

## 우리나라 전통 발효유 타락의 미생물 군총 분석

임구상<sup>1</sup> · 이경수<sup>1</sup> · 장혜진<sup>1</sup> · 정진경<sup>2</sup> · 임지영<sup>1</sup> · 전태훈<sup>3</sup> · 한영숙<sup>2</sup> · 오세욱<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup>국민대학교 식품영양학과  
<sup>2</sup>성신여자대학교 식품영양학과  
<sup>3</sup>고려대학교 생명공학원

### Microbial Community Analysis of *Tarak*, a Fermented Milk Product

Goo-Sang Lim<sup>1</sup>, Kyung-Soo Lee<sup>1</sup>, Hye-Jin Jang<sup>1</sup>, Jin-Kyung Jung<sup>2</sup>, Ji-Young Lim<sup>1</sup>,  
TaeHoon Chun<sup>3</sup>, Young-Sook Han<sup>2</sup>, and Se-Wook Oh<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup>Dept. of Food and Nutrition, Kookmin University, Seoul 136-702, Korea

<sup>2</sup>Dept. of Food and Nutrition, Sungshin Women's University, Seoul 136-702, Korea

<sup>3</sup>Division of Biotechnology, Korea University, Seoul 136-713, Korea

**ABSTRACT** Microbial community analysis was performed on *Tarak*, a traditional Korean fermented milk product, by 16S rDNA cloning and pyrosequencing to obtain basic data for the standardization and systematization of the *Tarak* manufacturing process. Microbial analysis of the prokaryotic community revealed a slight difference in microbial abundance between *Bontarak* (n) and *Tarak* (n+1), but *Firmicute* was dominant at the phylum level. At the genus level, the *Lactobacillus* and *Leuconostoc* genera constituted over 90% of the population in *Bontarak*, but *Lactococcus* was the dominant genus in *Tarak*. *Bontarak* and *Tarak* showed further differences at the species level. *Leuconostoc citreum* was the dominant species in *Bontarak*, constituting 40% of the population. In eukaryotic community analysis, all samples were composed of *Ascomycota* at the phylum level. At the genus level, *Saccharomyces* was dominant in *Bontarak* (85% of the population), while *Issatchenkia* was dominant in *Tarak* (95% of the population). At the species level, *Saccharomyces cerevisiae* was detected at a relative abundance in *Bontarak* (82%), and *Pichia kudriavzevii* was the dominant species in *Tarak*, with a relative abundance of 95%. Sensory evaluation indicated that *Tarak* had a better appearance and texture than *Bontarak*. As sweetness was not significantly different between the two samples just slightly higher in *Tarak*, this was likely due to a significant decrease in sourness in *Tarak*. These results suggest that the microbial community used affects the quality of *Tarak* produced. Thus, a stable microbial community must be maintained for the production of *Tarak* with consistent quality.

**Key words:** fermented milk, *Tarak*, microbial, community, analysis

## 서 론

우유가 우리나라에 전해진 것은 4세기경으로, 조선시대에는 젖소가 아닌 새끼를 낳은 어미소의 젖을 짜서 임금께 진상하였고 당시에는 매우 귀하어 특수 계층만이 먹을 수 있는 음식이었다. 일반적으로 소나 양 등의 동물의 젖 또는 이것으로 정련하여 만든 음식을 타락이라고 부른다(1).

안동지역 등에서는 우유에 막걸리를 종균으로 사용하여 젖산발효 시킨 고유한 발효유를 타락이라고 하기도 한다(2). 현재까지 가장 오래된 한문필사본 조리서인 '수운잡방'은 고려 말기부터 조선전기에도 걸친 음식법을 추정할 수 있는 자료로 평가되고 있는데, '식힌 우유에 본타락이나 막걸리를 넣어 따뜻한 곳에 두어 찼러보아 누런 물이 솟아나오면'이라고

발효유 타락의 제법을 설명하고 있다(3). 타락은 막걸리나 청주를 접종원으로 이용하여 제조하거나 또는 미리 제조된 타락을 접종원으로 이용하여 제조한다.

타락을 제조하는데 막걸리를 사용하였다는 사실은 우리나라에만 존재하는 전통술인 막걸리의 고유성과 더불어 타락이 우리나라에만 존재하는 고유의 독특한 발효유라고 함에 부족함이 없다.

발효유는 우유를 유산균 또는 효모로 발효하여 상쾌한 산미와 함께 양질의 영양, 다양한 생리활성 물질을 함유하고 있는 유제품으로 세계 여러 나라에서 오래 전부터 섭취하여 왔다. 발효유는 우유 성분 이외에 유산균에 의해 생성된 유기산, 아미노산, 펩티드 등 식품으로서의 영양적 가치뿐만 아니라(4,5), 장내에 존재하는 유해 세균의 성장 억제 및 이로써 세균의 성장 증진(6), 면역계 활성화에 대한 증진 효과(7,8), 혈중 콜레스테롤의 저하(9) 등 성인병 예방과 건강증진에 우수한 기능이 있는 것으로 보고되고 있다.

Received 26 February 2013; Accepted 4 April 2013

\*Corresponding author.

E-mail: swoh@kookmin.ac.kr, Phone: 82-2-910-5778

타락은 우리나라 대표적인 전통 발효식품인 김치, 된장, 간장 등과는 달리 동물성 원료인 우유를 발효시킨 독특한 식품이다. 그러나 우리나라에도 전통 발효유가 존재하고 있음에도 불구하고 이를 알고 있는 국민은 거의 없다. 또한 타락에 대한 체계적인 연구가 거의 진행되지 않아 아직까지 기준규격도 없는 실정이다. 따라서 본 논문에서는 안동지역에서 수집한 본타락과 이를 사용하여 제조된 타락의 미생물 균총 분석을 통하여 타락 제조의 표준화 및 체계화를 위한 기초정보를 확보하고자 하였다.

## 재료 및 방법

### 본타락 수집

막걸리나 청주를 이용하여 제조된 타락을 본타락(n)이라고 명명하였다. 본타락(n)은 안동지역에 위치한 지역식품연구원에서 수집하여 실험에 사용하였다. 본타락(n)은 수집 즉시 아이스박스에 넣어 10°C 이하의 온도조건에서 실험실로 운반하였으며 이후 냉장고에 보관하면서 타락(n+1) 제조 및 미생물 균총 분석에 사용하였다.

### 본타락을 이용한 타락 제조

본타락(n)을 이용하여 제조된 타락을 타락(n+1)이라고 명명하였다. 타락(n+1)의 제조는 수운잡방에 근거하여 제조하였다. 즉 시중에서 판매되고 있는 우유를 구입하여 80°C에서 20분간 끓인 후 40°C로 식히고 여기에 오투기 양조 식초 0.1%와 수집한 본타락(n)을 10%(w/w) 첨가한 후 37°C에서 24시간 배양하여 타락(n+1)을 제조하였다.

### DNA 추출, PCR 및 pyrosequencing

타락을 1.5 mL eppendorf tube에 옮겨 10,000×g에서 1분간 원심분리 한 후 FastDNA®SpinKit for Soil(MP Biolaboratories, Solon, OH, USA)을 이용하여 genomic DNA를 분리하였다. 원핵세균의 DNA 증폭을 위해서는 16S rRNA의 V1, V2, V3 hypervariable region을 대상으로 한 27F(5'-GAGTTTGATCMTGGCTCAG-3')와 518R(5'-WTTACCGCGGCTGCTGG-3')(10) primer set를 사용하였으며, 진핵세균은 26S rRNA를 대상으로 한 F63.2(5'-ACCCGCTGAAYTTAAGCATAT-3')와 25R1(5'-CTTGGTCCGTGTTTCAAGAC-3')(11) primer set를 사용하였다. 각 primer의 5'에 7~10 base pairs의 barcode와 2 base의 linker를 포함시켰다. Template DNA 1 µL, primer 1 µL, dNTPs 1 µL, 10× PCR buffer 2 µL, Taq polymerase 1 µL(Roche, Mannheim, Germany), TE buffer 14 µL를 넣어 전체반응 부피는 20 µL이었고 thermal cycler (C1000™ Thermal Cycler, Bio-Rad, Foster City, CA, USA)에서 다음의 조건으로 PCR을 수행하였다. 처음 94°C에서 5분간 denaturing을 시켰고 다음 94°C에서 30초, 55°C에서 45초, 72°C에서 1분 30초의 조건으로 총 30 cycle

을 수행한 후 4°C에서 보관하였다. PCR 산물은 2% agarose gel에서 전기영동 하여 확인하였고 UltraClean® 15 DNA purification kit(Mo Bio, San Diego, CA, USA)을 사용하여 정제하였다. 정제된 PCR 산물은 454 GS FLX Titanium(Roche) 염기서열분석기를 사용하여 pyrosequencing을 수행하였다. Pyrosequencing과 그에 필요한 반응들은 (주)천연연구소(Seoul, Korea)에 의뢰하여 분석하였다.

### 관능검사 및 통계분석

타락 관능검사는 식품영양학과 학생 12명을 패널로 선정하여 실험의 목적과 평가방법 및 평가항목에 대하여 사전에 인지시킨 후 타락과 본타락에 대하여 외관, 맛/향, 조직감에 대한 기호도와 알코올취 여부, 단맛, 신맛과 전체적인 기호도에 대하여 7점 평점법(1=extremely weak or dislike, 7=extremely strong or like)으로 측정하였다. 관능검사 결과는 평균과 표준편차로 표시하였다. 각 평가항목에 대해서는 Duncan's multiple range test로  $P < 0.05$  수준에서 유의차 검정을 실시하였다.

## 결과 및 고찰

### 타락의 원핵세균 균총 분석

안동지방에서 수집한 본타락(n)과 이를 접종원으로 사용하여 제조한 타락(n+1)에 대한 미생물 균총 분석을 실시하였다. 2개의 시료로부터 얻은 total reads의 수는 본타락과 타락이 각각 2,168, 5,316개였고 염기서열 길이는 300~517 bp였으며 각각의 평균 염기서열 길이는 본타락이 463 bp, 제조된 타락이 477 bp였다. Rarefaction curve에서 타락은 곡선이 plateau에 도달하였으나 본타락은 생물체의 개체 또는 균을 나타내는 지표인 operational taxonomic units(OTUs)가 plateau에 도달하지 못하였음에도 타락에 비하여 높게 측정되었으므로 본타락의 미생물 군집 구조가 타락에 비하여 복잡함을 알 수 있었다(Fig. 1). 본타락에서 84개로 나타났으며 제조된 타락에서는 33개로 나타났

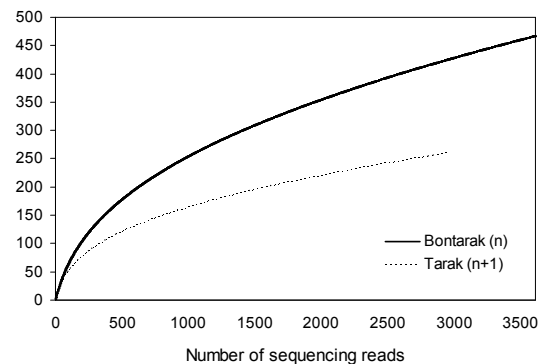


Fig. 1. Rarefaction curves for the bacterial 16S rRNA gene from pyrosequencing analysis of Bontarak (n) and Tarak (n+1).

**Table 1.** Bacterial diversity indices for 16S rRNA libraries of *Bontarak* (n) and *Tarak* (n+1)

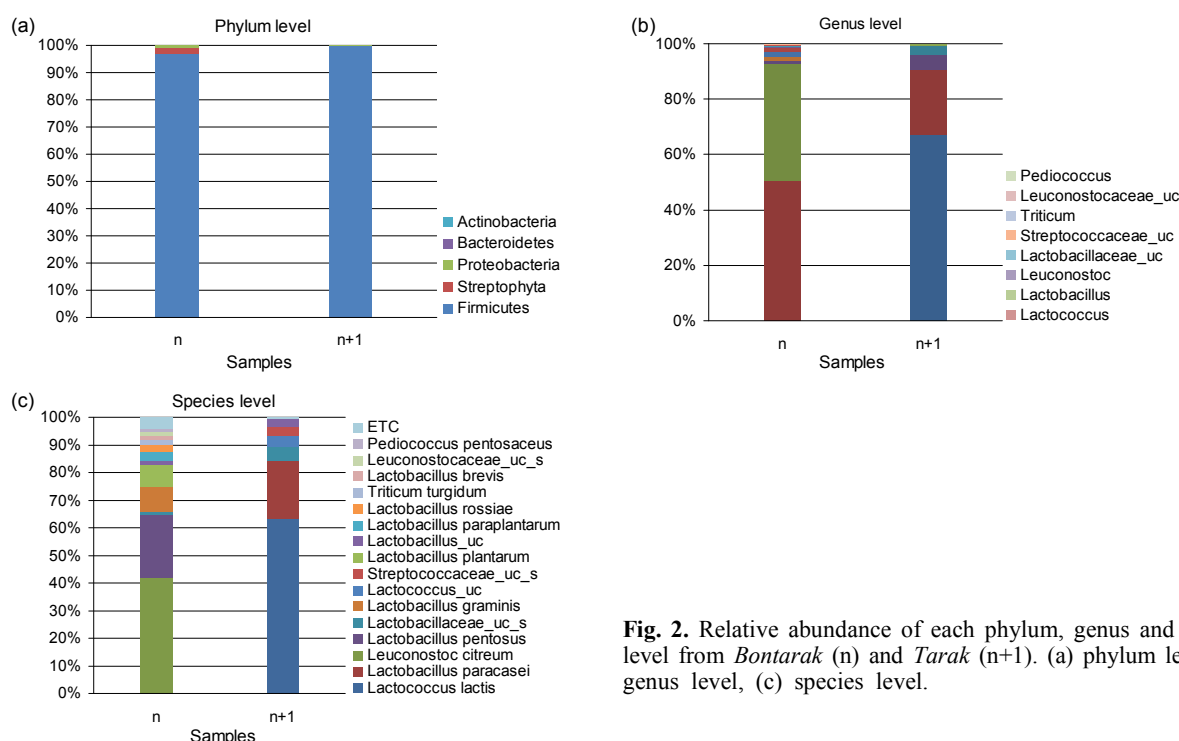
Sample	Total reads	OTUs	ACE	Chao1	JackKnife	Shannon	Simpson	Goods Lib. coverage
<i>Bontarak</i> (n)	2,168	84	132	106	110	3.05	0.08	98.8%
<i>Tarak</i> (n+1)	5,316	33	42	38	38	2.32	0.15	99.9%

(Table 1). 이 결과는 ACE, Chao1, Shannon 등의 다른 diversity index의 분석결과와 유사하게 나타났다. 본타락과 제조된 타락의 OTUs와 diversity index를 비교해 봤을 때 본타락이 제조된 타락에 비해서 diversity가 모든 index에서 높은 수준으로 나타났다. 이것은 본타락의 미생물 군집이 본타락을 스타터로 사용하여 제조된 타락보다 더 복잡한 것을 의미한다(12).

Phylum 수준에서는 본타락과 타락 모두 *Firmicutes*가 군집의 대다수를 차지하는 것으로 나타났다(Fig. 2). 그러나 본타락에서는 *Firmicutes* 이외에도 *Streptophyta*, *Proteobacteria*, *Bacteroidetes*와 *Actinobacteria*가 나타났지만 타락에서는 *Firmicutes*가 99% 이상을 차지하였고 *Proteobacteria*가 소수 나타났다. Genus 수준에서는 본타락과 타락의 차이가 더욱 더 크게 나타났다. 본타락에서는 *Lactobacillus*와 *Leuconostoc* 속이 군집의 90% 이상을 차지하는 것으로 나타난 것에 비해 타락에서는 *Lactococcus* 속이 60% 이상을 차지하는 것으로 나타났다. Species 수준에서는 본타락과 타락의 미생물 군집 차이가 더욱 달라지는 것을 알 수 있었는데 본타락의 경우 *Leuconostoc citreum*이 40% 이상으로 나타나 우점균이었으며 이밖에도 *Lactobacillus pentosus*, *Lactobacillus plantarum*와 *Lactoba-*

*cillus graminis* 등의 *Lactobacillus* 속의 균주들이 다수를 차지하는 것으로 나타났다. 이에 비해 타락에서는 *Lactococcus lactis*가 미생물 군집 비율의 60% 이상을 차지한 우점균이었으며 대다수의 균이 *Lactococcus* 속이었다. 또한 본타락에서 나타났던 *Lactobacillus* 속 균주들의 대다수가 크게 감소하였거나 나타나지 않았으며 특히 본타락에서 20% 이상을 차지하던 *Lactobacillus pentosus*는 나타나지 않았다. 또한 본타락에서 40% 이상을 차지한 우점균인 *Leuconostoc citreum*이 타락에는 전혀 존재하지 않는 것으로 나타났다. 이에 비하여 *Lactobacillus paracasei*는 본타락에서의 군집 비율에 비해 크게 증가하여 타락에서는 20% 이상 차지하는 것으로 나타났다.

타락의 우점균으로 나타난 *Lactococcus lactis*를 비롯한 *Lactococcus* 속 균주들은 본타락에서는 나타나지 않았던 균주들인데 이 균주들이 본타락을 접종원으로 하여 제조된 타락에서는 우점균으로 나타났다. 이것은 막걸리로 제조된 본타락의 미생물이 계속적으로 변화될 수 있음을 의미한다. Jung 등(13)은 김치와 같은 자연발효에 의존하는 식품에서는 발효 온도에 따라 미생물적 특성이 달라진다고 보고하였으며, Park 등(14)은 여러 환경적 요인에 의하여 김치의 미생물 군총이 영향을 받는다고 보고하였다. 또한 Kim 등(15)



**Fig. 2.** Relative abundance of each phylum, genus and species level from *Bontarak* (n) and *Tarak* (n+1). (a) phylum level, (b) genus level, (c) species level.

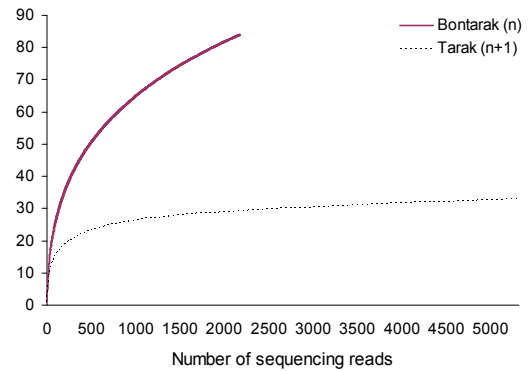
**Table 2.** Fungal diversity indices for 26S rRNA libraries of *Bontarak* (n) and *Tarak* (n+1)

Sample	Total reads	OTUs	ACE	Chao1	JackKnife	Shannon	Simpson	Goods Lib. coverage
<i>Bontarak</i> (n)	3,611	467	1079	855	977	5.04	0.01	93.9%
<i>Tarak</i> (n+1)	2,957	33	545	438	511	4.23	0.04	96.3%

은 된장의 제조과정에 따른 미생물 군집구조의 변화에서 미생물 공급원인 볏짚과 발효된 메주에서 극적인 차이가 나타난다고 보고하고 있다. 따라서 발효식품인 타락 역시 사용된 막걸리의 미생물 분포, 사용된 우유의 미생물 분포 및 타락 제조의 관계된 여러 가지 환경적인 조건에 따라 본타락과 타락은 서로 상이한 미생물 분포를 가지는 것으로 생각되었다.

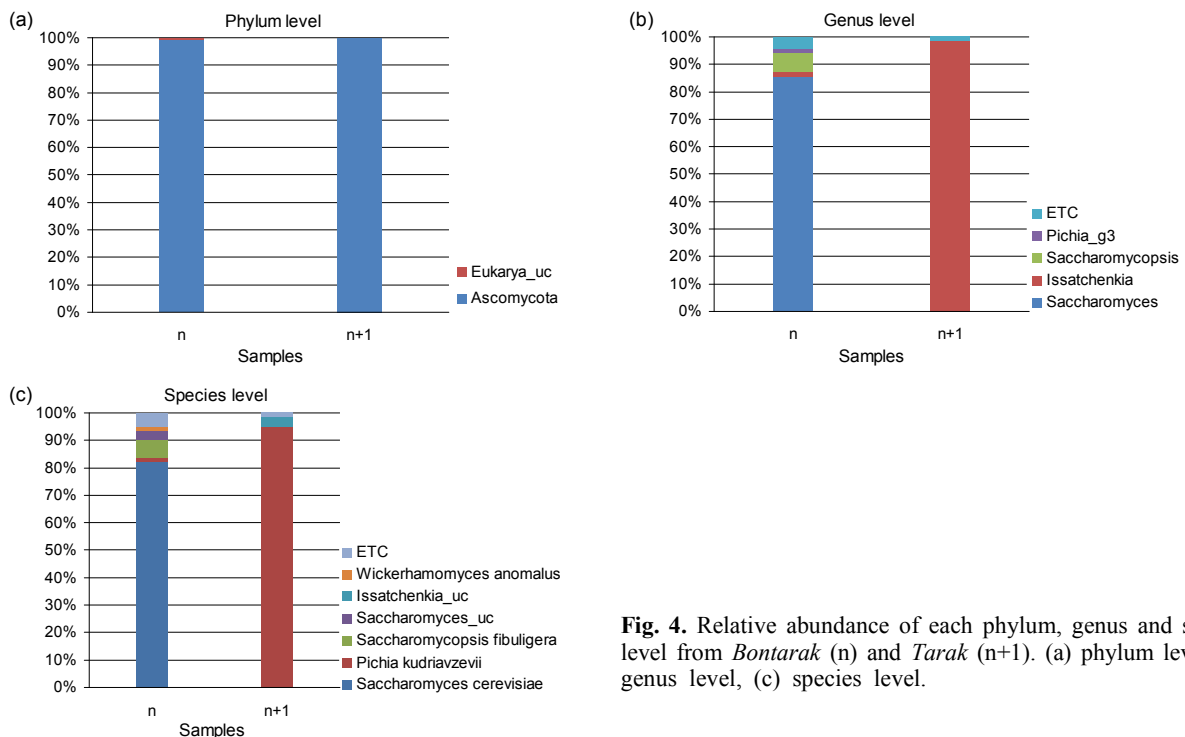
### 타락의 진핵세균 균총 분석

원핵세균의 균총 분석과 마찬가지로 안동지방에서 수집한 본타락과 이를 집종원으로 이용하여 제조한 타락에 대한 미생물 균총 분석을 실시하였다. 2개의 시료로부터 얻은 total reads의 수는 본타락과 타락이 각각 3,611, 2,957개였고 염기서열의 길이는 300~526 bp였으며 각각의 평균 염기서열 길이는 본타락이 451 bp, 타락이 466 bp였다 (Table 2). Rarefaction curve에서 본타락과 타락 모두 plateau에 도달하지 못하였다(Fig. 3). OTUs는 본타락에서 471개로 나타났으며 타락에서는 260개로 나타났다. 이 결과는 ACE, Chao1, Shannon 등의 다른 diversity index의 분석 결과와 유사하게 나타났다. 이것은 원핵세균의 균총 분석 결과와 유사한 것으로 진핵세균의 미생물 군집 역시

**Fig. 3.** Rarefaction curves for the fungal 26S rRNA gene from pyrosequencing analysis of *Bontarak* (n) and *Tarak* (n+1).

본타락이 제조된 타락에 비하여 복잡함을 알 수 있었다.

Phylum 수준에서는 본타락과 타락 모두 *Ascomycota*가 군집의 대다수를 차지하는 것으로 나타났다(Fig 4). 그러나 본타락에서는 *Ascomycota* 외에도 극소량의 다른 fungi들이 존재하는 것에 비하여 타락에서는 *Ascomycota*가 100%를 차지하는 것으로 나타났다. Genus 수준에서는 본타락과 타락의 차이가 더욱 더 크게 나타났다. 본타락에서는 *Saccharomyces* 속이 군집의 85% 이상을 차지하였으며

**Fig. 4.** Relative abundance of each phylum, genus and species level from *Bontarak* (n) and *Tarak* (n+1). (a) phylum level, (b) genus level, (c) species level.

**Table 3.** Sensory characteristics of *Bontarak* (n) and *Tarak* (n+1)

	<i>Bontarak</i> (n)	<i>Tarak</i> (n+1)
Appearance	1.50±0.52 <sup>1(a2)</sup>	3.25±1.54 <sup>b</sup>
Texture	2.25±0.97 <sup>a</sup>	3.42±1.16 <sup>b</sup>
Sweetness	1.75±1.14 <sup>a</sup>	1.92±1.08 <sup>a</sup>
Sourness	5.92±1.31 <sup>a</sup>	3.67±1.97 <sup>b</sup>
Alcohol flavor	2.17±1.47 <sup>a</sup>	2.17±1.27 <sup>a</sup>
Overall preference	2.42±1.00 <sup>a</sup>	3.58±1.38 <sup>b</sup>

<sup>1)</sup>Mean±SD (n=12).

<sup>2)</sup>Values with different superscripts within the same row are significantly different at  $P<0.05$ .

*Issatchenkia*, *Saccharomycopsis* 등이 소수 존재하는 것으로 나타났다. 이에 비해 타락에서는 본타락에서 1% 수준으로 나타났던 *Issatchenkia* 속이 98% 이상을 차지하였다. Species 수준에서도 역시 미생물 군집이 genus 수준과 유사한 형태로 나타내었다. 본타락의 경우 *Saccharomyces cerevisiae*가 82%를 차지하였으며 이 밖에도 *Pichia kudriavzevii*, *Saccharomycopsis fibuligera* 등이 소수 나타났다. 이에 비해 타락에서는 *Pichia kudriavzevii*가 미생물 군집의 95%를 차지하는 우점균으로 나타났다. 또한 본타락에서 출연하였던 균들의 대다수가 나타나지 않았으며 특히 우점균으로 존재하였던 *Saccharomyces cerevisiae*는 타락에서 전혀 나타나지 않았다. *Pichia kudriavzevii*는 본타락에서 1% 정도의 수준으로 나타났던 종이었지만 타락에서는 크게 증가하여 우점균으로 나타났으며 이와는 반대로 본타락에서 우점균으로 존재하였던 *Saccharomyces cerevisiae*는 타락에서 나타나지 않았다. 타락에 존재하는 진핵세균도 원핵세균의 미생물 균총 변화와 같이 급격하게 변화하였음을 알 수 있었다. Jung 등(16)은 진핵생물이 발효에 큰 영향을 미치는 막걸리에서 역시 발효과정에 따라 진핵생물의 균총이 달라진다고 보고하였다.

### 관능검사

안동에서 수집한 본타락과 이를 접종원으로 이용하여 제조한 타락에 대한 관능검사를 실시하였다(Table 3). 외관, 조직감은 수집한 본타락에 비하여 제조된 타락이 전반적으로 우수한 것으로 나타났다. 단맛은 통계적 유의차 없이 약간 증가하는 것으로 나타났지만 신맛은 통계적 유의차 있게 감소하는 것으로 나타났다. 신맛은 타락의 발효과정에서 진행된 젖산발효 산물인 유기산에 기인한다고 생각되었다(17). Mok 등(18)은 쌀의 젖산발효를 위해 접종균을 다르게 하면 관능적으로 유의적인 차이가 존재한다고 보고하였다. 본타락과 타락이 서로 다른 젖산발효 양상에 의해 발효되었다고 생각되었으며 따라서 미생물 균총도 상이할 것으로 예상되었다. 실제로 Fig. 2, 4에 나타낸 바와 같이 원핵세균과 진핵세균의 균총이 매우 큰 폭으로 변화되었음을 알 수 있었다.

전체적인 관능검사 결과, 본타락과 타락의 관능적인 특성은 단맛과 알코올 냄새를 제외하고는 통계적으로 유의한 차

이가 있는 것으로 나타났으며, 또한 이를 반영하듯 본타락과 타락의 미생물 균총에 매우 큰 폭의 변화가 있었다. 이는 본타락의 미생물이 막걸리에서 유래되었지만 타락의 미생물은 본타락에서 유래되었기 때문에 서로 균종이 차이가 있을 수 있으며 또한 발효 환경조건에 따라 우점균이 변화될 수 있기 때문이라고 생각되었다.

따라서 주로 안동지방에서 제조되고 있는 전통유인 타락의 과학적인 계승을 위해서는 우선적으로 타락의 식품학적 정의를 위한 관능특성 및 품질지표에 대한 기준규격 설정이 필요하다고 생각되었다. 또한 일정한 품질 특성을 가지는 타락을 제조하기 위해서는 발효에 관여하는 미생물 균총의 재연성 확보가 우선되어야 하며 이를 위해서는 발효기작 규명을 위한 연구가 필요하다.

### 요 약

본 연구에서는 전통발효유인 타락 제조의 표준화 및 체계화를 위한 기초정보를 확보하고자 본타락과 타락에 대하여 pyrosequencing을 통하여 미생물 균총을 분석하였다. 미생물 균총 분석결과 원핵세균의 경우 phylum 수준에서는 타락과 본타락에서 다소 차이가 있었으며 *Firmicutes*가 군집의 대다수를 차지하였다. 그러나 genus 수준에서는 본타락과 타락의 차이가 크게 나타났으며 본타락의 경우 *Lactobacillus*와 *Leuconostoc* 속이 군집의 90% 이상을 차지하는 것으로 나타났으며 타락의 경우 *Lactococcus* 속이 60% 이상을 차지하는 것으로 나타났다. Species 수준에서는 차이가 더욱 크게 나타나서 본타락의 경우 *Leuconostoc citreum*이 미생물 군집 비율의 40% 이상으로 나타나 우점균이었으며 이밖에도 *Lactobacillus* 속의 균주들이 다수를 차지하는 것으로 나타난 것에 비하여 타락에서는 *Lactococcus lactis*가 60% 이상을 차지하여 우점균으로 나타났다. 진핵생물은 phylum 수준에서는 타락과 본타락 모두 *Ascomycota*가 군집의 다수를 차지하였으나 genus 수준에서는 본타락의 *Saccharomyces* 속이 군집의 85% 이상을 차지한 것에 비하여 타락에서는 *Issatchenkia* 속이 98% 이상을 차지하였다. Species 수준에서는 본타락의 경우 *Saccharomyces cerevisiae*가 82%를 차지하였으나 타락에서는 *Pichia kudriavzevii*가 미생물 군집의 95%를 차지하는 우점균으로 나타났다. 관능검사 결과, 본타락보다 타락이 외관과 조직감에서 유의적으로 우수한 것으로 나타났고 단맛은 유의적 차이는 없으나 약간 증가하는 것으로 나타났으며 신맛은 유의적으로 감소하는 것으로 나타났다. 이상의 결과를 통하여 미생물 군집에 의해 발효식품의 맛과 향이 영향을 받으며 따라서 일정한 품질을 가지는 타락을 제조하기 위해서는 우선적으로 발효에 관여하는 미생물 균총에 대한 고려가 중요하다.

## 감사의 글

이 논문은 2011년도 한식세계화 용역연구사업 지원에 의해 이루어진 것이며 이에 감사드립니다.

## REFERENCES

1. <http://terms.naver.com/entry.nhn?cid=200000000&docId=1270431&mobile&categoryId=200000400>.
2. Lee YD, Yoo HL, Hwang JY, Han BK, Choi HJ, Park JH. 2010. Antimicrobial effect of lactic acid bacteria isolated from *Kimchi* and *Tarak* on *Helicobacter pylori*. *Korean J Food & Nutr* 23: 664-669.
3. *Sueunjabbang* Research Institute. 2011. *Sueunjabbang*. Company Mayo, Andong, Korea. p 30-31.
4. Gilliland SE. 1990. Health and nutritional benefits from lactic acid bacteria. *FEMS Microbiol Rev* 7: 175-188.
5. Sánchez-Segarra PJ, García-Martínez M, Gordillo-Otero MJ, Díaz-Valverde A, Amaro-Lopez MA, Moreno-Rojas R. 2000. Influence of the addition of fruit on the mineral content of yoghurts: nutritional assessment. *Food Chem* 70: 85-89.
6. Adolfsson O, Meydani SN, Russell RM. 2004. Yogurt and gut function. *Am J Clin Nutr* 80: 245-256.
7. Isolauri E, Sütas Y, Kankaanpää P, Arvilommi H, Salminen S. 2001. Probiotics: effects on immunity. *Am J Clin Nutr* 73: 444S-450S.
8. Meydani SN, Ha WK. 2000. Immunologic effects of yogurt. *Am J Clin Nutr* 71: 861-872.
9. Rim KH, Kim JG, Han JH. 1993. Effects of fermented milk on rats fed by hypercholesterolemic diet. *Kor J Env Hlth Soc* 19: 77-89.
10. Lee TK, Van Doan T, Yoo K, Choi S, Kim C, Park J. 2010. Discovery of commonly existing anode biofilm microbes in two different wastewater treatment MFCs using FLX Titanium pyrosequencing. *Appl Microbiol Biotechnol* 87: 2335-2343.
11. Hong SG, Chun S, Nam JS, Park YD, Bae KS. 2000. Phylogenetic analysis of genus *Sporobolomyces* based on partial sequences of 26S rDNA. *J Microbiol Biotechnol* 10: 363-366.
12. Kim TS, Kim HS, Kwon SD, Park HD. 2010. Analysis of bacterial community composition in wastewater treatment bioreactors using 16S rRNA gene-based pyrosequencing. *Korean J Microbiol* 46: 352-358.
13. Jung ES, Kim KH, Shin WC, Song KY, Yoon SS. 2004. Changes in acidity and distribution of the vancomycin-resistant lactic acid bacteria in the *Kimchi* fermented at different temperatures. *Korean J Microbiol Biotechnol* 32: 249-255.
14. Park EJ, Chun J, Cha CJ, Park WS, Jeon CO, Bae JW. 2011. Bacterial community analysis during fermentation of ten representative kinds of *kimchi* with barcoded pyrosequencing. *Food Microbiol* 30: 197-204.
15. Kim YS, Jung DY, Hwang YT, Uhm TB. 2011. Bacterial community profiling during the manufacturing process of traditional soybean paste by pyrosequencing method. *Korean J Microbiol* 47: 275-280.
16. Jung MJ, Nam YD, Roh SW, Bae JW. 2012. Unexpected convergence of fungal and bacterial communities during fermentation of traditional Korean alcoholic beverages inoculated with various natural starters. *Food Microbiol* 30: 112-123.
17. Ha SJ, Yang SG, In YW, Kim JJ, Oh SW. 2012. Changes in microbial and physicochemical properties of single-brewed *Makgeolli* by high hydrostatic pressure treatment during fermentation. *J Korean Soc Food Sci Nutr* 41: 1176-1181.
18. Mok C, Han J, Kim YJ, Kim NS, Kwon DY, Nam YJ. 1991. Lactic acid fermentation of rice and quality improvement by amylolytic enzyme treatment during fermentation. *Korean J Food Sci Technol* 23: 739-744.