

## 경남지역 과수원 토양 미생물 군집 비교

이영한 · 이성태\*

경상남도농업기술원

### Comparison of Microbial Community of Orchard Soils in Gyeongnam Province

Young-Han Lee and Seong-Tae Lee\*

Gyeongsangnam-do Agricultural Research and Extension Services, Jinju 660-370, Korea

Soil management for orchard depends on the effects of soil microbial activities. The present study evaluated the soil microbial community of 25 orchard in Gyeongnam Province by fatty acid methyl ester (FAME) method. The average concentrations in the orchard soils were 332 nmol g<sup>-1</sup> of total FAMES, 94 nmol g<sup>-1</sup> of bacteria, 46 nmol g<sup>-1</sup> of Gram-negative bacteria, 42 nmol g<sup>-1</sup> of Gram-positive bacteria, 4.8 nmol g<sup>-1</sup> of actinomycetes, 54 nmol g<sup>-1</sup> of fungi, and 9.1 nmol g<sup>-1</sup> of arbuscular mycorrhizal fungi. In addition, sandy loam soils had significantly low ratio of cy19:0 to 18:1ω7c compared with that of loam soils ( $p<0.05$ ), indicating that microbial stress decreased. The average soil microbial communities in the orchard soils were 28.1% of bacteria, 15.9% of fungi, 13.6% of Gram-negative bacteria, 12.5% of Gram-positive bacteria, 2.8% of arbuscular mycorrhizal fungi, and 1.4% of actinomycetes. The soil microbial community of Gram-negative bacteria in peach cultivating soils was significantly higher than that of pear cultivating soils ( $p<0.05$ ).

**Key words:** Orchard, Microbial community, Soil texture, Fatty acid methyl ester (FAME)

## 서 언

남부지역에서 경사도가 높은 과수원은 토양 침식 뿐만 아니라 여름철 집중강우로 인한 양분 유실이 매우 심하여 토양 양분관리가 매우 어려울 뿐만 아니라 미생물 군집의 다양성을 지속적으로 관리하기가 매우 어렵다 (Heo et al., 2010; Jung et al., 1993; Lee and Zhang, 2011; Lee et al., 2010). 토양 건전성 유지는 미생물 군집의 다양성과 관련되어 있으며 미생물의 수, 미생물 탄소량, 효소활성 등과 관련되어 있다 (Lee and Ha, 2011; Lee et al., 2011; Suh, 1998). Lee et al. (2003)은 키틴 퇴비를 배 과원에 처리한 결과 근권 토양에서 세균과 키틴 분해 미생물의 밀도를 증가시켰으나 곰팡이의 밀도는 감소된다고 하였다. Lee and Zhang (2011)은 경남지역 과수원 토양에서 미사질양토에서 곰팡이와 형광성 슈도모나스균 개체수가 사양토 보다 유의적으로 높았다고 하였다. 또한, 과종별 토양 미생물 탄소량은 배 재배지에서 437 mg kg<sup>-1</sup> 그리고 복숭아 재배지에

서 436 mg kg<sup>-1</sup>으로 사과 재배지 249 mg kg<sup>-1</sup>에 비해 유의적으로 높은 것으로 보고하였다 (Lee and Zhang, 2011). 그러나 이러한 결과는 모두 호기적인 조건에서 미생물 영양원을 이용한 평판배지를 이용하여 분석한 결과로서 과수원 토양의 전체적인 미생물 군집에 대한 정보를 얻을 수 없다. 최근 이러한 문제점을 해결하기 위해 토양 미생물 군집 분석에 MIDI (Midi Sherlock Microbial Identification System) 기술을 많이 사용하고 있다 (Buyer and Drinkwater, 1997; Fries et al., 1997; Macalady et al., 1998). 특히 다량의 토양 시료를 비교적 간단하고 빠르게 분석할 수 있는 Fatty acid methyl ester (FAME) 방법을 사용하여 토양의 미생물 생체량 뿐만 아니라 미생물 군집을 쉽게 분석할 수 있다 (Kim and Lee, 2011; Lee et al., 2011; Macalady et al., 1998; Schutter and Dick, 2000).

따라서 본 연구는 경남지역 과수원을 대상으로 FAME 분석기술을 적용하여 토양 미생물 군집을 분석하고 토성, 지형 및 작물별 주요 변동요인을 주성분으로 분석함으로써 토양 미생물 관리 기초자료를 제공코자 수행하였다.

접수 : 2011. 5. 17 수리 : 2011. 6. 4

\*연락처 : Phone: +82557716414

E-mail: lst08@korea.kr

## 재료 및 방법

**과수원 토양 지점 선정 및 시료채취 방법** 경남지역 과수원 토양의 미생물 군집을 분석하기 위하여 2010년에 토양 유형, 지형 및 토성 (RDA, 1983)과 분포면적 비율을 기준으로 25개 지점을 선정하였다. 토양은 비료를 사용하지 전인 3월부터 4월 사이에 표토를 0–15 cm 깊이에서 500 g 정도를 3반복으로 채취하였다.

**토양 미생물 군집 분석** 미생물 군집 분석을 위해 채취한 토양은  $-20^{\circ}\text{C}$ 에 2일간 보관하여 동결건조 한 후 미생물 군집 분석에 사용하였다. 미생물 군집은 개별적으로 미생물이 가지고 있는 고유 세포벽 지방산을 분석하는 FAME 방법을 이용하였다 (Schutter and Dick, 2000). 또한, 미생물의 정량은 internal standard 19:0을 이용하여 분석하였다. 미생물 군집 분석은 GC Agilent 6890N (Agilent Technologies, USA)과 HP-ULTRA 2 capillary column ( $25\text{ m} \times 0.2\text{ mm} \times 0.33\text{ }\mu\text{m}$  film thickness, Agilent Technologies, USA)을 이용하였다. 칼럼 온도는  $170^{\circ}\text{C}$ 에서  $270^{\circ}\text{C}$ 가 될 때 까지  $5^{\circ}\text{C min}^{-1}$ 씩 가온하였고 마지막  $270^{\circ}\text{C}$ 에서 2분간 유지하였다. 분석된 미생물 세포벽 지방산은 MIDI software program package (MIDI, Inc., Newark, DE)을 이용하여 각각의 지방산에 대한 미생물 군집을 분석하였다 (Hamel et al., 2006). 총 세균은 i15:0, a15:0, 15:0, i16:0, 16:1 $\omega$ 9, 16:1 $\omega$ 7, i17:0, a17:0, 17:0, cy17:0, 18:1 $\omega$ 7c 및 cy19:0 함량을 합산하여 분석하였다 (Macalady et al., 1998; Schutter and Dick, 2000). 그람음성 세균은 지방산 16:1 $\omega$ 7c, 18:1 $\omega$ 7c, cy17:0 및 cy19:0을 합산하였고 (Zelles, 1997) 그람양성 세균은 지방산 i15:0, a15:0, i16:0, i17:0 및 a17:0을 합산하여 구하였다 (Zelles, 1997). 방선균은 지방산 10Me18:0을 사용하였고 (Schutter and Dick, 2000) 곰팡이는 지방산 18:1 $\omega$ 9c와 18:2 $\omega$ 6c를 사용하였다 (Bradley et al., 2006). 또한, 지방산 16:1 $\omega$ 5c는 arbuscular mycorrhizal fungi의 biomarker로 이용하였다 (Balser et al., 2005; Frostegård et al., 1993; Olsson et al., 1998). 그리고 그람음성 세균과 그람양성 세균의 비율, 곰팡이와 총 세균의 비율 및 cy19:0과 18:1 $\omega$ 7c 비율은 토양에서 미생물 스트레스 지표로 사용하였다 (Bossio and Scow, 1998).

**다변량 주성분 분석 및 통계분석** 분석된 토양 미생물 특성은 SAS 프로그램 9.1.3 버전 (2006)을 사용하였다. 토양의 지형, 토성 및 작물별 특성은 5% 수준에서 Duncan's multiple range test (DMRT)를 하였다. 또한, 토양 화학성분 (Lee and Zhang, 2011)과 미생물 군집은 주성분 분석을 통하여 지형, 토성 및 과중에 따른 차이를 비교 검토하였다.

## 결과 및 고찰

**과수원 토양 미생물 함량** 경남지역 과수원 토양의 미생물 함량을 지형, 토성과 작물별로 분석한 결과는 Table 1과 같다. 경남지역 과수원 토양 25개소의 평균값은 총 FAME 함량이  $332\text{ nmol g}^{-1}$ 이었으며 총 세균 함량은  $94\text{ nmol g}^{-1}$ , 그람음성 세균 함량은  $46\text{ nmol g}^{-1}$ , 그람양성 세균은  $42\text{ nmol g}^{-1}$ , 방선균 함량은  $4.8\text{ nmol g}^{-1}$ , 곰팡이 함량은  $54\text{ nmol g}^{-1}$ , 내생균균군 함량은  $9.1\text{ nmol g}^{-1}$ 이었다. 이러한 결과는 시설 재배지 그람양성 세균  $49.4\text{--}63.7\text{ nmol g}^{-1}$ 과 내생균균군 함량  $12.5\text{--}14.7\text{ nmol g}^{-1}$  보다 낮았으나 (Lee et al., 2011) 벼 생육초기 논토양 세균 함량  $86\text{ nmol g}^{-1}$ , 곰팡이 함량  $36\text{ nmol g}^{-1}$  및 내생균균군 함량  $3.4\text{ nmol g}^{-1}$ 에 비해 높았다 (Kim and Lee, 2011). 경남지역 지형별 과수원 토양의 총 FAME 함량은 구릉지가  $377\text{ nmol g}^{-1}$ 으로 가장 높았으며 곡간 및 선상지가  $308\text{ nmol g}^{-1}$ , 산록경사지  $306\text{ nmol g}^{-1}$ 을 나타냈으며 유의적인 차이는 없었다. 구릉지의 총 FAME 함량은 총 세균 함량이  $109\text{ nmol g}^{-1}$ , 곰팡이  $58\text{ nmol g}^{-1}$ , 그람음성 세균  $53\text{ nmol g}^{-1}$ , 그람양성 세균  $48\text{ nmol g}^{-1}$ , 내생균균군  $9.9\text{ nmol g}^{-1}$ , 방선균  $5.7\text{ nmol g}^{-1}$ 의 순으로 영향을 준 것으로 나타났다. 구릉지의 총 세균 함량, 그람음성 세균 함량, 그람양성 세균 함량, 방선균 함량은 곡간 및 선상지와 산록경사지에 비해 높았으나 유의적인 차이는 없었다. 특히 남부지역의 과수원 79%가 15% 이상의 경사지에 분포되어 있으므로 (Jung et al., 1993) 양분 유실과 미생물의 함량을 관리하기 위해서는 경사가 높은 과수원은 등고선 재배나 계단식 기반조성이 필요할 것으로 생각되었다. 내생균균군 함량은 곡간 및 선상지에서  $10.0\text{ nmol g}^{-1}$ 으로 산록경사지  $6.6\text{ nmol g}^{-1}$ 에 비해 많았으나 유의성은 없었다. 그리고 다른 지형에 비해 곡간 및 선상지는 그람음성 세균과 그람양성 세균 비율은 1.20, 곰팡이와 세균 비율은 0.66으로 높은 특성을 나타냈다.

토성에 따른 총 FAME 함량은 미사질양토가  $386\text{ nmol g}^{-1}$ 으로 가장 높았고 양토는  $318\text{ nmol g}^{-1}$ 이었으며 사양토는  $193\text{ nmol g}^{-1}$ 으로 낮았으나 유의적인 차이는 없었다. 미사질양토는 총 세균 함량이  $105\text{ nmol g}^{-1}$ , 그람음성 세균 함량이  $51\text{ nmol g}^{-1}$ , 그람양성 세균 함량이  $46\text{ nmol g}^{-1}$ , 방선균 함량  $5.3\text{ nmol g}^{-1}$ , 곰팡이 함량  $70\text{ nmol g}^{-1}$ , 내생균균군 함량이  $12.7\text{ nmol g}^{-1}$ 으로 양토와 사양토에 비해 높았으나 유의성은 없었다. Lee and Zhang (2011)은 미사질양토에서 토양 세균 개체수와 곰팡이균 개체수가 양토와 사양토에 비해 높다고 하였으나 본 연구에서는 유의성이 없었다. 미사질양토의 그람양성 세균 비율이 1.20으로 양토 1.08, 사양토 1.07 보다 높았고 곰팡이와 총 세균의 비율은 사양토가 0.73으로 미사질양토 0.64와 양토 0.51 보다 높았다.

**Table 1. Microbial biomass in orchard soils as affected by topography, texture, and crop.**

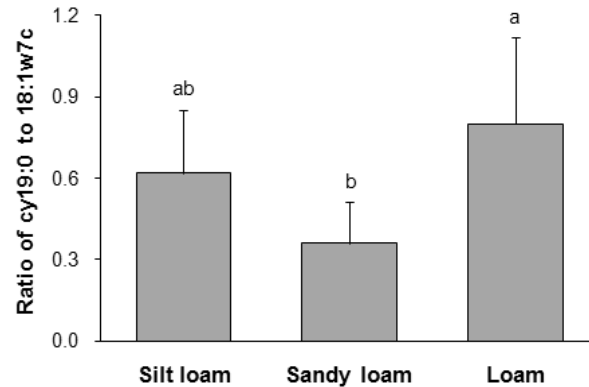
Parameter <sup>†</sup>	TF	B	G(-)	G(+)	A	F	AMF	G(-)/G(+)	F/B	Sample
	----- nmol g <sup>-1</sup> -----									
Minimum	130	34	18	12	0.8	18	2.1	0.81	0.33	
Maximum	784	236	104	113	12.1	152	23.6	2.05	1.19	
Mean	332	94	46	42	4.8	54	9.1	1.12	0.57	25
Standard deviation	142.5	42.6	21.1	19.9	2.51	34.6	5.86	0.281	0.202	
Soil topography										
Fan & valley	308a <sup>‡</sup>	83a	41a	36a	4.0a	58a	10.0a	1.20a	0.66a	10
Hill areas	377a	109a	53a	48a	5.7a	58a	9.9a	1.13a	0.54a	9
Inclined piedmont	306a	90a	41a	42a	4.7a	42a	6.6a	0.99a	0.48a	6
Soil texture										
Silt loam	386a	105a	51a	46a	5.3a	70a	12.7a	1.20a	0.64a	9
Sandy loam	193a	55a	26a	25a	2.8a	37a	5.4a	1.07a	0.73a	2
Loam	318a	92a	45a	41a	4.8a	47a	7.4a	1.08a	0.51a	14
Crop										
Sweet persimmon	289a	81a	39a	37a	4.0a	42a	8.0a	1.10ab	0.52a	13
Pear	379a	106a	48a	50a	5.4a	65a	9.7a	0.98b	0.63a	6
Peach	411a	117a	64a	45a	6.4a	84a	12.9a	1.43a	0.71a	4
Apple	317a	95a	46a	43a	4.9a	43a	7.1a	1.04ab	0.47a	2

<sup>†</sup>TF, total FAMES; B, total bacteria; G(-), Gram-negative bacteria; G(+), Gram-positive bacteria; A, actinomycetes; F, fungi; AMF, arbuscular mycorrhizal fungi.

<sup>‡</sup>Means by the same letter within a column are not significantly different at 0.05 probability level according to Duncan's multiple range test.

과종별 미생물 함량은 복숭아 재배지에서 총 FAME 함량이 411 nmol g<sup>-1</sup>, 총 세균 함량이 117 nmol g<sup>-1</sup>, 그람음성 세균 64 nmol g<sup>-1</sup>, 방선균 6.4 nmol g<sup>-1</sup>, 곰팡이 84 nmol g<sup>-1</sup>, 내생균근균 12.9 nmol g<sup>-1</sup>으로 다른 과종에 비해 높았으나 유의적인 차이는 없었다. 그람양성 세균 함량은 배 재배지에서 50 nmol g<sup>-1</sup>으로 복숭아 45 nmol g<sup>-1</sup>, 사과 43 nmol g<sup>-1</sup>, 단감 37 nmol g<sup>-1</sup> 보다 높았으나 유의성은 없었다. 이러한 결과는 곰팡이를 제외한 총 세균과 그람음성 세균은 Lee and Zhang (2011)이 보고한 결과와 일치하지 않았다.

**미생물 스트레스 지표** 그람음성 세균과 그람양성 세균 비율은 Table 1과 같이 1.12으로 논 초기 토양 1.0-1.3과 비슷하였다 (Kim and Lee, 2011). 그람음성 세균은 토양의 미생물의 탄소원이 부족할 경우 매우 민감하게 반응하여 개체수가 감소한다 (Kieft et al., 1997). 토양 환경과 영양적인 스트레스 지표로 사용되는 cy19:0과 18:1ω7c 비율은 사양토에서 0.36으로 양토 0.80 보다 유의적으로 낮았다 ( $p < 0.05$ ) (Fig. 1). 일반적으로 cy19:0과 18:1ω7c 비율이 낮을수록 미생물이 받는 스트레스는 감소되는 것으로 알려져 있다 (Mechri et al., 2010). 이러한 경향은 영양원, 산소 부족, 산성 토양, 토양의 수분 부족 등의 다양한 요인에 따라 cyclopropyl 지방산이 집적됨으로 세균의 스트레스가 증가된다 (Grogan and Cronan, 1997; Guckert et al., 1986). 따라서 이러한 경향은 Lee and Zhang (2011)이 보고한 바



**Fig. 1. Ratio of cy19:0 fatty acid to 18:1ω7c fatty acid in orchard soils. Bars represent one standard deviation of the mean. Means by the same letter within a column are not significantly different at 0.05 probability level according to Duncan's multiple range test.**

와 같이 경남지역 과수원 토양의 유기물 함량은 사양토에서 35 g kg<sup>-1</sup>으로 양토 32 g kg<sup>-1</sup> 미사질양토 24 g kg<sup>-1</sup>에 비해 높고 토양의 pH도 사양토가 7.1로서 미사질양토 6.3과 양토 6.1에 비해 높는데 기인되었으며 토양의 pH가 유기물 보다 영향이 큰 것으로 판단되었다.

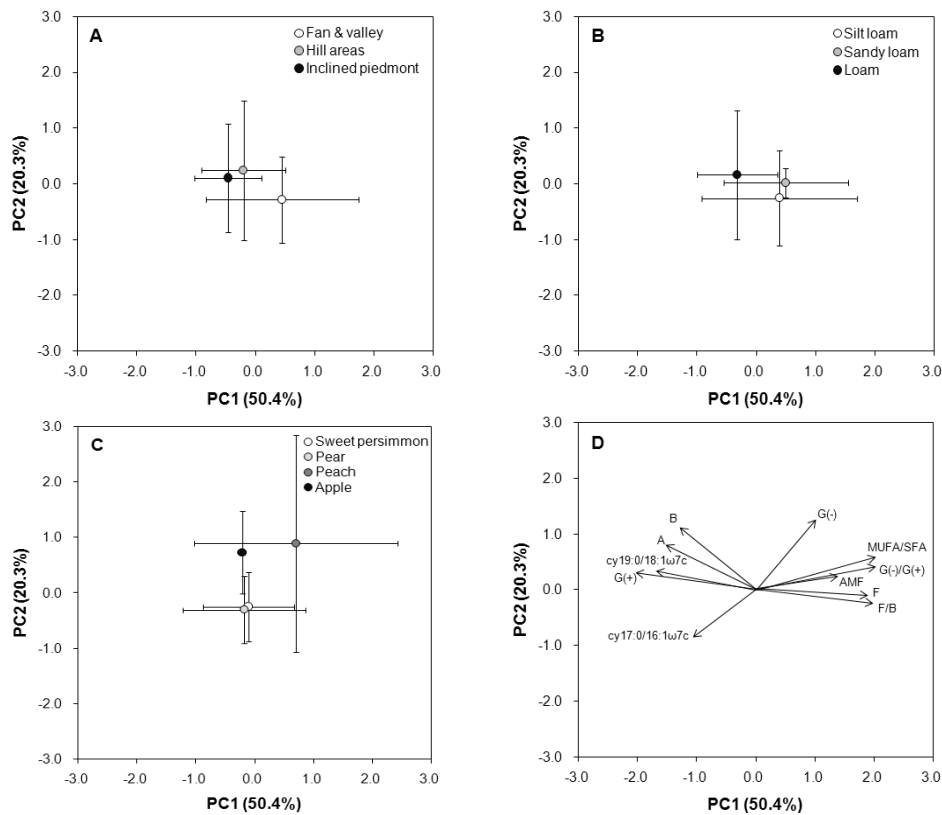
**과수원 토양 미생물 군집 분석** 토양 미생물의 함량을 총 FAME 함량으로 나누어 백분율로 표시하여 미생물의 군집을 분석한 결과는 Table 2와 같다 (Bossio and Scow,

**Table 2. Microbial communities in orchard soils as affected by topography, texture, and crop.**

Parameter <sup>†</sup>	B	G(-)	G(+)	A	F	AMF	Sample
	----- % , nmol -----						
Minimum	23.9	11.4	8.1	0.6	10.8	1.4	
Maximum	32.5	18.0	15.3	2.2	31.1	7.9	
Mean	28.1	13.6	12.5	1.4	15.9	2.8	25
Standard deviation	2.17	1.54	1.98	0.34	4.96	1.54	
<b>Soil topography</b>							
Fan & valley	27.1a <sup>‡</sup>	13.5a	11.8a	1.3a	17.8a	3.4a	10
Hill areas	28.6a	14.0a	12.7a	1.5a	15.2a	2.5a	9
Inclined piedmont	29.0a	13.3a	13.6a	1.5a	13.6a	2.2a	6
<b>Soil texture</b>							
Silt loam	27.0a	13.4a	11.7a	1.3a	17.0a	3.6a	9
Sandy loam	28.3a	13.5a	12.7a	1.4a	20.5a	2.8a	2
Loam	28.8a	13.8a	13.0a	1.5a	14.5a	2.3a	14
<b>Crop</b>							
Sweet persimmon	27.9a	13.4ab	12.5a	1.3a	14.4a	3.0a	13
Pear	28.1a	12.8b	13.2a	1.4a	17.3a	2.4a	6
Peach	28.1a	15.2a	11.0a	1.6a	19.5a	2.9a	4
Apple	29.7a	14.1ab	13.5a	1.6a	13.8a	2.3a	2

<sup>†</sup>B, total bacteria; G(-), Gram-negative bacteria; G(+), Gram-positive bacteria; A, actinomycetes; F, fungi; AMF, arbuscular mycorrhizal fungi.

<sup>‡</sup>Means by the same letter within a column are not significantly different at 0.05 probability level according to Duncan's multiple range test.



**Fig. 2. Principal component analysis between chemical properties and microbial diversity of orchard soils as affected by topography (A), texture (B), crop (C) and loading values of the individual parameter (D). The variance explained by the each principal component (PC) axis is shown in parentheses. Bars represent one standard deviation of the mean. A, actinomycetes; AMF, arbuscular mycorrhizal fungi; B, total bacteria; F, fungi; Gm(-), Gram-negative bacteria; Gm(+), Gram-positive bacteria; MUFA, monosaturated fatty acids; SFA, saturated fatty acids.**

1998; Schutter and Dick, 2000). 과수원 토양 평균 미생물은 총 세균이 28.1%, 곰팡이 15.9%, 그람음성 세균은 13.6%, 그람양성 세균은 12.5%, 내생균근균 2.8%, 방선균 1.4%의 비율을 나타냈다. 지형별 미생물은 곡간 및 선상지에서 곰팡이 17.8%, 내생균근균 3.4%로 가장 높았으나 유의적인 차이는 없었다. 구릉지는 그람음성 세균 14.0%, 산록경사지는 총 세균 29.0%, 그람양성 세균 13.6%로 가장 높게 나타났다. 토성에 따라 미사질양토는 내생균근균 3.6%, 사양토는 곰팡이 20.5%, 양토에서는 총 세균 28.8%, 그람음성 세균 13.8%, 그람양성 세균 13.0% 및 방선균 1.5%로 가장 높았으나 유의성은 없었다. 그러나 과종별 미생물 군집에서 복숭아 재배지의 그람음성 세균은 15.2%로서 배 재배지 12.8%에 비해 유의적으로 높은 비율을 나타냈다 ( $p < 0.05$ ). 단감 재배지는 내생균근균이 3.0%, 복숭아 재배지는 곰팡이 19.5%, 사과 재배지는 총 세균 29.7%, 그람양성 세균 13.5%로 높은 비율을 보였으나 유의적인 차이는 없었다.

과수원 토양의 미생물 군집을 지형, 토성, 작물에 따라 주성분을 분석한 결과는 Fig. 2와 같다. 주성분 분석은 토양 미생물 군집을 몇 가지의 성분으로 추출하여 설명하고 예측할 수 있다 (Lee et al., 2011). 주성분 분석결과 제1주성분이 50.4%, 제2주성분이 20.3%로서 전체 70.7%의 자료를 설명할 수 있는 것으로 나타났다. 제1주성분은 그람음성 세균과 그람양성 세균의 군집 비율이 가장 크게 기여하였으며 불포화지방산과 포화지방산의 비율, 곰팡이와 세균 군집의 비율 순으로 정의 기여를 하였다. 반면 제2주성분은 그람양성 세균, cy19:0과 18:1 $\omega$ 7c 비율, 방선균 군집의 순으로 부의 기여를 하였다 (Fig. 2D). 그람음성 세균은 그람양성 세균의 군집 비율과 불포화지방산과 포화지방산의 비율, 그람양성 세균은 cy19:0과 18:1 $\omega$ 7c 비율 사이에 정의 상관관계를 나타냈으나 그람음성 세균 군집은 cy17:0과 16:1 $\omega$ 7c 비율 사이에 부의 상관관계를 나타냈다. 지형별 주성분 분석결과 곡간 및 선상지 제1주성분과 정의관계를 보였으나 구릉지와 산록경사지는 부의관계를 나타냈다 (Fig. 2A). 토성에 따른 주성분 분석결과 사양토와 미사질양토는 제1주성분과는 정의 관계를 보였으나 양토는 부의관계를 보였다 (Fig. 2B). 작물별 주성분 분석결과 복숭아 재배지가 제1주성분 및 제2주성분과 정의관계를 보였으나 단감 재배지와 배 재배지는 부의관계를 나타냈다 (Fig. 2C). 미생물 군집의 주성분 분석결과 단감과 배 재배지의 미생물 다양성은 매우 유사한 것으로 나타났다. 주성분 분석결과 지형, 토성, 작물별 유의적인 차이가 없는 것은 표본 개체가 적은 것도 있지만 토양 미생물 군집이 주어진 조건에 반응하는 것 이상으로 복잡한 관계를 형성하고 있기 때문인 것으로 판단되었으며 토양의 미생물 다양성을 관리하기 위해서는 지속적인 미생물 모니터링이 필요할 것으로 생각된다.

## 요 약

경남지역 과수원 토양 25개소를 대상으로 2010년에 미생물 군집을 분석하고 토성, 지형 및 작물별 주요 변동요인을 주성분 분석으로 해석하였다. 경남지역 과수원 토양 평균값은 총 FAME 함량이 332 nmol g<sup>-1</sup>이었으며 총 세균 함량은 94 nmol g<sup>-1</sup>, 그람음성 세균 함량은 46 nmol g<sup>-1</sup>, 그람양성 세균은 42 nmol g<sup>-1</sup>, 방선균 함량은 4.8 nmol g<sup>-1</sup>, 곰팡이 함량은 54 nmol g<sup>-1</sup>, 내생균근균 함량은 9.1 nmol g<sup>-1</sup>이었다. 미생물의 환경스트레스 지수인 토양 cy19:0과 18:1 $\omega$ 7c 비율은 사양토에서 0.36으로 양토 0.80 보다 유의적으로 낮아 ( $p < 0.05$ ) 토양 미생물의 스트레스가 적었다. 과수원 토양 평균 미생물은 총 세균이 28.1%, 곰팡이 15.9%, 그람음성 세균은 13.6%, 그람양성 세균은 12.5%, 내생균근균 2.8%, 방선균 1.4%의 비율을 나타냈다. 복숭아 재배지의 토양 그람음성 세균 군집은 15.2%로서 배 재배지 12.8%에 비해 유의적으로 높은 비율을 나타냈다 ( $p < 0.05$ ). 주성분 분석결과 지형, 토성, 작물별 유의적인 차이가 없었으며 토양 미생물 군집의 다양성을 관리하기 위해 지속적인 모니터링이 필요할 것으로 생각된다.

## 사 사

본 연구는 농촌진흥청 공동연구사업 (과제번호: PJ006906222011)의 지원에 의해 이루어진 것임.

## 인 용 문 헌

- Balser, T., K.K. Treseder, and M. Ekenler. 2005. Using lipid analysis and hyphal length to quantify AM and saprotrophic fungal abundance along a soil chronosequence. *Soil Biol. Biochem.* 37:601-604.
- Bossio, D.A. and K.M. Scow. 1998. Impacts of carbon and flooding on soil microbial communities: phospholipid fatty acid profiles and substrate utilization patterns. *Microb. Ecol.* 35:265-278.
- Bradley, K., A. Rhae, R.A. Drijber, and J. Knopsc. 2006. Increased N availability in grassland soils modifies their microbial communities and decreases the abundance of arbuscular mycorrhizal fungi. *Soil Biol. Biochem.* 38: 1583-1595.
- Buyer, J.S. and L.E. Drinkwater. 1997. Comparison of substrate utilization assay and fatty acid analysis of soil microbial communities. *J. Microbiol. Meth.* 30:3-11.
- Fries, M.R., G.D. Hopkins, P.L. McCarty, L.J. Forney, and J.M. Tiedje. 1997. Microbial succession during a field evaluation of phenol and toluene as the primary substrates

- for trichloroethene cometabolism. *Appl. Environ. Microbiol.* 63:1515-1522.
- Frostegård, Å., A. Tunlid, and E. Bååth. 1993. Phospholipid fatty acid composition, biomass and activity of microbial communities from two soil types experimentally exposed to different heavy metals. *Appl. Environ. Microbiol.* 59: 3605-3617.
- Grogan, D.W. and J.E. Cronan. 1997. Cyclopropane ring formation in membrane lipids of bacteria. *Microbiol. Mol. Biol. Rev.* 61:429-441.
- Guckert, J.B., M.A. Hood, and D.C. White. 1986. Phospholipid ester-linked fatty acid profile changes during nutrient deprivation of *Vibrio cholerae*: increases in cis/trans ratio and proportions of cyclopropyl fatty acid. *Appl. Environ. Microbiol.* 52:794-801.
- Hamel, C., K. Hanson, F. Selles, A.F. Cruz, R. Lemke, B. McConkey, and R. Zentner. 2006. Seasonal and long-term resource-related variations in soil microbial communities in wheat-based rotations of the Canadian prairie. *Soil Biol. Biochem.* 38:2104-2116.
- Heo, J.Y., S.T. Lee, M.G. Kim, K.P. Hong, W.D. Song, C.W. Rho, J.S. Cho, and Y.H. Lee. 2010. Relationship between the incidence of bitter pit and the application level of crushed oyster shell in apple orchard. *Korean J. Soil Sci. Fert.* 43:637-643.
- Jung, Y.T., E.S. Yun, J.K. Kim, I.S. Son, J.D. So, and Y.K. Jo. 1993. Establishment of soil suitability classification system for sweet persimmon in Yeongnam area. *RDA J. Agric Sci. Soil Fert.* 35:245-251.
- Kieft, T.L., E. Wilch, K. O'connor, D.B. Ringelberg, and D.C. White. 1997. Survival and phospholipid fatty acid profiles of surface and subsurface bacteria in natural sediment microcosms. *Appl. Environ. Microbiol.* 63:1531-1542.
- Kim E.S. and Y.H. Lee. 2011. Response of soil microbial communities to applications of green manures in paddy at an early rice growing stage. *Korean J. Soil Sci. Fert.* 44:221-227.
- Lee, S.H., W.S. Kim, K.Y. Kim, T.H. Kim, H. Whangbo, W.J. Jung, and S.J. Chung. 2003. Effect of chitin compost incorporated with chitinolytic bacteria and rice bran on chemical properties and microbial community in pear orchard soil. *J. Kor. Soc. Hort. Sci.* 44:201-206.
- Lee, Y.H. and S.K. Ha. 2011. Impacts of chemical properties on microbial population from upland soils in Gyeongnam Province. *Korean J. Soil Sci. Fert.* 44:242-247.
- Lee, Y.H., S.T. Choi, S.T. Lee, K.P. Hong, W.D. Song, J.H. Lee, and J.S. Cho. 2010a. Seasonal change in the soil chemical properties from sweet persimmon orchard in Gyeongnam Province. *Korean J. Soil Sci. Fert.* 43: 572-577.
- Lee, Y.H. and Y.S. Zhang. 2011. Response of microbe to chemical properties from orchard soil in Gyeongnam Province. *Korean J. Soil Sci. Fert.* 44:236-241.
- Lee, Y.S., J.H. Kang, K.J. Choi, S.T. Lee, E.S. Kim, W.D. Song, and Y.H. Lee. 2011. Response of soil microbial communities to different cultivation systems in controlled horticultural land. *Korean J. Soil Sci. Fert.* 44:118-126.
- Macalady, J.L., M.E. Fuller, and K.M. Scow. 1998. Effects of metam sodium fumigation on soil microbial activity and community structure. *J. Environ. Qual.* 27:54-63.
- Mechri, B., H. Chehab, F. Attia, F.B. Mariem, M. Braham, and M. Hammami. 2010. Olive mill wastewater effects on the microbial communities as studied in the field of olive trees by analysis of fatty acid signatures. *Eur. J. Soil Biol.* 46:312-318.
- Olsson, P.A., R. Francis, D.J. Read, and B. Söderström. 1998. Growth of arbuscular mycorrhizal mycelium in calcareous dune sand and its interaction with other soil micro-organisms as estimated by measurement of specific fatty acids. *Plant Soil* 201:9-16.
- RDA (Rural development administration). 1983. Soil in Korea. RDA, Suwon, Korea.
- SAS Institute. 2006. SAS Version 9.1.3. SAS Inst., Cary, NC.
- Schutter, M.E. and R.P. Dick. 2000. Comparison of fatty acid methyl ester (FAME) methods for characterizing microbial communities. *Soil Sci. Soc. Am. J.* 64:1659-1668.
- Suh, J.S. 1998. Soil microbiology. *Korean J. Soil Sci. Fert.* 31(S):76-89.
- Zelles, L. 1997. Phospholipid fatty acid profiles in selected members of soil microbial communities. *Chemosphere* 35:275-294.