1균주, 간장게장에서 *Salinicoccus* 속 1균주, 마지막으로 갈치속젓에서 *Streptomyces* 속 1균주가 각각 분리되었다.

우리나라 전통발효식품인 젓갈의 원핵 세균 균집 분포 분석 및 신규 미생물 분리를 목적으로 지역과 주재료를 고려하여 총 17종류의 젓갈을 선정하여 분석하였다. 우리나라에는 약 164여 종의 젓갈이 존재하는 것으로 보고되어 있으며(5, 19), 고염의 환경으로 인하여 호염성 미생물 비율이 높고 이들이 젓갈의 숙성에 주요한 역할을 하는 것으로 알려져 있다(13). 일반적으로 젓갈의 숙성에 관여하는 미생물로는 *Micrococcus* 속, *Bacillus* 속, *Brevibacterium* 속, *Leuconostoc* 속, *Pseudomonas* 속, *Flavobacterium* 속 및 *Saccharomyces* 속 등이 알려져 있다(12). 숙성 초기에는 *Brevibacterium* 속, *Pseudomonas* 속, *Achromobacter* 속 및 *Flavobacterium* 속이 우세하며, 진행 과정

Table 1. The numbers of the isolated strains (bacteria and archaea) from Korean traditional fermented food jeotgal

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17
<i>Leuconostoc</i> sp.	7							6									
<i>Weisella</i> sp.	2																1
<i>Lactococcus</i> sp.										2							
<i>Lactobacillus</i> sp.	9	5	4		6												
<i>Carnobacterium</i> sp.				1*						2							
<i>Marinilactibacillus</i> sp.				1*													
<i>Tetragenococcus</i> sp.						8	5	7	1	2	5	4		2			
<i>Brochothrix</i> sp.				1													
<i>Salinicoccus</i> sp.				1					2	3*							
<i>Halomonas</i> sp.							1*								1*		
<i>Cobetia</i> sp.												1*					
<i>Lentibacillus</i> sp.						2		1*	2								
<i>Oceanobacillus</i> sp.						1											1
<i>Nesterenkonia</i> sp.									10								
<i>Staphylococcus</i> sp.			1	7	1	1		2	4	3				2	3		2
<i>Bacillus</i> sp.	29	2	3	2		2		12	8				2				2
<i>Paenibacillus</i> sp.									1								
<i>Microbacterium</i> sp.								1	1								
<i>Streptomyces</i> sp.						3*											
<i>Gordonia</i> sp.									1					1	2		
<i>Brevibacterium</i> sp.																	
<i>Micrococcus</i> sp.									2								
<i>Kocuria</i> sp.								5								5*	1
<i>Paracoccus</i> sp.								3	4	2	2	1					
<i>Pseudomonas</i> sp.		1								3							
<i>Psychrobacter</i> sp.		1		1		1	4			3							
<i>Vibrio</i> sp.																	18
<i>Salinivibrio</i> sp.																	1
<i>Shewanella</i> sp.																	4
<i>Citrobacter</i> sp.																	1
<i>Alishewanella</i> sp.	1*																
<i>Agromyces</i> sp.																	1*
<i>Pantoea</i> sp.										1							
<i>Proteus</i> sp.																	1*
<i>Enterobacter</i> sp.										2							
<i>Kluyvera</i> sp.													1				
<i>Rahnella</i> sp.										1							
<i>Serratia</i> sp.										1							
<i>Natrialba</i> sp.													1				
<i>Haladaptatus</i> sp.													1*				
Total isolated strains	48	9	8	14	7	18	10	37	36	25	7	9	3	5	31	34	7

^a1, Gajami sikhae; 2, agami; 3, eorigul; 4, toha; 5, seonggae; 6, galchi; 7, hwangseagi; 8, garibi; 9, gaebul; 10, gejang; 11, myeolchi; 12, jogae; 13, mideodeok; 14, jeoneo; 15, jeoneobam; 16, kijogae; 17, ggolddugi

^b*, An isolated novel species

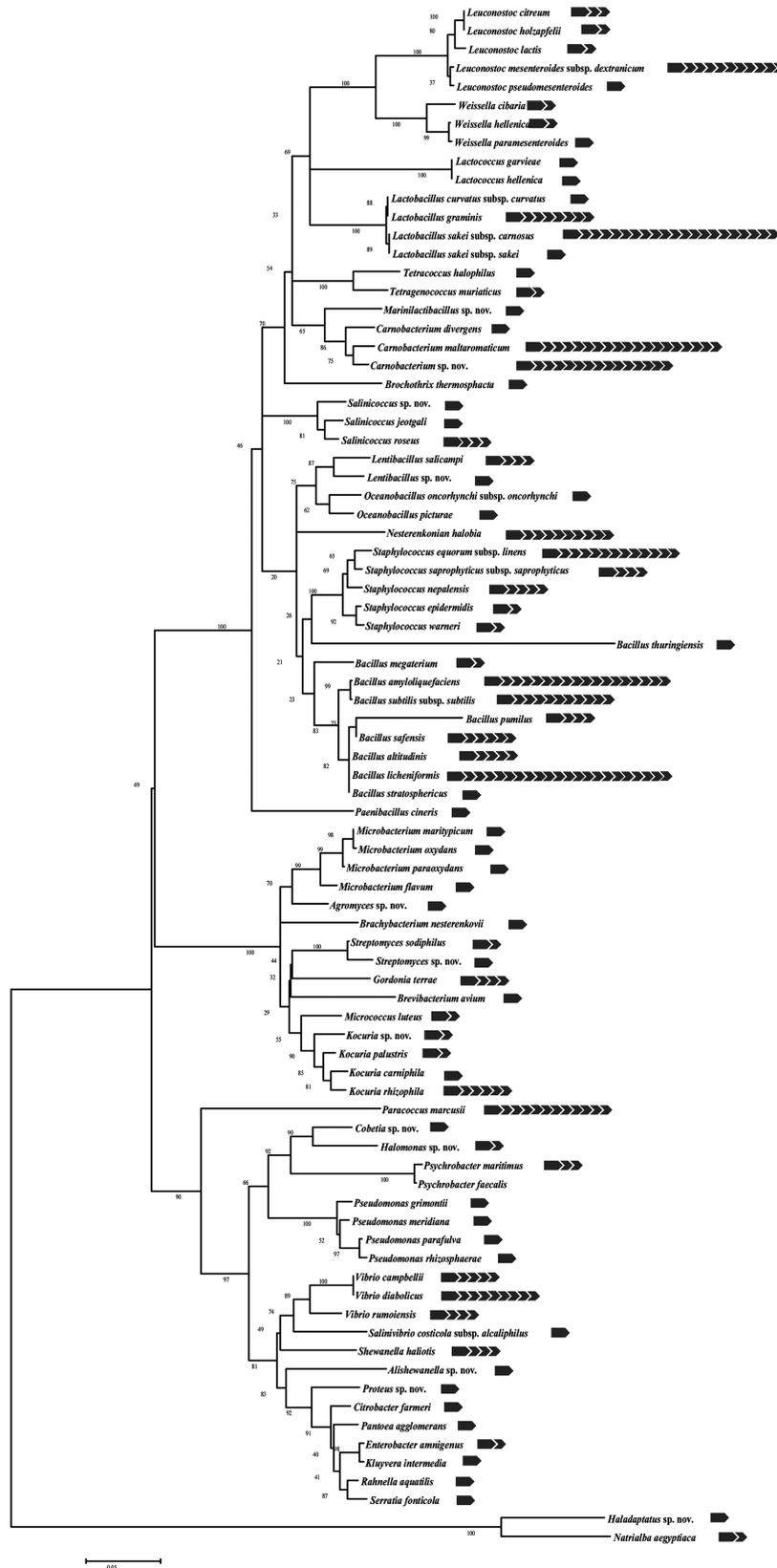


Fig. 1. The phylogenetic consensus tree of the composition of the bacteria/archaea from 17 types of jeotgal. The total species numbers of the isolated bacteria and archaea were 308. The length of the bar next to scientific name points out the number of the microorganism which was isolated from each jeotgal.

에서는 *Halobacterium* 속, *Pediococcus* 속, *Sarcina* 속 및 *Micrococcus* 속과 *Saccharomyces* 속이 우세하다고 알려져 있다(2, 12). 그리고 숙성 후기에 *Halobacterium* 속과 *Pediococcus* 속이 분리되었다고 한다(2, 12). 기존의 연구는 앞서 말한 것과 같이 정어리젓, 멸치젓, 창란젓과 같이 특정 젓갈에 한해서만 연구되었다. 17가지 젓갈을 이용한 본 연구에서는 lactic acid bacteria (*Leuconostoc* 속, *Weissella* 속, *Lactococcus* 속, *Lactobacillus* 속, *Carnobacterium* 속, *Marinilactibacillus* 속, *Tetragenococcus* 속)와 *Bacillus* 속, *Pseudomonas* 속, *Micrococcus* 속, *Brevibacterium* 속, *Microbacterium* 속, *Kocuria* 속이 17 종의 젓갈 전반적으로 가장 많이 분리가 되었고, 이는 주재료나 지역에 따른 젓갈 내 원핵세균의 군집의 차이보다 발효 및 숙성 기능을 지니는 젓갈 본연의 원핵세균 특징이 더 뚜렷함을 알 수 있었다. 물론 각 젓갈별 종이나 속의 차이는 있을지라도 해당 군집 내에서 동일한 역할로 작용하기에 때문에 차이점으로 보기 힘들다. 젓갈의 원료에서 유래되는 해양세균과 호염 및 내염성 세균인 *Paracoccus* 속, *Psychrobacter* 속, *Salinicoccus* 속, *Halomonas* 속, *Cobetia* 속, *Lentibacillus* 속이 갈치젓, 황새기젓, 간장 게장, 개불젓, 멸치젓, 조개젓에서 분리되었고, 이는 기존 연구와 유사하다(2, 7, 8, 12, 14). Archaea의 경우, 아직까지 국내에서 archaea 영역에 대한 연구가 미비할 뿐만 아니라 분리 및 배양이 어려운 실정이다. 조개젓에서 분리된 3군주는 호염성 환경에서 서식하는 난배양성의 archaea로써 생물의 세 영역 중 하나인 archaea가 국내 전통 발효식품인 젓갈에서 분리, 배양되었다는 측면에서 큰 의미가 있다(15).

본 연구에서는 12종류의 미생물 선택배지를 사용하여 젓갈로부터 bacteria와 archaea를 분리하였다. 그러나 기존에 사용된 배양에 의존적인 분리방법으로는 존재하는 미생물의 99% 이상을 배양하지 못한다는 것이 밝혀진 이후 다양한 분자생물학적 방법, 예를 들어 PCR (polymerase chain reaction), DGGE (denaturing gradient gel electrophoresis), Pyrosequencing 등이 대두되었으며, 이로써 기존의 배양법으로 접근하지 못한 난배양성 미생물에 대한 분석 또한 가능할 것이다.

감사의 말

본 연구는 국립문화재연구소의 학술용역연구사업으로부터 지원을 받아 수행되었습니다.

참고문헌

1. 도순석, 이영미, 장학길. 1993. 지역별 젓갈의 종류와 이용도에 관한 연구. *한국조리과학회지* 9, 222-229.
2. 윤지혜, 이명숙. 1993. 저염 창란젓갈 제조 과정에서 미생물상의 변화. *한국국제경제학회지*. PB-25, 140-141.
3. 이철호, 이용호, 임무현. 1987. 한국의 수산발효식품, 유림문화사.
4. 한국식품개발원. 1990. 한국의 젓갈. 기술신서 제4집.
5. 한국식품개발연구원 전통식품연구실. 1992. 전통식품의 현대화 전략.
6. Baker, G.C., J.J. Smith, and D.A. Cowan. 2003. Review and re-

- analysis of domain-specific 16S primers. *J. Microbiol. Methods* 55, 541-555.
7. Cha, S.K., J.S. Ahn, and B.H. Ahn. 2001. Searching and preservation of microbial resources from traditional fermented foods. *Food Ind. Nutr.* 6, 60-66.
8. Cha, Y.J., S.Y. Chung, J.H. Ha, I.C. Jeong, and E.H. Lee. 1983. Studies on the processing of low salt fermented sea foods. *Bull. Korean Fish Soc.* 16, 211-215.
9. Chun, J., J.H. Lee, Y. Jung, M. Kim, S. Kim, B.K. Kim, and Y.W. Lim. 2007. Eztaxon: A web-based tool for the identification of prokaryotes based on 16S ribosomal RNA gene sequences. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 57, 2259-2261.
10. Ezaki, T., H. Hashimoto, and E. Yabuuchi. 1989. Fluorometric deoxyribonucleic acid-deoxyribonucleic acid hybridization in microdilution wells as an alternative to membrane filter hybridization in which radioisotopes are used to determine genetic relatedness among bacterial strains. *Int. J. Syst. Bacteriol.* 39, 224-229.
11. Hirayama, H., J. Tamaoka, and K. Horikoshi. 1996. Improved immobilization of DNA to microwell plates for DNA-DNA hybridization. *Nucleic Acids Res.* 24, 4098-4099.
12. Hur, S.H. 1996. Critical review on the microbiological standardization of salt-fermented fish product. *J. Food Sci. Nutr.* 25, 885-891.
13. Kim, S.J., S.J. Ma, and H.L. Kim. 2005. Probiotic properties of lactic acid bacteria and yeasts isolated from Korean traditional food, Jeot-gal. *Kor. J. Food Preserv.* 12, 184-189.
14. Lee, J.G. and W.K. Choi. 1974. Studies on the variation of microflora during the fermentation of anchovy, *Engraulis japonica*. *Bull. Korean Fish Soc.* 7, 105-114.
15. Roh, S.W., Y.D. Nam, H.W. Chang, Y. Sung, K.H. Kim, H.J. Lee, H.M. Oh, and J.W. Bae. 2007. *Natronococcus jeotgali* sp. nov., a halophilic archaeon isolated from shrimp jeotgal, a traditional fermented seafood from Korea. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 57, 2129-2131.
16. Saitou, N. and M. Nei. 1987. The neighbor-joining method: A new method for reconstructing phylogenetic trees. *Mol. Biol. Evol.* 4, 406-425.
17. Stackebrandt, E. and B.M. Goebel. 1994. Taxonomic note: A place for DNA-DNA reassociation and 16S rRNA sequence analysis in the present species definition in bacteriology. *Int. J. Syst. Bacteriol.* 44, 846-849.
18. Stackebrandt, E., C. Koch, O. Gvozdiak, and P. Schumann. 1995. *Kocuria* gen. nov., *Nesterenkonia* gen. nov., *Kytococcus* gen. nov., *Dermacoccus* gen. nov., and *Micrococcus Cohn* 1872 gen. emend. *Int. J. Syst. Bacteriol.* 45, 682-692.
19. Suh, H.K. and S.S. Yoon. 1987. The study on the regional characteristics of Korean chotkal. *Korean J. Dietary Culture* 2, 45-54.
20. Tamura, K., J. Dudley, M. Nei, and S. Kumar. 2007. Mega4: Molecular evolutionary genetics analysis (mega) software version 4.0. *Mol. Biol. Evol.* 24, 1596-1599.
21. Thompson, J.D., T.J. Gibson, F. Plewniak, F. Jeanmougin, and D.G. Higgins. 1997. The Clustal_X windows interface: Flexible strategies for multiple sequence alignment aided by quality analysis tools. *Nucleic Acids Res.* 25, 4876-4882.
22. Wayne, L.G., D.J. Brenner, and R.R. Colwell. 1987. Report of the ad hoc committee on reconciliation of approaches to bacterial systematics. *Int. J. Syst. Bacteriol.* 37, 463-464.

(Received January 16, 2009/Accepted March 17, 2009)

ABSTRACT: Analysis of Prokaryote Communities in Korean Traditional Fermented Food, Jeotgal, Using Culture-Dependent Method and Isolation of a Novel Strain

Min-Soo Kim, Eun-Jin Park, Mi-Ja Jung, Seong Woon Roh, and Jin-Woo Bae* (Department of Biology, Kyung Hee University, Seoul 130-701, Republic of Korea)

This study was aimed at the analysis of prokaryote communities in Korean traditional fermented food, jeotgal, and isolation of a novel strain from jeotgal by using culture-dependent and molecular biological approaches. Seventeen kinds of jeotgal were selected on the basis of its origins and sources. The samples were inoculated on 12 kinds of media. 308 isolates were selected randomly by morphological features, and its 16S rRNA gene sequences was amplified by PCR technique with bacteria and archaea specific primers (8F, 21F, and 1492R). The 16S rRNA gene sequences were compared with those in EzTaxon and GenBank databases. DNA-DNA hybridization was performed to identify a novel strain. As a result, the majority of the isolates were lactic acid bacteria (*Leuconostoc*, *Weisella*, *Lactococcus*, *Lactobacillus*, *Carnobacterium*, *Marinilactibacillus*), *Bacillus*, *Pseudomonas*, *Micrococcus*, *Brevibacterium*, *Microbacterium* and *Kocuria* in 17 kinds of jeotgal. The strains belonging to *Salinicoccus*, *Halomonas*, *Cobetia*, *Lentibacillus*, *Paracoccus*, and *Psychrobacter* were isolated as minor ones. Fourteen novel species were identified based on phylogenetic analysis.