

Multiple Antibiotic Resistance Analysis를 이용한 안산천 분변성 미생물 오염원 추적 Source Tracking of Fecal Contamination at Ansan Stream Using Multiple Antibiotic Resistance Analysis

이상민 · 이 진 · 김문일 · 윤현식*[†]
Sangmin Lee · Jin Lee · Moonil Kim · Hyunsik Yoon*[†]

한양대학교 건설환경공학과 · *한국환경공단 상하수도지원처

Department of Civil and Environmental Engineering, Hanyang University
*Department of Water Supply and Sewerage, Korea Environment Corporation

(2010년 6월 1일 접수, 2011년 11월 28일 채택)

Abstract : In this study, fecal nonpoint pollutant sources tracking were conducted on Ansan stream. Multiple Antibiotic Resistance Analysis (MARA) method used in this study is based on the premise that fecal bacteria derived from intestine of human or animal has each different resistance for antibiotics. First of all, a database for known sources should be established to use the method and then, an unknown sample was applied on the database to find unknown sources by statistical analysis. The Ansan stream was considered with divided condition into three parts: upper (livestock farming area), mid (old section of the city), and downstream (new section of the city) to search an environmental influence of the stream basin. As results of the statistical analysis, it could be estimated that the upper stream area was influenced by animals due to the nature of influence for the livestock farms located in this area because livestock were classified as percentages of 45.8% in 3-way method divided into livestock, pet and human. In case of midstream and downstream, the human influence was remarkable as percentage of 60% and 80%, respectively. From these results, it could be judged that the MARA method is useful in source tracking the non-point pollutant sources because the MARA results correspond to which predictable non-point pollutant sources by a field study. Also, it is expected that a more effective source tracking will be possible as establishing database of each area.

Key Words : Multiple Antibiotic Resistance Analysis (MARA), Source Tracking, Non-Point Pollutant Sources, Fecal Pollutant Sources, Statistical Analysis

요약 : 본 연구에서는 안산천을 대상으로 하천의 비점오염원 추적조사를 하였다. 사용된 Multiple Antibiotic Resistance Analysis (MARA) 기법은 사람과 각각의 동물의 장을 통해 배출되는 분변성 미생물들이 항생제에 대한 저항 정도가 다름을 이용하여 기지의 미생물에 대해 데이터베이스를 구축하고 미지 시료에 대해 통계적 분석을 통해 오염원을 찾아내는 방법이다. 안산천 유역을 크게 상류(축산농가지역), 중류(구시가지), 그리고 하류(신시가지) 지역으로 나누어 하천 유역의 환경적인 영향을 알아 보고자 하였다. 통계 분석 결과, 가축, 애완 동물, 사람으로 구분한 3-Way 방법의 경우 45.8%가 가축으로 분류되어 상류 지역은 축산 농가 지역의 특성상 동물에 의한 영향이 큰 것으로 판단할 수 있었다. 중류는 구시가지 지역으로써 인간의 영향이 60% 이상으로 나타났으며, 하류 지역 역시 신시가지 지역으로 인간의 영향이 80% 이상으로 나타났다. 실제 현장 조사를 근거로 예상할 수 있었던 비점오염원과 MARA를 통한 분석 결과가 매우 일치하는 모습을 통해 비점오염원 추적을 위한 MARA기법의 유용성을 판단할 수 있었으며, 각 지역의 특성에 맞는 데이터 베이스 구축을 통해 효과적인 비점오염원의 추적이 가능할 것으로 기대된다.

주제어 : Multiple Antibiotic Resistance analysis (MARA), 오염원 추적, 비점오염원, 분변성 오염원, 통계 분석

1. 서론

물의 가치와 소중함이 더해지는 시대에 도심지를 가로 지르는 하천의 관리는 그 필요성이 더욱 강조되고 있다. 특히, 점오염원 뿐만 아니라 예측하기 힘든 비점오염원의 관리는 그 중요성이 더욱 크다고 할 수 있다.

비점오염원 중 분변성 미생물은 대중 보건과 관련된 주요 오염 물질로서, 병원균에 의한 수인성 질병 발생 등의 문제점을 가지고 있으므로 그 관리가 더욱 필요하다. 하천에 연결된 토구나 수로에는 이러한 분변성 미생물들이 지속적으로 존재하는 것으로 보고되었다.¹⁾ 그리고 이러한 배설물의 오

염원은 인간이나 가축, 또는 애완동물과 야생동물 등 다양한 요인에 의한 것으로 생각해 볼 수 있다. 이처럼, 다양한 분변성 미생물의 오염원을 추적할 수 있다면, 하천의 분변성 비점오염원 관리를 보다 체계적이고 효율적으로 진행해 나갈 수 있을 것이다. 따라서 이러한 분변성 미생물의 오염원 추적은 하천의 관리와 인간생활의 보다 나은 건강한 삶을 위해 매우 중요한 연구라 할 수 있다.²⁾

분변성 미생물을 찾아내는 Source Tracking 기법에는 다양한 방법들이 소개되어있다.³⁾ 그 중 크게 분자를 이용하는 방법과 비분자를 이용하는 방법으로 나누어 볼 수 있다. 분자를 이용하는 방법은 일부 세균의 개별적 차이점을 식별하는

[†] Corresponding author E-mail: hs85@chol.com Tel: 032-590-3791 Fax: 031-590-3729

중요한 도구로 사용될 수 있으며, 개별 분류의 정확도가 높다는 장점이 있으나, 지나치게 비싼 비용이 들며, 한 번의 결과 도출을 위해 매우 복잡한 과정을 수행해야 하는 단점이 있다.⁴⁾ 이러한 단점들은 미생물 분석 횟수를 제한할 가능성이 있으며, 미생물의 유전적 가변성 판단이 부족하여 채취한 미생물이 그 지역을 대표할 확률이 떨어질 수 있다.⁵⁾ 반면, 비분자를 이용한 방법은 엄격한 지표 미생물의 구분과 분류를 할 수는 없지만, 넓게 분포된 계통 발생간의 차이는 매우 다르기 때문에 이러한 차이를 이용한 분류를 하는데 사용될 수 있다. 하지만 보다 정확한 판단을 위해서 매우 많은 미생물 개체가 요구되고, 방대한 데이터베이스 구축이 전제되어야 한다.⁶⁾ 이런 비분자를 이용한 방법 중, 본 연구에서 사용된 Multiple Antibiotic Resistance Analysis (MARA) 방법은 인간과 동물의 각 분변성 미생물이 가지고 있는 항생제의 저항성 차이를 이용하여 분리 및 식별하는 방법이다. 기지의 지표 미생물에 대한 데이터 베이스를 구축하여 각 대상의 항생제 저항성 차이로 인해 나타나는 차이를 통계적으로 분리하고 미지의 오염원으로부터 유출된 지표 미생물을 미리 구축된 데이터 베이스에 적용하여 통계적으로 유사한 범주에 속하게 함으로써 미지의 오염원을 예측할 수 있다.⁷⁾ 이러한 방법은 일단 데이터 베이스가 구축된다면 다른 방법과 비교할 때, 많은 개체를 빠르게 구별할 수 있고, 분석 지역의 전반적인 대표성을 나타내 보여줄 수 있다는 장점을 가지고 있다.⁸⁾

본 연구에서는 지표 미생물로 가장 흔히 사용되는 *E. Coli*를 사용하여 MARA 기법에 적용하였으며, 안산천에 영향을 미치는 분변성 미생물의 오염원을 추적하여 MARA 방법의 유용성과 국내 하천의 적용 가능성을 평가하고자 하였다.

2. 실험방법

2.1. *E. Coli* 배양

본 연구에 사용된 방법은 수질공정 시험법과 Standard Method⁹⁾에 준하는 대장균 배양법인 Membrane filter를 사용하는 막여과 방식을 사용하였다. 배양에 사용된 배지는 Environmental Protection Agency (EPA)에서 공인된 방법 중 하나인 M-Colibblue24 (Millipore Corp., Bedford) 액체 배지를 사용하였다. 채수된 시료는 아이스 박스에 보관하여 이동하였으며, 채수 후 8시간 내에 실험을 수행하였다. 실험 과정 중 시료의 오염을 막기 위해 모든 실험은 항균조안에서 멸균, 소독된 실험 기자재를 이용하여 수행되었다. 적당한 *E. Coli*의 배양을 위해 시료의 희석 배수를 결정한 후, 혼합된 시료를 100 mL 메스실린더에 채취하고 나머지를 증류수로 100 mL 까지 채우고 완전 혼합하였다. 이 희석된 시료를 격자가 있는 멸균된 여과지(Cat. No. 7141 104, Whatman, Maidstone)로 여과하고 여과가 완료된 필터를 Petri dish (SPL lifescience Corp., Korea)에 옮겨 담아 M-Colibblue24를 골고루 뿌려준

후, 24시간 동안 35°C의 항온조 안에서 배양하였다. 24시간 후에 꺼내어 볼 때 Blue Colony는 *E. Coli*이며, Red Colony와 Blue Colony를 합친 것이 Total Coliform이다.

2.2. Multiple Antibiotic Resistance Analysis (MARA) 분석 방법

MARA 분석 방법은 우선 기지의 데이터베이스를 구축하기 위해 기지의 오염원으로 결정된 샘플을 채취한다. 본 연구에서는 인간, 가축(소), 애완동물(개)로 기지의 오염원을 선택하였다. 그 후 M-Colibblue24를 이용하여 배양된 *E. Coli*를 항생제와의 저항 실험에 사용될 충분한 양의 *E. Coli*를 얻기 위해 Colilert (IDEXX Laboratories, Inc., Westbrook) 미디어를 이용하여 대량 생산하였다. 항생제가 혼합된 배지를 만들기 위해 8종류의 항생제 Stock Solution을 준비하고, 이 항생제를 Table 1과 같이 30개의 농도로 분리한 후 Trypticase Soy Agar (TSA)와 혼합하여 배지를 만들었다. 충분한 양을 위해 대량 배양된 *E. Coli*를 혼합배지에 접종하여 다시 배양하였다. 배양이 끝난 *E. Coli*의 균집 상태를 관찰하여 생존 여부를 판단한 후 그 결과 값을 통계 프로그램에 입력한다. 본 연구에서는 Statistical Package for the Social Science (SPSS) (SPSS Inc., Chicago)를 사용하였으며, 위의 과정을 통해 2-Way(인간, 동물)와 3-Way(인간, 가축, 애완동물)의 데이터베이스를 구축하였다. 본 연구에서 수행된 비점오염원 오염원 추적 지역인 안산천의 오염원이 미지인 *E. Coli*와 미리 구축된 데이터베이스의 패턴을 비교함으로써 확률 통계적으로 인간과 가축(소), 애완동물(개) 중 어느 집단에 미지의 시료가 더욱 근접하게 속하는지를 찾아내는 것이 MARA의 분석 방법이다.

2.3. 샘플링 포인트 선정 및 데이터베이스 구축

본 연구는 안산시를 가로지르는 안산천을 대상으로 MARA를 수행하였다. 분석을 위해 지역을 대표할 수 있는 데이터베이스를 구축하고자, 현재 안산천에 가장 영향을 많이 미치는 집단으로 인간, 가축(소), 애완동물(개)을 선정하였다. 그리고 이렇게 선정된 대상의 *E. Coli*를 채취하여 데이터베이스를 구축하였다.

Table 1. Concentrations and sorts of antibiotics used in study

Sorts of antibiotics	Concentration (µg/mL, in TSA)
OTC (Oxytetracycline)	2.5, 5, 7.5, 10, 15
STR (Streptomycin)	2.5, 5, 7.5, 10, 15
CEP (Cephalothin)	15, 25, 35
ERY (Erythromycin)	60, 70, 90, 100
TET (Tetracycline)	2.5, 5, 7.5, 10, 15
NEO (Neomycin)	2.5, 5, 10
RIF (Rifampicin)	5, 10, 15, 30
AMX (Amoxicillin)	15

안산천은 크게 상, 중, 하류로 구분하여 생각할 수 있다. 상류는 축산농가 지역이며, 중, 하류는 도심 거주지역이다. 중류 지역은 구 시가지로 이 지역에 분류식 관거 시스템이 적용되었지만, 우수 관과 오수 관의 오접이 심한 지역으로 알려져 있다. 이에 따라 안산시는 이 문제를 해결하고자 차집 관거를 설치해 우수가 하수종말처리장으로 유입되도록 하였다. 하류는 신 시가지 지역으로 비교적 관망 관리가 잘 되어 있는 지역이다. 또한 안산천은 하천의 좌, 우를 따라 총 65개의 토구가 설치되어 있다. 이와 같이 각 지역이 가지고 있는 특성이 다르기 때문에 MARA를 통한 Source Tracking 결과를 분석하고 확인하는데 용이한 장점이 있다.

하지만, 하천에서 채취한 시료가 그 지역만을 대표하는 결과를 보여줄 것이라고 기대하기 위해서는 대부분의 대장균

이 수 시간 후에 하천수에서 사멸하거나 사라져야 한다는 전제가 있어야 한다. 왜냐하면, 하천의 물은 실제로 지역적으로 구분 되어 있지 않고, 상류에서부터 하류로 흐르고 있기 때문이다. 다른 많은 연구자들은 이에 대해 일반적으로도 분변성 대장균은 외부 세계에 노출된 며칠 후 사멸한다고 가정한다. 하지만 실제로는 균들이 단지 물 층에서 사라져서 그들이 수주 혹은 수개월간 살아 있을 수 있는 따뜻하고, 어둡고, 수분이 있고, 유기 물질이 풍부한 하부의 침전층에 정착한다고 말하고 있다.¹⁰⁾ 이를 근거로, 상류의 대장균이 물의 흐름에 따라 중류 및 하류에 영향을 미칠 가능성이 적다고 판단할 수 있으며, 분석 결과가 각 지역의 유역 특성을 나타낸다고 생각할 수 있다.

Fig. 1은 안산천과 우수토구의 샘플링 포인트를 보여주고

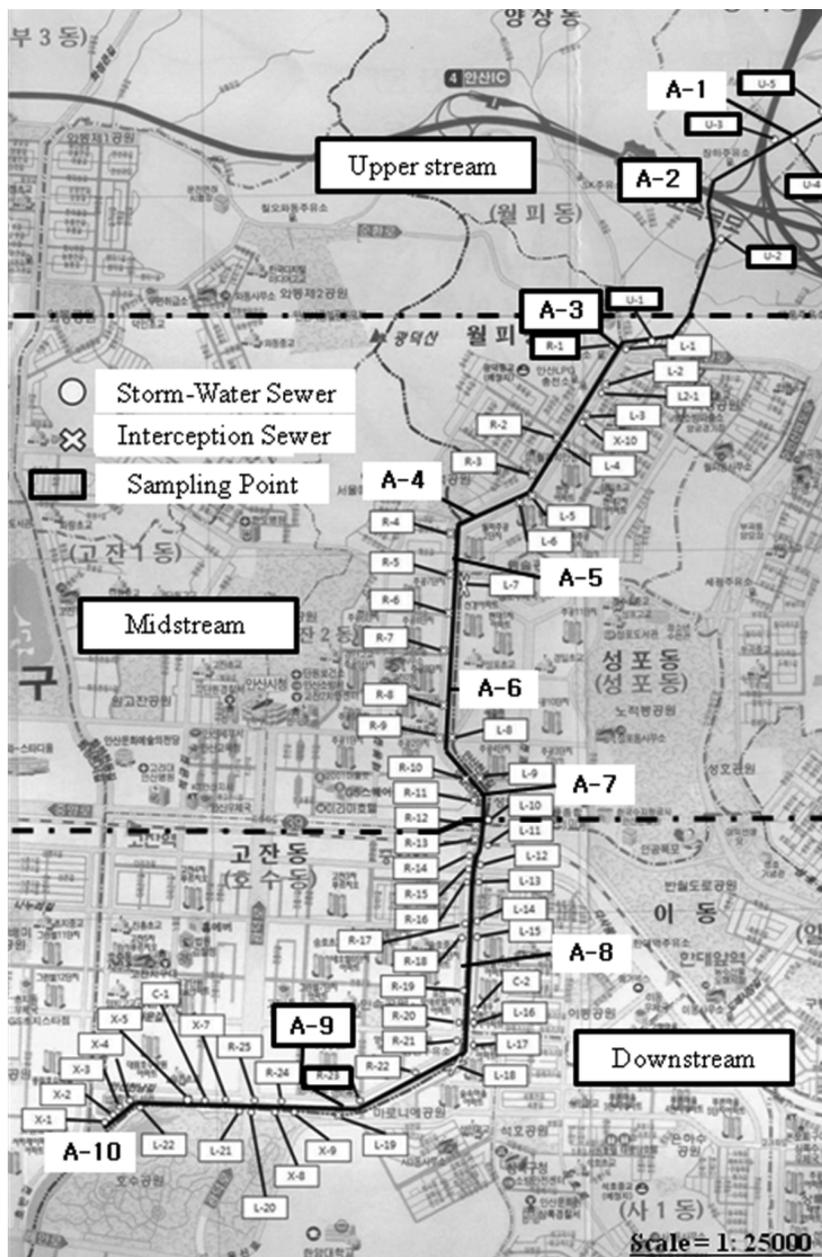


Fig. 1. Sampling points of Ansan stream and sewers.

있다. 연구를 위한 샘플 포인트 선정은 안산천의 특성을 반영하여 각 지역을 대표할 수 있는 지역을 선정하였다. 먼저 안산천에 설치되어 있는 총 65개의 토구들 중에서 샘플 가능한 토구의 유출수를 전부 채수하여 Coliform 분석을 수행하였다. 우기 시 상류와 하류지역은 토구에서 유출되는 곳을 채수하였으며, 중류지역은 차집 관거가 설치되어 있으나 강우에 따라 토구를 월류하는 지역을 채수하였다. 반면 건기 시에는 비가 오지 않으나 유출이 일어나고 있는 지점의 샘플링을 수행하였다. 시료의 *E. Coli* 분석이 끝난 후 하천의 상, 중, 하류 중 *E. Coli*의 농도가 높은 토구를 선정하여 MARA를 통해 비점오염원을 Source Tracking 하였다. 이러한 과정을 거친 후 선정된 우려토구의 인접 상, 하류 지점의 *E. Coli* MARA 분석을 통해 토구가 하천에 끼치는 영향과 안산천의 비점오염원 영향인자 변화 추이를 조사하였다.

2.4. 통계분석

MARA를 통해 구축된 데이터베이스와 분석 대상 비점오염원의 데이터 값의 Source Tracking을 위한 확률 통계 분석은 SPSS 프로그램(v12.0 Software)을 사용하였다. 본 연구에서는 여러 분석 기법 가운데 집단 평균점으로부터의 거리 개념을 이용하는 판별 분석 기법을 사용하여 분석하였다. 판별분석은 등간척도 이상인 독립변수의 선형결합과 케이스가 속한 집단을 나타내는 명목척도인 종속변수와의 관계를 규명하여 독립변수 값을 이용하여 케이스가 속한 집단을 예측하여 집단별로 분류하는 기법이다. 따라서 독립 변수로 *E. Coli*를 하천에 유입되게 만드는 원인이 되는 인간, 가축(소), 애완동물(개)을 대표적인 변수로 설정하였고, 종속 변수에는 항생제의 종류와 각각의 농도를 변수로 설정하였다. 이러한 판별분석은 변수들이 다수의 독립변수 값의 조합이 정규분포를 이룬다는 의미의 다변량정규분포(multivariate normal distribution)를 이루고 있으며, 각 집단들의 변수 간 분산-공분산 행렬은 동일하다는 가정을 두게 된다.¹¹⁾

Fig. 2와 Fig. 3은 MARA 분석 후 SPSS를 통해 구축된 지지

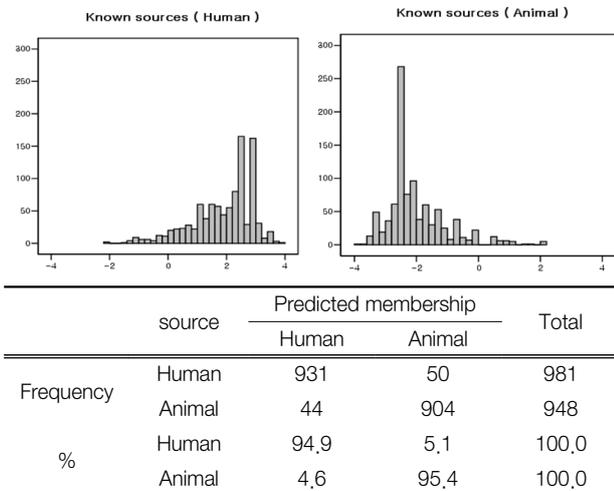


Fig. 2. Results of 2-way database established for the study area (x-axis: discrimination score, y-axis: frequency).

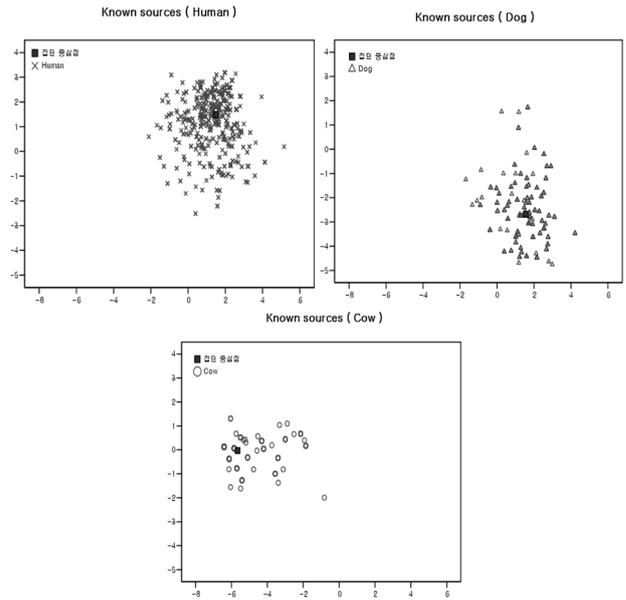


Fig. 3. Results of 3-way database established for the study area (x-axis: discrimination score, y-axis: frequency).

시료의 2-Way(인간, 동물)와 3-Way(인간, 가축, 애완동물) 데이터베이스를 나타낸 것이다. 우선, Fig. 2는 2-Way분석 결과를 나타내는 것으로, X축은 판별점수를 의미하며 데이터가 축의 중심 값인 0을 기준으로 좌·우측에 통계적인 거리 개념으로 분포하게 된다. 또한, Y축은 데이터의 수를 의미한다. Fig. 3은 3-Way 분석 결과를 나타내는 것으로, X축과 Y축 모두 판별점수를 의미하고 그래프의 중심 값인 0을 기준으로 데이터가 통계적인 거리 개념을 따라 각 사분면에 분포하게 된다. 데이터의 수는 각 점의 숫자와 일치한다.

3. 결과 및 고찰

3.1. 상류지역의 MARA

상류의 축산농가 지역에는 우기 시 뿐 만이 아닌 건기 시에도 토구에서 유출이 일어나는 토구들을 찾을 수 있었다. 따라서 이 지역은 모두 하천에 직접적인 영향을 끼칠 것으로 판단되었으며, 건기 시 유출수를 샘플링하여 Source Tracking 하였다.

Table 2는 U 토구와 안산천 A-3의 MARA 수행결과를 나타낸다. U 토구의 경우, 2-Way에서 동물이 75.0%이며, 인간이 25.0%로 나와 상류 지역의 주 오염원은 인간보다는 상

Table 2. MARA results of the upper stream area

	source	Predicted membership		Total
		Human	Animal	
Frequency	Human	931	50	981
	Animal	44	904	948
	U	12	36	48
	A-2	16	32	48
%	Human	94,9	5,1	100,0
	Animal	4,6	95,4	100,0
	U	25,0	75,0	100,0
	A-2	33,3	66,7	100,0

(2-Way)

	source	Predicted membership			Total
		Cow	Dog	Human	
Frequency	Cow	407	1	0	408
	Dog	0	516	24	540
	Human	3	73	905	981
	U	28	9	11	48
	A-2	22	11	15	48
%	Cow	99,8	,2	,0	100,0
	Dog	,0	95,6	4,4	100,0
	Human	,3	7,4	92,3	100,0
	U	58,3	18,8	22,9	100,0
	A-2	45,8	22,9	31,3	100,0

(3-Way)

류지역의 동물에 의한 영향이 더욱 큰 것으로 판단되며, 3-Way 분석결과 애완동물보다는 축산농가의 영향이 예측확률 58.3%로 높았다. 실제로 이 토구의 근처에는 약 73개의 소 사육 농가가 상주해 있었으며, 총 2,500여 두의 소가 사육되고 있다(안산시, 2011). 따라서 이곳의 주 분변성 미생물 오염원이 축산농가의 가축인 소에 의한 것임을 판단할 수 있었다. 특히 3-Way의 경우에서 가축 이외에도 인간과 애완동물(개)의 경향도 각각 22.9%와 18.8%로 나타났다. 이는 이 지역이 축산농가 운영을 위한 인간 거주지역의 영향이 있음을 판단할 수 있었다. 특히 인간과 애완동물의 경향이 크게 차이 나지 않는 모습을 보았을 때 인간 거주 지역에서 상당한 애완동물들을 키우고 있었음을 판단할 수 있었으며, 인근 토구에 이곳의 하수가 유입이 되고 있음을 판단할 수 있었다. 이는 추후 하천에도 영향을 줄 수 있기에 그 문제점이 있음을 고려할 수 있다.

A-2는 안산천 상류 지역 안에서 가운데 지역에 속하는 장소이며, 상류에 대부분 위치한 축산농가 지역의 인근이라는 특성이 있다. 따라서 안산천의 상류지역을 대표할 수 있을 것으로 사료되었다. 또한 우수토구 U 포인트 지역의 바로 하류에 위치한 지역으로 U 토구가 실제로 안산천에 어떠한 영향을 미치는지 판단할 수 있을 것으로 여겨진다. 우선 2-Way의 경우 동물이 66.7%, 인간이 33.3%의 결과가 나와, 안산천 상류지역의 주변에 존재하는 동물들에 의한 오염이 앞에서 언급한 U 토구 등을 통해 실제로 하천에 유입되고 있음을 판단할 수 있었다. 또한 3-Way에서는 축산농가(소)에 의한 영향이 45.8%로 그 확률이 가장 높았으며, 그 다음으로 인간과 애완동물이 각각 31.3%, 22.9%로 나타났다. 이를 통해, 지역적 특성상 축산농가에 의한 비점오염원 유입

이 있는 것으로 판단되었다. 특이점은 인간과 애완동물의 영향이 근소한 차이를 보인다는 것이다. 이는 이 지역의 비점오염원이 유입될 때 인간과 애완동물의 차이가 그리 크지 않다는 것을 판단할 수 있다. 특히 U 토구 역시 인간과 애완동물의 차이가 크지 않았다는 점을 생각해 볼 때 A-2지역의 하천이 U 토구와 같은 토구의 영향이 있었음을 판단해 볼 수 있다.

3.2. 중류지역의 MARA

안산천의 상류와 중류지역의 가장 큰 차이점은 중류부터 도심지가 시작된다는 것이다. 중류지역부터는 하천에 계획적인 토구가 건설되어 있고 그 시작점은 R-1 토구이다. 따라서 R-1 토구는 도심지 지역에 축산농가 지역과 다른 영향을 주기 시작하는 첫 토구라 할 수 있다. 이 지점의 MARA 분석을 통해 그 오염원을 추적해 보았다.

Table 3은 토구 R-1과 안산천의 A-3의 MARA 수행결과를 보여주고 있다. 토구 R-1의 경우, 2-Way에서 인간이 69.6%이며, 동물이 30.4%의 경향을 나타내고 있다. 비록 도심지가 시작되고 인간의 거주가 높아지고 있으나, 동물의 영향이 상당수 나타나고 있음을 알 수 있다. 3-Way의 결과 값에서 알 수 있듯이 동물의 대부분의 영향은 가축(소)에 있음을 알 수 있다. 동물 중 애완동물의 영향이 없었던 것은 A-2의 상류 지역에는 축산농가 지역에 일부 인간거주 지역이 있었으나,

Table 3. MARA results of the midstream area

	source	Predicted membership		Total
		Human	Animal	
Frequency	Human	931	50	981
	Animal	44	904	948
	R-1	32	14	46
	A-3	29	19	48
%	Human	94,9	5,1	100,0
	Animal	4,6	95,4	100,0
	R-1	69,6	30,4	100,0
	A-3	60,4	39,6	100,0

(2-Way)

	source	Predicted membership			Total
		Cow	Dog	Human	
Frequency	Cow	407	1	0	408
	Dog	0	516	24	540
	Human	3	73	905	981
	R-1	14	0	32	46
	A-3	11	10	27	48
%	Cow	99,8	,2	,0	100,0
	Dog	,0	95,6	4,4	100,0
	Human	,3	7,4	92,3	100,0
	R-1	30,4	,0	69,6	100,0
	A-3	22,9	20,8	56,3	100,0

(3-Way)

A-2 지역과 R-1 토구 사이에는 거주 지역은 거의 없고 식당과 축가, 그리고 밭이 대부분 있었던 것이 그 이유라 사료된다.

R-1 토구의 안산천에 대한 영향을 평가하기 위해 중류의 시작 지점인 R-1 토구 바로 하류지점의 A-3을 선정하였다. 따라서 인간거주 지역이 시작되면서 토구와 주위 환경 등에 의해 비점오염원의 변화를 Source Tracking 해보았다. 2-Way의 경우 인간이 60.4% 동물이 39.6%로 나타난 것을 알 수 있다. 또한, 3-Way의 경우 인간이 56.3%, 가축(소)이 22.9% 그리고 애완동물(개)이 20.8%의 확률이 나왔다. 인간거주 지역이 시작되면서 영향을 주는 주 오염원이 동물에서 인간으로 바뀐 것을 알 수 있다. 하지만 R-1 토구에서 애완동물(개)의 영향이 없었던 것을 감안할 때 하천에는 토구 뿐 아닌 다양한 경로의 비점오염원 유입이 있음을 판단할 수 있었다. 실제로 R-1 토구와 A-3 포인트 지점 사이에는 다른 토구가 위치해 있었으며, 하천 주변에 형성되어 있는 산책로와 도로의 영향도 있다고 판단된다.

3.3. 하류지역의 MARA

하류지역은 신시가지 지역으로 비교적 하천의 정비가 잘 되어있는 지역이다. 안산시는 이 지역의 토구에 오점에 대한 우려로 인한 차집 관거는 따로 설치해 놓지 않았으며, 처음 도시 설계 시부터 잘 정돈된 모습을 하고 있다. 하지만, 이 지역 역시 건기 시에도 유출이 일어나고 있는 모습이 발견되었으며, 실제 하류 토구의 미생물 분석에서도 *E. Coli*가 발견되는 것을 알 수 있었다. 따라서 샘플링이 이루어졌던 토구 중 *E. Coli*가 높은 지점이었던 R-23 토구를 샘플링 지점으로 선정해 MARA를 수행하였다.

Table 4는 안산천의 A-9의 MARA 수행결과를 보여주고 있다. 토구 R-23의 경우, 2-Way에서는 인간이 80.4%, 동물이 19.6%로 대부분의 오염원이 인간에 의한 것임을 알 수 있었다. 이는 인간 거주 지역임을 감안할 때 충분히 예측 가능한 결과라 할 수 있다. 3-Way의 경우 인간은 65.2%이며, 가축(소)과 애완동물(개)은 각각 6.5%와 28.3%임을 알 수 있었다. 이는 오염원에서 동물 중 가축(소)보다는 애완동물(개)에 더욱 많은 비중을 차지함을 알 수 있었다. 이 지역 근처에는 동물병원이 없었고, MARA결과도 인간의 비중이 높았던 것을 고려할 때, 주 오염원은 인간 거주 지역에 의한 영향이 대부분임을 판단할 수 있다. 이는 결국 건기 시에 이 토구에서 일어나고 있는 유출수는 신시가지라도 대부분 인간 거주지역의 하수가 토구에 오점되어 하천으로 유출이 일어나고 있음을 판단해 볼 수 있다. 따라서 하류지역의 토구 역시 중류의 토구와 마찬가지로 오점에 대한 관리가 필요할 것으로 사료된다.

우수토구인 R-23의 바로 하류지역인 A-9에서 샘플링이 수행되었다. 이를 통해 상류 A-2 지역에서 A-9 지역으로 이어지는 동안 하천의 비점오염원 변화 추이를 분석할 수 있을 것으로 판단하였다. 또한 R-23 지역에서 *E. Coli*가 비교적 높게 분석됨으로써 토구의 하천에 대한 영향을 직접적으로

Table 4. MARA results of the downstream area

	source	Predicted membership		Total
		Human	Animal	
Frequency	Human	931	50	981
	Animal	44	904	948
	R-23	37	9	46
	A-9	36	10	46
%	Human	94.9	5.1	100.0
	Animal	4.6	95.4	100.0
	R-23	80.4	19.6	100.0
	A-9	78.3	21.7	100.0

(2-Way)

	source	Predicted membership			Total
		Cow	Dog	Human	
Frequency	Cow	407	1	0	408
	Dog	0	516	24	540
	Human	3	73	905	981
	R-23	3	13	30	46
	A-9	4	7	35	46
%	Cow	99.8	.2	.0	100.0
	Dog	.0	95.6	4.4	100.0
	Human	.3	7.4	92.3	100.0
	R-23	6.5	28.3	65.2	100.0
A-9	8.7	15.2	76.1	100.0	

(3-Way)

분석할 수 있었다.

R-23 토구에서 *E. Coli*가 높게 나타난 것에 비하면 A-9지역은 비교적 *E. Coli*의 검출이 적은 편이었다. 이는 하천의 주변 지역에 있는 넓은 화단 등 여러 시설들이 우수 저류시설의 역할을 하고 있어 토구의 오염원이 하천에 미치는 영향을 낮추어 주는 역할을 하는 것으로 판단되었다. A-9의 경우, 2-Way는 인간이 78.3%, 동물이 21.7%인 것으로 나타났다. A-2 지역이 동물의 비중이 높았던 것을 감안할 때 하천이 인간 거주 지역을 통과해 하류로 흐르면서 점점 인간의 영향이 높아지고 있다고 판단된다. 3-Way의 경우 인간이 76.1%이었으며, 애완동물(개)이 15.2%, 가축(소)이 8.7%로 뒤를 이었다. R-23의 결과에서도 알 수 있듯이, 하류 지역의 비점오염원이 인간에 의한 영향이 커짐에 따라 이 지역의 주 오염원은 인간에 의한 오염이 대부분임을 판단할 수 있었다.

4. 결론

본 연구는 지표 미생물로 가장 많이 사용되는 *E. Coli*를 사용하여 MARA 방법을 통해 안산의 도심지를 지나는 안산천에 영향을 미치는 주 분변성 미생물의 오염원을 추적하여

MARA 방법의 유용성과 국내 하천의 적용 가능성을 평가하고자 한 것으로 결론은 다음과 같다.

상류는 축산 농가 지역으로 현장 조사를 통해 주 비점오염원이 동물, 그 중에서도 축가의 가축에 의한 영향일 것이라 예상하였고, MARA 분석의 결과 역시 2-Way에서 동물의 영향이 70% 정도로 가장 컸으며, 3-Way에서도 동물 중 가축의 영향이 45.8%로 가장 컸다.

중류의 경우 MARA 분석 결과 인간의 의한 영향이 약 60% 가량으로 분석되었으며, 인근 토구 역시 약 70%가 인간에 의한 영향으로 나타났다.

하류는 토구의 MARA 분석 값이 인간에 의한 영향이 약 80%가 나왔으며, 동물의 경우도 축산농가의 가축보다는 인간의 의한 애완동물의 영향이 더욱 큰 것을 알 수 있었다.

안산천의 MARA 분석 결과, 상류, 중류, 하류에 영향을 주는 비점오염원의 원인은 각각 다른 개체였다. 따라서 효과적인 비점오염원 저감을 위해서는 지역적인 특성, 주된 원인이 되는 개체 등을 고려한 저감 방안 방법이 필요할 것으로 판단된다.

MARA 분석을 통해 수행된 비점오염원 Source Tracking의 결과가 이미 예측된 결과와 매우 유사한 결과를 보이고, 보다 정확한 확률적 값을 보여 주는 것으로 판단해 볼 때, 지역적 특성이 고려된 데이터베이스가 구축 된다면, MARA는 분변성 미생물의 비점오염원 Source Tracking에 그 활용 가능성이 매우 클 것으로 판단된다.

MARA 기법은 미국 등 선진국에서는 최근 많이 연구되어 오고 있으나, 국내에 적용되거나 평가된 경우는 거의 전무하다. 본 연구에서는 국내의 실제 하천을 대상으로 MARA를 평가해 보았다는 것에 의의가 있으며, 비점오염원 관리를 위해 MARA 기법을 활용하기 위해서는 향후 지속적인 연구가 필요하다고 사료된다.

사사

본 연구는 안산환경기술개발센터의 연구비 지원(08-318-wp4-1/1)으로 수행되었으며 이에 깊은 감사를 드립니다.

KSEE

참고문헌

1. Sinton, L. W., A. M. Donnison, and C. M. Hastie, "Faecal streptococci as faecal pollution indicators: a review. II. Sanitary significance, survival, and use," *N. Z. J. Mar. Freshwater Res.*, **27**, 117~137(1993).
2. William, P. Hamilton, Moonil, Kim, Edward, and L. Thackston., "Deducing Sources of Fecal Bacteria in Urban Streams using Antibiotic Resistance Analysis and Classic Source Tracking Techniques," *ASCE J. Environ. Eng. (Accepted)*(2007).
3. Cynthia, L. M., Klaas, B., Rick, N. and Asit, M. "Source tracking fecal bacteria in water: a critical review of current methods." *J. Environ. Manage.*, **73**, pp. 71~79(2004).
4. Gordon, D. M., "Geographical structure and host specificity in bacteria and the implications for tracking the source of coliform contamination," *Microbiol.* **147**, 1079~1085 (2001).
5. Noblet, J. A., Young, D. L., Zeng, E. Y. and Ensari, S., "Use of fecal steroids to infer the source of fecal indicator bacteria in the Lower Santa Ana River Watershed, California: Sewage is unlikely a significant source," *Environ. Sci. Technol.*, **38**, 6002~6008(2004).
6. Harwood, V. J., Whitlock, J. and Withington, V. H., "Classification of antibiotic resistance patterns of indicator bacteria by discriminant analysis: use in predicting the source of fecal contamination in subtropical waters," *Appl. Environ. Microbiol.*, **66**(3), 3698~3704(2000).
7. John, E. Whitlock, David, T. Jones, and Valerie, J. Harwood, "Identification of the sources of fecal coliforms in an urban watershed using antibiotic resistance analysis," *Water Res.*, **36**, 4273~4282(2002).
8. Wiggins, B. A., "Discriminant analysis of antibiotic resistance patterns in fecal streptococci, a method to differentiate human and animal sources of fecal pollution," *Appl. Environ. Microbiol.*, **63**, 3997~4002(1996).
9. APHA, WEF and AWWA "Standard Method for examination of water and wastewater." APHA WEF AWWA(2005).
10. Burton, A, D. Gunnison, and G. Lanza, "Survival of Pathogenic Bacteria in Various Freshwater Sediments." *Appl. Environ. Microbiol.*, **53**(4), 633~638 (1987).
11. 정영해, "통계자료분석(SPSS 14.0)," 한국사회조사연구소 (2008)