한국환경보건학회지, 제35권 제3호(2009)
J. Env. Hlth. Sci., Vol. 35, No. 3, pp 162~168(2009)

서울특별시 종로구 대중목욕탕의 수질 중 미생물 오염도 조사 연구

김미순 · 이영민 · 김성근 · 서지현 · 지경희 · 오지윤 · 고기동 · 고광표†
서울대학교 보건대학원 환경보건학과
(2009. 4. 29. 접수/2009. 5. 12. 수정/2009. 5. 27. 채택)

Investigation of Microbial Contamination of Public Bath in Jongno-gu, Seoul

Mi-Soon Kim · Young-Min Lee · Seong-Keun Kim · Ji-Hyun Seo · Kyung-Hee Ji · Ji-Yoon Oh · Ki-Dong Ko · Gwang-Pyo Ko†

Department of Environmental Health, School of Public Health, Seoul National University, 28 Yeongeon-dong, Chongno-gu, Seoul 110-799, Korea
(Received April 29, 2009/Revised May 12, 2009/Accepted May 27, 2009)

ABSTRACT

The aim of this study is to investigate microbial sanitary condition of public baths in Seoul, Korea. A total of 28 water samples were collected from 14 different public baths and sudatoriums. The prevalence of fecal indicator microorganisms such as total coliform, fecal coliform, and *Escherichia coli* was characterized. In addition, bacteria in water was membrane filtered by 0.45 um nitrocellulose membrane, and the filter was analyzed by both cultivation and PCR amplification of partial 16S rRNA gene. The levels of chlorine were measured for each of water samples. More than 40% of 14 collected water samples, the concentrations of total coliform bacteria exceeded the water quality for bath water guideline. There was no significant correlation between chlorine residue and the presence of total coliform. Various microorganisms including pathogenic microorganisms were identified from cultivation and subsequent analysis of 16s rRNA gene sequences. Our results suggest that appropriate hygiene practice and continuous monitoring is needed for reducing health risk associated with public bathhouses.

Keywords: public bathhouse, microbial water quality, fecal indicator microorganisms, fecal coliform, *E. coli*, chlorine, 16S rRNA gene

I. 서 론

최근 우리나라는 관광 및 여가 산업이 급격히 성장하여 여러 산업이 결합한 종합레저공간이 발전하고 있다. 목욕업계도 레저 산업의 증가와 함께 성장하고 있으며 대형화 추세와 더불어 각종 레포츠와 다양한 프로그램들이 접목되면서 레저산업의 구심점 역할을 하고 있다. 특히 우리나라의 경우 목욕의 의미는 건강을 회복하고, 휴식을 취하며, 여가를 즐기는 통합된 인식이 강하여 생활수준이 향상된 근래에 그 이용도가 더욱 증가하였고 대중목욕탕, 찜질방 등이 포함된 욕탕업은 2006년 말 8천여개로 연간 매출액은 천 4백억원 가량으로 증가추세에 있다.[1]

대중이 많이 이용하는 다중이용시설에서는 사용자들의 이용행태 및 시설의 오염도에 따른 위생 문제로 전염병 등의 질병 발생 가능성이 있어, 병원성세균의 존재 등 위생 상태 파악에 대한 위험성을 알리는 조사들이 이루어지고 있다.[2-6] 병원성 미생물은 세균, 곰팡이, 바이러스, 원충류 등 인간에게 질병을 야기할 수 있는 미생물이며, 특히 목욕 시설에는 적절한 온도와 습도가 유지되고 설사 환자 등의 많은 사람들의 몸에 노출이 되어 병원성 미생물이 다수 포함되어 있을 가능성이 존재한다. 기존의 보고에 따르면 목욕시설 및 온천에서 검출된 병원성 미생물로서 녹농균(*Pseudomonas aeruginosa*), 이질균(*Shigella*), 대장균(*Eschericia coli*), 와포자충(*Cryptosporidium*), 담즙이람블편모충(*Giardia lamblia*), 꼬리유충(*Cercaria*) 레지오넬라균(*Legionella pneumophila*), 캄필로박터(*Campylobacter*)

†Corresponding author : Department of Environmental Health, School of Public Health, Seoul National University
Tel: 82-2-3668-7881, Fax: 82-2-762-9105
E-mail : gko@snu.ac.kr

등이 있으며, 이러한 세균과 미생물 감염에 의한 수인성 질환과 피부병은 당일 또는 1~2주 정도 잠복기를 거쳐 증상이 나타난다고 한다.[7]

목욕탕과 찜질방에서 미생물이 번식하는 정확한 이유는 밝혀지지 않고 있지만, 오염물질은 목욕 시설의 관리자 및 이용자들의 위생상태에 따라 존재할 수 있으며, 오염된 물이 각종 질환을 유발할 가능성이 존재한다. 본 연구에서는 서울시 종로구 등에 위치한 대중 목욕탕의 수질에서 분원성 대장균군, 대장균 등의 지표미생물과 16S rRNA gene의 염기서열을 이용한 다양한 종류의 미생물을 파악하여 현 실태를 조사하고 목욕탕 이용자들의 인체위해 가능성을 파악하고자 한다.

II. 연구방법

1. 대상지역의 위치 및 채수 방법

서울시 종로구에 위치한 목욕탕내의 미생물 분포를 조사하기 위해 2008년 10월, 11월에 걸쳐 욕조수에 대한 채수가 이루어졌다. 기능성 약재나 온도에 의한 영향을 줄이기 위해 수온 40℃ 이하의 일반 온탕수 만을 대상으로 하였다. 목욕탕의 종류는 소규모 목욕탕과 24시간 동안 운영되는 찜질방을 포함하였으며 여탕 10건, 남탕 4건으로 총 14군데의 목욕탕에서 1 *l* 폴리에틸린 재질의 일회용 채수병을 사용하여 중복채수 하여 총 28건의 샘플을 수집하였다. 채수 시간은 오전 10시부터 오후 7시까지 다양한 시간에 이루어 졌으며, 채수 후 1시간 이내에 농축 및 지표미생물의 배양을 진행하였고 보관이 필요할 경우 4℃에 냉장 보관하였다.

2. 잔류염소측정

채집된 욕조수에 대한 잔류염소는 Free Chlorine ISM (HANNA, USA)을 사용하여, 제조사의 지시에 따라 측정하였다. 이 장비는 EPA (Environmental Protection Agency)에서 제안한 DPD (N, N-dimethyl-p-phenylenediamine) 방법을 사용하며, 유리잔류염소(free chlorine)와 DPD reagent의 반응에 의한 분홍색의 발색을 파장 555 nm에서 흡광도를 측정하는 방법이다.

3. 수질 지표미생물의 분석

총 대장균군, 분원성 대장균군, 및 대장균 등의 수질 지표미생물은 효소발색법에 기초한 Colilert® kit (IDEXX, USA)를 이용하여 분석을 수행하였다. Colilert® kit의 사용방법은 제조자의 지시에 따라 진행하였으며 정량검사를 위해 Quanti-Tray®/2000을 이용하여 35℃ 또는 44℃에서 24시간 배양한 다음 comparator와 비교하여 더 진한 황색을 나타내는 것을 총대장균군과 분원성대장균군 양성으로 판정하였다. 또한 대장균은 MUG를 분해하여 UV하에서 형광을 나타나게 하는 β-glucuronidase를 생성하므로 fluorescence analysis cabinet (Spectroline®, USA)를 이용하여 형광을 나타내는 것을 양성으로 판정하였다. 이와 같은 효소발색을 나타내는 색의 수를 산출하여 최확수법(most probable number, MPN) 표를 통해 정량적인 수치(MPN/100 m*l*)를 나타내었다.

4. 욕조수의 일반 미생물의 농축

총 14지점에서 채수한 욕조수를 약 1 *l*씩 미생물의 배양 및 16S rRNA 증폭을 위해 막여과법(nitrocellulose 재질, 0.45 μm pore size, Pall Life Sciences, USA)을 이용하여 미생물을 농축하였다. 농축된 여과지는 코니칼 튜브에 넣어 phosphate buffered saline (PBS) 10 m*l*와 함께 약 1분간 강하게 진탕한 다음 여과지를 제거하고 10,000 RPM에서 10분간 원심분리하여 농축액을 2 m*l*의 PBS에 재부유시켜 실험에 사용하였다.

5. 보통한천배지를 이용한 미생물배양 및 16S rRNA 증폭

목욕탕내의 미생물 중 인공배양이 가능한 미생물의 오염도를 파악하기 위해 욕조수 농축액 2 m*l*중 250 μ*l*를 보통한천배지에 도말하여 16시간 동안 배양하였다. 집락수를 계수한 다음 각각의 한천배지에서 2개의 집락을 선택하여 액체배지에 배양한 후 G-spin™ Genomic DNA Extraction Kit (INTRON Biotechnology, Korea)를 이용하여 미생물의 genomic DNA를 추출하였다. Genomic DNA에서 16S rRNA의 증폭은 기존에 사용된 universal primer set (27F, 1492R)를 이용하였다.[8] 사용된 PCR 반응 조건은 다음과 같다. 10× PCR reaction buffer 2.5 μ*l*, dNTP mix (10 mM) 1 μ*l*, forward and reverse primer (10 pmol/μ*l*) 각 1.25 μ*l*, G-taq polymerase (Cosmo, Korea) 0.2 μ*l*, water 16.3 μ*l*, sample 2.5 μ*l*의 조성으로 pre-denature를 94℃ 5분 동안 반응한 다음 94℃ 1분, 46℃ 1분, 72℃ 1분 30초의 세 단계를 35 cycle 반복한 후 72℃ 10분 동안 final extention한 PCR 산물을 4℃에 보관하였다. PCR 산물은 1% agarose gel에 전기영동하여 1,466 bp 크기의 증폭산물을 QIAquick Gel Extraction Kit (Qiagen, USA)를 사용하여 정제하였다. 정제된 DNA는 염기서열 분석을 위하여 의뢰하였다(Cosmo, Korea). 염기서열의 동정은 미국 NCBI (National Center for Biotechnology Information)에서 제공하는 BLAST를 이용하여 미생물

을 분석을 하였다.

6. 총세균 동정을 위한 genomic DNA의 추출 및 16S rRNA 클로닝

욕조수 농축액 2 m*l* 중 1 m*l*를 G-spin™ Genomic DNA Extraction Kit를 이용하여 세균의 genome DNA를 추출하였다. 추출한 DNA를 주형으로 PCR을 통해 16S rRNA를 증폭한 다음 QIAquick Gel Extraction Kit를 사용하여 정제하였다. 욕조수 내의 총세균의 종류를 동정하기 위해 정제된 DNA를 pGEM®-T Easy Vector Systems (Promega, USA)을 사용하여 재조합 DNA를 만들고 Chemically competent *E. coli*에 형질전환 시켰다. 형질전환된 *E. coli*는 ampicillin이 포함된 LB 배지에 도말하여 16시간 후 배지에서 다섯 개의 집락을 선택하였다. 집락을 액체배지에 배양한 후 plasmid miniprep kit (Labopass, Korea)를 사용하여 plasmid를 정제하여 염기서열 분석을 수행하였고 BLAST를 이용하여 비교분석 하였다.

III. 결과 및 고찰

1. 잔류염소의 농도

욕탕수의 잔류염소의 농도의 결과는 Fig. 1에 나타내었다. 14 군데의 욕탕수에서 측정된 잔류염소의 농도는 1개의 지점에서만 측정장비의 검출 한계 이상의 농도 (>2.7 mg/*l*)를 보이고, 나머지 13지점에서는 평균 0.15 mg/*l*를 나타내었다. 잔류염소는 주로 먹는물 수질기준에서 정수된 물이 가정까지 공급되는 동안 세균의 증식을 막기 위해 소독제 및 소독부산물질에 관한 기준으로서 제시하고 있다.[9] 그러나 목욕장 욕수의 수질기준은 잔류염소의 농도를 정하지 않고 있으며 수영장의

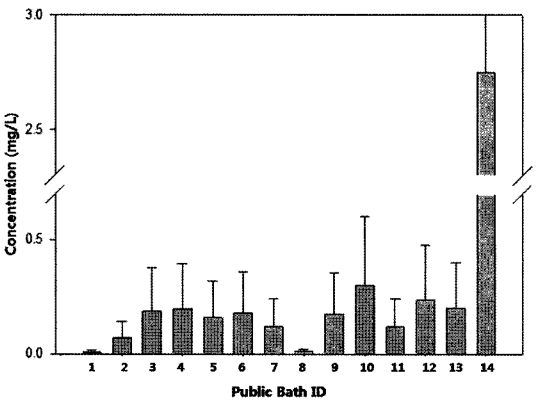

Fig. 1. Concentrations of residual chlorine in 14 tub water from public bath in Seoul.

수질기준에서 0.4~1 mg/*l*로 규정하고 있다. 우리나라 먹는 물 관리법에 따르면 먹는물의 잔류염소 농도는 4.0 mg/*l* 미만으로 규정하고 있는데 이러한 수돗물을 바로 욕탕수로 사용하는 경우 14번 샘플과 같이 잔류염소가 높게 검출되는 것으로 생각된다. 또한 업소에 따라 사용하는 수질의 종류가 다르고 정수지와 관말사이에서의 온도, 체류시간, 급수거리에 따라 잔류염소의 감소율이 다르므로[10] 욕탕수의 잔류염소농도에는 다양한 요인들이 관여할 것으로 분석된다. 본 연구에서 측정된 잔류염소의 농도는 대부분 수영장의 잔류염소 수질의 하한치에 미달하는 것으로 나타나, 미생물의 살균효과가 제한적일 수 있을 것으로 보인다. 기존 연구에서 유리잔류염소의 농도는 1.0 mg/*l* 또는 1.5 mg/*l*가 초과되어야 생물막의 살균효과가 있다고 제시하였으나[11,12] 수영장 및 목욕수는 피부와 접촉 면적이 넓으며 접촉시간이 길고 증기로 인한 소독부산물의 흡입 가능성과 눈 등 점막에 닿을 우려가 있으므로 살균력만으로 잔류염소의 농도를 정하는 것에는 무리가 있을 것으로 보인다. 또한 14번 지점의 잔류염소는 수영장 수질기준의 상한치 이상을 나타내어, 과다한 잔류염소의 사용으로 이용객의 피부질환 및 호흡기 질환 등이 우려된다.

2. 분변오염의 지표미생물 농도

공중위생관리법 시행규칙에서 제시하는 대중목욕탕의 원수 및 욕조수의 수질기준은 색도, 탁도, pH, $KMnO_4$ 소비량 및 대장균 등 모두 5가지이다. 이중 욕조수의 대장균군 검사방법은 환경부에서 설정한 수질오염공정시험법의 대장균군 시험방법 중 평판집락시험방법에 의하지만 효소발색법에 기초한 Colilert® kit (IDEXX, USA)는 총대장균군(total coliform), 분원성대장균군(fecal coliform) 및 대장균(*E. coli*)을 모두 정성 또는 정량적으로 평가할 수 있는 간편한 방법으로서 최근 많이 이용되고 있다.

총대장균군은 혐기성 상태에서 락토오스를 발효시키는 그람 음성의 만곡한 간균을 통틀어 말하며 일반적으로 수질에서 분변의 오염지표로서 사용한다.[13] 총대장균군은 다른 병원성 미생물의 존재를 암시하므로 지속적인 감시를 통해 그 농도를 파악할 필요가 있다. 목욕장 원수의 수질기준은 공중위생관리법상 총대장균군이 100 m*l* 중에서 검출되지 않아야 하며, 욕조수에서는 1개/1 m*l*를 초과하지 않아야 한다.

전체 14지점 중 6지점(43%)이 목욕장 욕수의 총 대장균군 수질기준을 초과하여 검출되었다(Fig. 2). 이중 분원성 대장균군은 4지점(29%), 대장균은 1지점(7%)에서 검출되어 수질기준을 만족하지 못했다. 총대장균군

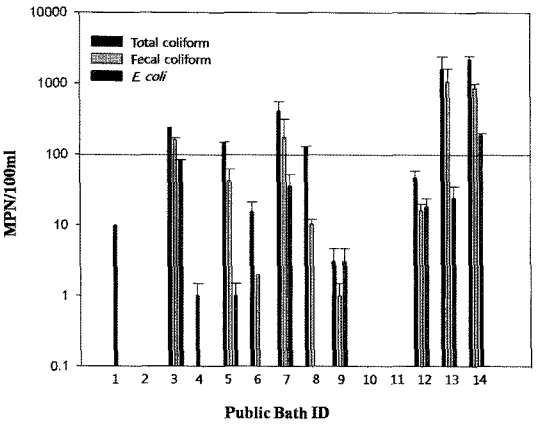

Fig. 2. Concentrations of microbial contamination in 14 tub water.

이 기준치 이상으로 검출된 곳은 Fig. 2에서 3, 5, 7, 8, 13, 14번 지점으로 주로 오후 4시에서 6시에 채수된 지점이 총대장균군 오염도가 높은 것으로 드러났다. 이 결과를 Fig. 1의 잔류염소 농도와 비교하기 위해 Spearmen 상관분석을 실시한 결과 순위상관계수가 0.241로 약한 양적 선형관계를 나타내었지만 통계학적으로 유의하지 않은 것으로 나타났다(p-value>0.05) (SPSS ver. 12.0, USA). 그러나 본 실험의 샘플 수가 극히 제한적이고 잔류염소의 농도가 수영장의 수질기준을 초과하는 곳은 1지점만이므로 이 자료만으로 잔류염소가 미생물의 농도를 감소시킬 수 없다는 결론을 내리기 어려우므로, 차후 추가적인 현장시료의 분석을 통하여 연관성을 확인할 필요가 있다.

3. 16S rRNA gene을 이용한 세균 동정

욕탕수 농축액에서 16S rRNA gene의 cloning을 통하여 수질에 존재하는 총 세균의 종류를 동정한 결과, 2지점은 세균이 검출되지 않았으며, 나머지 12지점에서 다양한 종류의 세균이 검출되었다(Table 1). 16S rRNA를 증폭하기 위한 universal primer의 증폭 산물은 Fig. 3에 나타내었다. 약 1.5 kb의 PCR 산물을 cloning에 사용하여 염기서열을 분석한 결과 가장 많이 발견된 세균은 *Gulbenkiania mobilis*로 전체 14곳 중 5지점(36%)에서 동정되었다. 또한 *Tepidimonas* sp.가 4지점(29%), *Acinetobacter* sp.와 *Halomonas* sp.가 3지점(21%), *Bacillus cereus*는 1지점에서 발견되었다. 특별히 병원성 미생물로 알려진 *Acinetobacter*는 병원내 감염(nosocomial infection)의 주요 균주이며 *Bacillus cereus*는 55도의 고온에서도 견디는 내열성의 포자를 형성할 수 있고 장독소(enterotoxin)에 의한 식중독 세균으로 알려져 있다.

4. 배양된 세균의 검사연구

보통한천배지에서 배양 시 집락을 형성하지 않는 4지점을 제외한 나머지 지점의 샘플은 세균이 배양되었으며 각 배지에서 두 개의 집락 만을 선택하여 액체배양 후 16S rRNA gene을 분석하였다. 분석된 미생물은 *Acinetobacter, Bacillus, Klebsiella, Halomonas* 순으로 많이 발견되었다(Table 1). *Acinetobacter*속 중에서 특히 *A. baumannii*는 3지점(21%)에서 동정되었으며 면역력이 저하된 환자에서 호흡기 감염, 수술 부위 감염, 카테터 감염 등을 일으켜 병원 감염, 기회 감염과 약제 내성으로 더욱 문제가 되고 있다.[14] *A. baumannii*는 특히 국내에서도 광범위 항생제 내성(ESBL: Extended-Spectrum beta-Lactamase)을 나타내는 세균이 발견되고 환경샘플에서도 수일간 저항력을 가지며 손이나 건조한 표면에서도 살아남아 기회감염을 일으키는 중요한 병원균이라고 할 수 있다.[15] *Acinetobacter junii*는 2지점(14%)에서 발견되었고 미숙아, 소아암 환자에서 카테터를 통한 병원 감염의 원인이 되고 있다. *Bacillus* sp.는 자연계에 많이 존재하는 미생물로서 비병원성 종이 대부분이며 *B. anthrax, B. cereus*가 대표적인 병원성 세균이다. *Pseudomonas otitidis*는 중이염을 일으

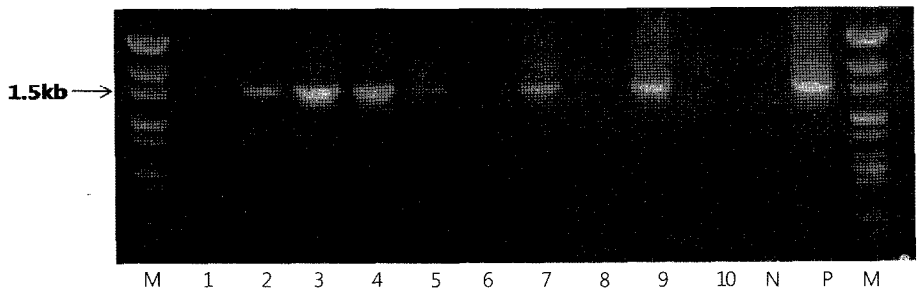

Fig. 3. PCR amplification of 16S rRNA gene using universal primer set (27f, 1492r). Product size is about 1.5kb. M: 100bp size marker, Lane 1~10: concentrated samples, N: negative control, P: positive control.

Table 1. Identification of bacteria type using 16S rRNA sequence by both culture-dependent and culture-independent genomic DNA extraction

Public Bath ID	Culture-independent	Culture-dependent
1	*Tepidimonas arfidensis* Uncultured bacterium clone biogas-DE-b44 Uncultured bacterium clone LOP-38 Uncultured organism clone SIPclo_KG93 Uncultured *Tepidimonas* sp. clone HB2	*Acinetobacter baumannii* strain NBRAJG96 *Bacillus sp.* J005 *Bacillus sp.* J006 *Staphylococcus pasteuri* strain ELA-9
2	*Halomonas sp.* CF12-16 *Halomonas sp.* T68674 partial, strain T68674 Uncultured organism clone ctg_NISAA09	(–)
3	*Beta proteobacterium* on7 *Gulbenkiania mobilis*, type strain E4FC31T	*Bacillus thurinqiensis* serovar asturiensis strain IEBC-T53 001 *Uncultured Acinetobacter sp.* clone GI7-1-M21
4	*Novosphingobium mathurensis* partial, isolate TD IW 05 *Tepidimonas arfidensis* Uncultured bacterium clone 37 Uncultured bacterium isolate MMA18 Uncultured organism clone SIPclo_KG93	*Bacillus thurinqiensis* serovar asturiensis strain IEBC-T53 001 *Staphylococcuc pasteuri* strain ELA-9 Uncultured *Acinetobacter sp.* clone GI7-1-C07 Uncultured bacterium clone S14-hap 0614
5	*Acidovorax sp.* G3DM-83 *Kaistomonas sp.* IMCC1731 Uncultured organism clone SIPclo_KG93	*Bacillus thurinqiensis* serovar asturiensis strain IEBC-T53 001 Uncultured *Acinetobacter sp.* clone GI7-1-C07 Uncultured *Acinetobacter sp.* clone GI7-1-M19
6	Uncultured bacterium clone 37 Uncultured organism clone SIPclo_KG93 Uncultured *Tepidimonas sp.* clone HB2	*Acinetobacter junii* *Bacillus thurinqiensis* serovar asturiensis strain IEBC-T53 001 Uncultured *Acinetobacter sp.* clone GI7-1-C07
7	*Gulbenkiania mobilis*, type strain E4FC31T	*Acinetobacter sp.* BA34 *Bacillus cereus* strain CH52 *Klebsiella pneumoniae* strain ECU-21
8	*Gulbenkiania mobilis*, type strain E4FC31T *Halomonas sp.* W1025 partial, strain W1025 Uncultured bacterium clone S23_1117	(–)
9	*Acinetobacter sp.* BA34 *Acinetobacter sp.* phenon 4, strain LUH4616 (Aci602) *Gulbenkiania mobilis*, type strain E4FC31T Uncultured *beta proteobacterium* clone 61-03-25c336 Uncultured *Tepidimonas sp.* clone HB2	(–)
10	*Halomonas sp.* CF12-16	*Halomonas sp.* CF12-16
11	(–)	(–)
12	(–)	*Bacillus cereus* strain CH52 Uncultured bacterium clone F34 Uncultured *Acinetobacter sp.* clone GI7-24-A13 *Freshwater bacterium* LH6-8
13	*Acinetobacter sp.* phenon 4, strain LUH4616 (Aci602) *Gulbenkiania mobilis*, type strain E4FC31T Uncultured *Acinetobacter sp.* clone GI7-1-I01	*Acinetobacter baumannii* strain BA32 *Bacillus sp.* R2A *Klebsiella sp.* I5 *Pseudomonas otitidis* strain KNUC368
14	*Bacillus cereus* strain HS-N25 *Bacillus thuringiensis* serovar konkukian str. 97-27 *Beta proteobacterium* on7 Uncultured *Acinetobacter sp.* clone GI7-5-M13 Uncultured bacterium partial, clone FB01E04	*Acinetobacter baumannii* strain NBRAJG96 *Acinetobacter junii* strain M 7978

키는 세균이며 *Klebsiella pneumoniae*는 인간의 입, 피부, 장의 정상 균주이지만 소아나 노약자, 알코올 중독자, 면역 저하자에서 폐렴 등을 일으킬 수 있고 내성을 가진 병원 감염균으로 보고되고 있다.

PCR에 의한 culture-independent 방법은 genomic DNA를 이용한 PCR방법으로서 검체 중의 모든 세균을 검출할 수 있는 민감한 검사라고 할 수 있다. 본 연구에서는 cloning후 생성된 모든 집락을 screening하지 못하고 배지당 두 개의 집락만을 테스트 했으므로 욕탕수 농축액에 존재하는 모든 세균을 검출하기에는 한계가 있다. 그러나 배양이 가능한 세균은 물론 생존력이 없는 naked DNA 등 배양이 불가능한 다양한 미생물을 검출하여 욕탕수 중의 미생물 분포를 폭넓게 이해할 수 있다는 점에서 의의가 있다. 반면 인공배양균 검사(culture-dependent method)에서는 기본적으로 인공배지에서 발육이 가능한 미생물 중에서 욕탕수 농축액 중 생존력을 보유한 세균만을 선택적으로 분석할 수 있으므로 분리된 미생물 중 병원성으로 분류된 세균은 실제 사람에게도 전파가 가능하므로 공중 목욕탕을 이용하는 시민들의 건강을 위해 주의가 요구되는 미생물이라고 할 수 있다. 실제로 본 실험에서 검출된 *Acinetobacter baumannii, Klebsiella pneumoniae*는 상처가 있는 사람이나 면역저하자에게 감염될 수 있으므로 목욕탕 이용시에 주의가 필요하다. 욕탕수는 음용수가 아니므로 경구적으로 감염되는 *Bacillus cereus*보다는 피부, 점막의 접촉과 흡입에 의한 집단감염이 더욱 빈번한 실정이다.

본 연구의 미생물 실태조사를 통하여 서울시 종로구에 위치한 대중 목욕탕 중 절반가량은 총대장균군 수질기준을 초과하며 이들 목욕장에서 병원성 미생물도 상당수 발견된 것으로 나타났다. 대중 목욕장의 수질기준 및 위생관리의무를 위반할 시에는 개선명령 후 과태료를 부과하게 되어 있으나 수질검사의 횟수나 기간에 대한 규정이 명확하지 않아 본 사례와 같이 불시에 샘플링을 실시하였을 경우는 대다수의 영업장이 수질기준을 준수하지 못하는 것으로 확인되었다. 욕조수의 경우 이용자의 위생상태, 물의 교환횟수, 배수되는 물의 재순환여부 등에 따라 수질에 큰 차이가 있으므로 장시간 동안 깨끗한 수질을 유지하기 위해서는 개인의 위생관념과 업주들의 청결을 유지하려는 노력이 필요할 것이다.

본 연구의 한계점으로는 세 가지가 있다. 첫째, 샘플을 농축하는 과정에서 pore size 0.45 μm filter를 사용하여 이보다 작은 세균(0.2-0.45 μm)이 샘플링이 되지 않았을 가능성이 존재한다. 둘째, 일회적 샘플링이기 때문에 시간대별 사람 수, 욕조수의 교환시기, 욕조수량 등을 고려하지 않아 샘플링 bias를 일으킬 가능성이 있다. 셋째, 목욕탕 수질 기준에 제시된 5가지 검사 종목을 모두 시행하지 못하고 미생물 분석만 수행하여 수질 기준 적합성 여부를 판단하는데 제한점이 존재한다.

IV. 결 론

본 연구에서는 서울시 종로구에 위치한 14개의 목욕시설 중 온탕 내에 존재하는 대장균과 병원성 미생물을 조사하였으며, 그 결과는 다음과 같다.

1. 대부분 수질의 잔류염소의 평균 농도는 수영장 수질기준에 미치지 못하였다. 오직 1지점에서만 검출 한계 이상의 농도(>2.7 mg/*l*)를 보이고 나머지 13지점에서는 평균 0.15 mg/*l*로 분석 되었다. 따라서 목욕시설에서 염소에 의한 미생물의 저감효과가 제한적일 것으로 사료된다.

2. 지표미생물 분석에서 총대장균군은 전체 14곳 중 43%가, 분원성대장균군은 29%, 대장균은 7%에서 수질기준을 만족하지 못했다.

3. 총세균는 *Gulbenkiania mobilis*(36%), *Tepidimonas* sp.(29%), *Acinetobacter* sp.(21%), *Halomonas* sp.(21%)순으로 나타났으며, *Bacillus cereus*는 1지점에서 발견되었다.

4. 약 10개(71%) 지점에서 인체에 유해한 기회병원성 미생물(*Acinetobacter baumannii*, *Acinetobacter junii*, *Bacillus cereus*, *Klebsiella pneumonia*, *Pseudomonas otitidis* 등)이 배양되었다.

본 연구에서 발견된 병원성 미생물들은 호흡기, 구강 및 상처 난 부위를 통해 감염되므로 다중이용시설 등이 오염될 경우 집단 감염에 따른 피해가 클 것으로 예상되므로 정기적인 위생실태조사와 감시가 필요하다. 또한 관리자 및 이용자에게 올바른 입욕 문화 형성을 위한 홍보와 교육, 철저한 위생관리 및 계속적인 자료의 발표가 필요하다.

참고문헌

1. Korean Statistical Information Service. Available from: http://www.kosis.kr/. Accessed June 9, 2009.
2. Edagawa, A., Kimura, A., Doi, H., Tanaka, H., Tomioka, K., Sakabe, K., Nakajima, C., Suzuki, Y. : Detection of culturable and nonculturable *Legionella* species from hot water systems of public buildings in Japan. *Journal of Applied Microbiology*, **105**(6),

2104-2114, 2009.
3. Favero, M. S. : Whirlpool spa-associated infections: Are we really in hot water? *American Journal of Public Health*, **74**(7), 653-655, 1984.
4. Kim, H. K. : The present situation public bathing-house sanitation in Chinju city. *Environment Research*, **2**, 9-18, 1998.
5. Kim, Y. W., Moon, K. H., Lee, J. H., Cho, I. H., Kim, M. R. : Prevalence and serological characteristics of *Legionella spp.* isolated in public spas. *Journal of Health Science & Medical Technology*, **30**(1), 45-55, 2004.
6. Lee, J. K., Kim, H. S., Lee, E. Y., Choi, I. S., Oh, N. G. : Detection of HBV DNA and HCV RNA in public bath; A study about safety of prolapsed hemorrhoidal patient. *The Journal of the Korean Society of Coloproctology*, **23**(5), 297-304, 2007.
7. Surveillance for waterborne disease and outbreaks associated with recreational water. Available from: http://www.cdc.gov/mmwr/preview/mmwrhtml/ss5512a1.htm. Accessed June 9, 2009.
8. Marchesi, J. R., Sato, T., Weightman, A. J., Martin, T. A., Fry, J. C., Hiom, S. J., Wade, W. G. : Design and evaluation of useful bacterium-specific PCR primers that amplify genes coding for bacterial 16S rRNA. *Applied and Environmental Microbiology*, **64**(2), 795-799, 1998.
9. Water quality criteria for microbiological indicators. Available from: http://www.env.gov.bc.ca/wat/wq/BCguidelines/microbiology/microbiology.html. Accessed June 9, 2009.
10. Yoon, T. H., Lee, Y. J., Rhee, O. J., Lee, E. W., Kim, H., Lee, D. C., Kim, S. H. : Heterotrophic bacteria in terms of free chlorine residuals in water distribution systems. *Korean Journal of Environmental Health*, **28**(3), 9-18, 2002.
11. Lee, D. G. : CLPP of biofilm in free chlorine residual and monochloramine. *Jounal of Environmental Health Sciences*, **31**(2), 147-151, 2005.
12. Lee, D. G., Lee, J. H., Lee, S. H., Ha, B. J., Ha, J. M. : Efficiency of different disinfectants against biofilm on carbon steel pipe and carbon utilizing ability of biofilm. *Journal of Life Science*, **16**(4), 579-583, 2006.
13. Hoadley, A. W., Dutka, B. J. : Bacterial indicators. American Society for Testing and Materials International, Pennsylvania, 48-58, 1977.
14. Smith, M. G., Gianoulis, T. A., Pukatzki, S., Mekalanos, J. J., Ornston, L. N., Gerstein, M., Snyder, M. : New insights into *Acinetobacter baumanii* pathogenesis revealed by high-density pyrosequencing and transposon mutagenesis. *Genes and Development*, **21**(5), 601-614, 2007.
15. Bergogne-Berezin, E., Friedman, H., Bendinelli, M. : *Acinetobacter* biology and pathogenesis. Springer, New York, 129-153, 2008.