

## DNA 기반 곰팡이 평가기법을 활용한 주택의 실내 곰팡이 노출수준 평가

황은설 · 서성철<sup>1</sup> · 이주영 · 류정민 · 권명희 · 정현미 · 조용민<sup>2</sup> · 이정섭\*

국립환경과학원 생활환경연구과, <sup>1</sup>울지대학교 보건환경안전학과, <sup>2</sup>(주)스마티브 생명환경연구소

### Evaluation of Indoor Mold Exposure Level in dwelling Using DNA-Based Mold Assessment Method

Eun-Seol Hwang · Sung Chul Seo<sup>1</sup> · Ju-Yeong Lee · Jung-min Ryu · Myung-Hee Kwon · Hyen-Mi Chung · Yong-Min Cho<sup>2</sup> · Jung-Sub Lee\*

Indoor Environment and Noise Research Division, National Institute of Environmental Research

<sup>1</sup>Department of Environmental Health and Safety, College of Health Industry, Eulji University

<sup>2</sup>Institute for Life and Environment Technology, Smartive Corporation

#### ABSTRACT

**Objective:** Allergic diseases such as asthma due to fungal exposure in houses have increased, and proper management is urgent. Mold can grow in the air, floor, walls, and other areas according to environmental conditions, and there are many limitations to the conventional methodology for examining fungal exposure. For this reason, the degree of fungal contamination is being evaluated by ERMI (Environmental Relative Moldiness Index), a quantitative analysis method proposed by the EPA. In this study, we compared ERMI values between water-damaged dwellings and non-damaged ones to evaluate the effectiveness of Korean ERMI values. We also explored the association of ERMI values with the level of airborne mold and characteristics of dwellings.

**Methods:** Floor dust was collected after installing a Dustream collector on the suction port of a vacuum cleaner. The collected samples were filtered to remove only 5 mg of dust, and DNA was extracted using the FastDNA SPIN KIT protocol.

**Results:** The ERMI values were found to be 19.6 (-6.9-58.8) for flooded houses, 7.5 (-29.2-48.3) for leaks/condensation, and 0.8 (-29.2-37.9) for non-damaged dwellings. The airborne concentration of mold for flooded, leakage or condensed, and non-damaged houses were 684 CFU/m<sup>3</sup>, 566 CFU/m<sup>3</sup>, and 378 CFU/m<sup>3</sup>, respectively. The correlation between ERMI values and the levels of airborne mold was low (R = 0.038), but a weakly significant association of the ERMI values with the concentration of particulate matter (PM<sub>10</sub>) was observed as well (R=0.231, P<0.05).

**Conclusions:** Our findings show that the reference value using ERMI can be used to distinguish water-damaged and non-damaged dwellings. It is believed that ERMI values could be a promising tool for assessing long-term fungal exposure in dwellings.

**Key words:** Airborne mold, condensation, ERMI (Environmental Relative Moldiness Index), floor dust, water damage

## I. 서 론


하루 시간 중 80% 이상을 실내에서 소비한다고 보고한 바와 같이(Ahn et al., 2017) 현대인들은 산업화와 도시집중화로 인해 대부분의 시간을 실내에서 보내고 있다. 이에 실내환경 오염에 따른 건강영향은 구


준히 늘고 있으며, 이에 대한 많은 사회적 관심과 대책이 제시되고 있는 실정이다. 하지만, 대부분의 실내오염의 경우 미세먼지, 휘발성유기화합물(Volatile Organic Compounds, VOCs), 라돈 등의 물리·화학적 유해인자에 대한 건강상의 우려 및 대책만 제시할 뿐, 세균, 곰팡이 등의 생물학적 유해인자 노출에 대한 관심과

\*Corresponding author: Jung Sub Lee, Tel: 032-560-8307, E-mail: ljsrex@korea.kr

National Institute of Environmental Research, 42 Hwankyungro, Seo-gu, Incheon 22689

Received: October 25, 2018, Revised: November 20, 2018, Accepted: December 7, 2018

 Eun-Seol Hwang <http://orcid.org/0000-0002-6147-2568>

 Jung-Sub Lee <http://orcid.org/0000-0001-5185-2113>

This is an Open-Access article distributed under the terms of the Creative Commons Attribution Non-Commercial License(<http://creativecommons.org/licenses/by-nc/3.0>) which permits unrestricted non-commercial use, distribution, and reproduction in any medium, provided the original work is properly cited.

대책은 매우 미약한 수준이다.

실내환경은 외부 공기의 순환이 제한적이고, 자외선에 대한 노출이 적어 상대적으로 미생물의 장기간 생존이 가능하다(Hwang et al., 2003). 사람이 생활하기에 적당한 온도와 산소가 유지되는 실내공기는 미생물이 자랄 수 있는 최적의 조건을 제공하기도 한다(Kim, 2014). 공기 중 미생물 번식에 영향을 주는 요소로는 기온, 상대습도, 영양물질 등이 있는데, 그 중 상대습도는 곰팡이 농도에 영향을 주는 가장 중요한 요인이다. 침수나 누수와 같은 피해로 습도가 증가한 경우에는 천장, 벽 등에 곰팡이 번식이 활발하게 되고, 이는 공기 중의 곰팡이 농도 또한 증가시키게 된다(Cho et al., 2013). 공기 중의 곰팡이는 포자형태로 부유하여 호흡기, 피부 등에 접촉하면 알레르기 질환이나 감염성 질환 등의 건강장해를 일으킬 수 있다. 또한 빨래를 건조시키는 방법이나 환기 횟수 등과 같은 거주자의 행동들도 곰팡이 번식을 야기 시킬 수 있으며(Moon et al., 2012), 부유하지 않는 곰팡이는 미관을 어지럽히고, 악취 등을 유발해 불쾌감을 유발하기도 한다.

일반적인 곰팡이를 측정하는 방법은, 일정 유량의 공기를 배지에 충돌시킨 후, 배양하여 자라난 집락수를 보정값으로 환산하여 평가하는 충돌법을 사용하지만, 이는 순간적인 농도를 평가하기에는 충분하나, 측정하고자 하는 장소의 장기적인 농도를 평가하기에는 무리가 있다. 배양을 통한 농도평가는 분석자의 분석 능력에 의존적이어서 재현성이 떨어진다는 우려와 함께, 사용된 배지나 온도에 따라 선택적으로 배양된다는 단점이 있다(Park, 2009). 또한 오염원에 따라 바닥, 천장, 벽 등 다양한 곳에 서식할 수 있고, 측정방법에 따라 다른 결과를 나타낼 수도 있다. 곰팡이는 포자형태로 존재하기 때문에 측정시기의 환경요인 영향을 많이 받으므로, 객관적이고 신뢰성을 가질 수 있는 측정방법이 요구된다.

이러한 이유로 미국, 핀란드, 싱가포르 등 선진국에서는 객관적이고 장기적인 곰팡이 노출을 평가할 수 있는 연구를 꾸준히 해오고 있다. 미국 EPA에서는 장기노출 지표인 바닥먼지를 이용한 정량분석방법(Mold Specific Quantitative Polymerase Chain Reaction, MSQPCR)으로, 수해를 입었던 주택의 곰팡이 군(Group I, 26종)과 그렇지 않은 주택의 곰팡이 군(Group II, 10종)을 구별하여, 두 그룹간의 차이를 통해 곰팡이 오염여부를 파악할 수 있는 지수(Environmental Relative Moldiness Index,

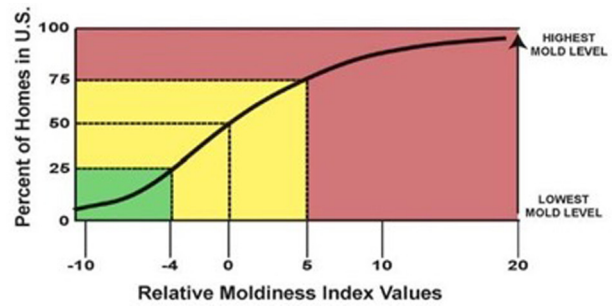


Figure 1. EPA ERM graph and evaluation standard

ERM)를 개발 하고(Vesper et al., 2007) 평가기준을 마련하였다(Figure 1).

국내에서도 공기 중 부유곰팡이 측정의 한계를 극복하고자 한국형 ERM 개발 연구를 진행해오고 있다. Lee et al.(2017) 연구에 따르면 국내에서도 미국, 프랑스 등의 선진국 수준의 DNA 기반 평가 방법의 적용이 가능하다고 보고하고 있다. 하지만, 여전히 한국 특성에 맞는 곰팡이 종 분석 및 ERM 값을 이용한 누수 또는 결로 등의 물피해가 있는 주택을 평가하기에는 한계가 있다고 여겨진다. 이에 본 연구에서는 한국형 ERM 값의 효용성 평가를 위해 물피해(water damaged)가 있는 주택과 그렇지 않은 주택과의 ERM 값을 비교하였고, 아울러 산정된 ERM 값을 이용하여 주택 내 곰팡이 노출 수준을 평가 및 여러 환경특성과 ERM 값과의 상관성을 분석하고자 하였다.

## II. 대상 및 방법

### 1. 연구 대상

본 연구는 2016년 05월에서 2018년 2월까지 진행하였으며, 지자체의 협조를 통해 서울·인천·경기 및 부산지역에서 침수주택(33세대), 누수/결로(33세대), 일반주택(60세대) 모집을 통해 총 126세대를 대상으로 조사를 실시하였다. 시료채취는 장마 전(5-6월)과 장마 후(9-10월)에 실시하였고, 바닥먼지, 부유곰팡이, 미세먼지(PM10, PM2.5), 온·습도와 함께 채취하였다. 설문을 통해 주택유형, 건축년도, 곰팡이 발생여부 등과 같은 환경조건도 함께 조사하였다.

### 2. 연구 방법

#### 1) 환경요인 측정 및 분석

공기 중 곰팡이 측정은 포자채집기(MAS-100, Merck,

Germany)를 사용하였고, MEA(Malt Extract Agar) 배지를 이용하여 실내공기질 공정시험기준에 따라 충돌법으로 측정하였다. 외부공기를 차단하기 위해 실내를 밀폐한 후, 바닥에서 1.5 m 떨어진 높이에서 100 L/min 유량으로 1분 동안 흡입하였고, 20분 간격으로 총 3회 실시하였다. 시료채취가 완료된 배지는 25 °C에서 120시간동안 배양하였고, 24시간 경과 시마다 집락수를 계수하였으며, positive hole conversion 표를 이용하여 집락수를 보정한 후, 공기의 단위 체적당 균수(CFU/m<sup>3</sup>, Colony Forming Unit)로 산출하였다.

미세먼지 측정은 부유분진채집기(LD-5, Sibata, Japan)를 이용하여 광산란방식으로 측정하였으며, 1.7 L/min 유량으로 흡입하였다. 측정 전 Background와 산란판 보정 후 1분 간격으로 60분간 채취한 후, 60분간 평균 농도로 계산하였다. 온·습도 측정은 (Tremo recorder TR-72wf, T&D corporation, Japan)를 이용하여, 1분 간격으로 60분간 저장 후, 60분간 평균으로 계산하였다.

## 2) 바닥먼지 측정 및 분석

바닥먼지는 진공청소기(S6210, Miele, Germany) 흡입구에 dustream collector(Indoor biotechnology, USA) 장착 후, collector에 가득 차도록 포집하였다. 포집된 시료는 필터를 통해 온전히 5 mg 먼지만을 걸러낸 후, 제시된 Protocol(FastDNA SPIN KIT, MP Biomedicals, USA)을 참조하여 DNA를 추출하였다. EPA ERMI 곰팡이 36종을 정량분석하기 위해 표준균주의 primer와 probe는 EPA에서 제시한 대로 염기서열을 제작하였다(Table 3). DNA 증폭은 qPCRBIO probe mix Lo-ROX9 (PCRBio systems, England)를 이용하였고, 각 균주에 해당하는 forward, reverse primer 1  $\mu$ l(10 pmol), probe 1  $\mu$ l(5 pmol), template를 넣어 최종 부피(volume)는 20  $\mu$ l를 맞췄다. 사용한 PCR 기기는 rotor-Gene 3000(Corbett, Qiagen, Germany)이고, 실험조건은 pre Denaturation(95 °C, 2min) 진행 후, Denaturation(95 °C, 10sec) 단계 후, Annealing/Extention(58 °C, 30sec) 순서로 총 40 Cycle 수행하였다. 분석된 곰팡이 양은 바닥먼지 mg당 곰팡이 셀 수의 로그값으로 산출한 후, 물피해 주택에서 검출되는 곰팡이 군(Group I)에서 일반주택에서 검출되는 곰팡이 군(Group II)을 뺀 값으로 ERMI를 산정하였다.

## 3) 통계 방법

산출된 ERMI 수치를 주택유형별(flooded, water leaked

or condensed, non-water damaged)로 비교하기 위하여 일원배치분석(ANOVA)을 수행하였다. 또한 ERMI 수치와 관련된 각각의 연속형 변수 간의 상관분석을 위하여 Pearson's correlation coefficient를 산출하였다. 통계 프로그램은 SPSS Version 20을 사용하였으며, 95% 신뢰수준 하에서 통계적 유의성을 검정하였다.

## III. 연구결과

### 1. 주택유형별 ERMI 노출수준

대상주택의 바닥먼지 중 ERMI를 평가하기 위해, EPA 분석방법을 적용하여 36종 곰팡이를 정량분석 하였으며, *Wallemia sebi*, *Stachybotrys chlorohalonata* 등 10종은 표준균주의 증폭이 원활하게 이루어지지 않아서 *Cladosporium sphaerospermum* 종을 이용하여 정량하였다.

먼지 mg당 곰팡이 셀 수의 로그값으로 산출한 후,  $\Sigma$ Group I 과  $\Sigma$ Group II의 차이로 계산된 주택유형별 ERMI 결과는, 침수주택(19.6), 누수/결로(7.5), 일반주택(0.8)로 Figure 2(a)와 같다. 특히 침수 및 누수/결로 주택(이하 물피해 주택)으로 합산한 ERMI 값은 10.7로 나타났다(Figure 2(b)). 침수주택의 ERMI 값은 누수/결로 ( $P=0.0032$ ) 및 일반주택( $P<0.0001$ )에 비해 각각 통계적으로 유의한 것으로 나타났으며, 일반주택과의 차이가 더 큰 것으로 분석되었다. 유사하게 물피해 주택과 일반주택과의 ERMI 값도 통계적으로 유의함을 확인하였다( $P<0.0001$ ).

### 2. 주택유형별 부유곰팡이 노출수준

바닥먼지 내 ERMI 지수와 비교하고자 부유곰팡이의 농도수준을 알아보았다. 실내공기질 공정시험기준에 따라 충돌법으로 측정한 부유곰팡이 농도는 침수주택(684 CFU/m<sup>3</sup>), 누수/결로(566 CFU/m<sup>3</sup>), 일반주택(378 CFU/m<sup>3</sup>) 순으로 나타났다(Figure 3). 침수주택과 누수/결로주택은 실내공기질 공정시험기준인 500 CFU/m<sup>3</sup>를 초과하였으며, 물피해 주택 또한 625 CFU/m<sup>3</sup>으로 기준(500 CFU/m<sup>3</sup>)을 초과하였다. 일반주택의 경우, 침수주택( $P=0.0045$ )보다 유의하게 낮은 농도를 보였고, 누수/결로 ( $P=0.056$ )와 비교했을때도 낮았으나 통계적으로 유의하지는 않았다(Figure 3(a)). 물피해 주택과 일반주택으로 비교해 본 결과 또한 통계적으로 유의한 차이를 나타냈다( $P=0.004$ )(Figure 3(b)).

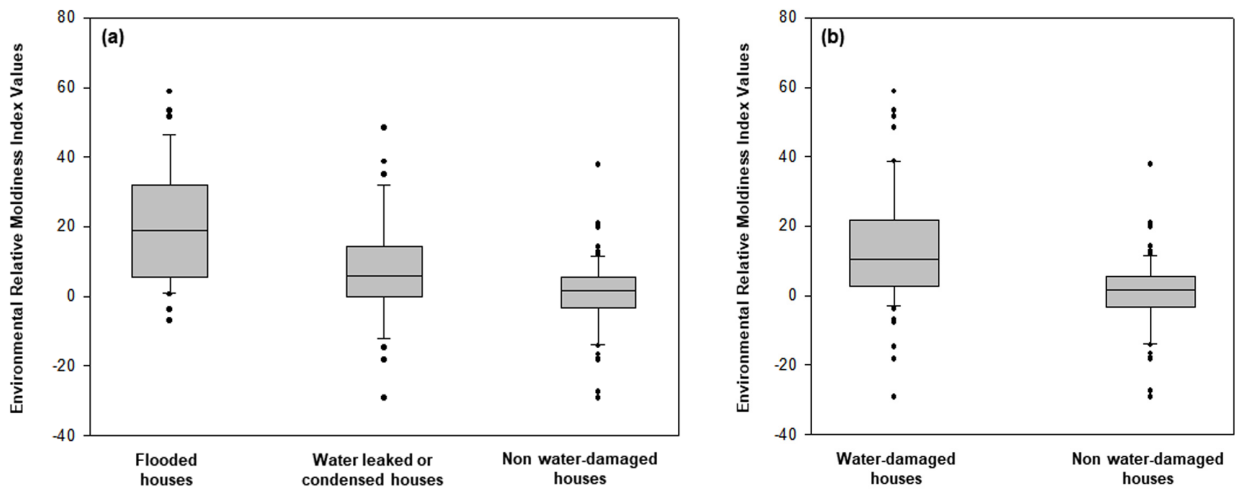


Figure 2. The levels of ERMI by each dwelling type: (a) Flooded, leaked, and non-damaged dwellings, respectively (b) Water-damaged and non-damaged dwellings, respectively

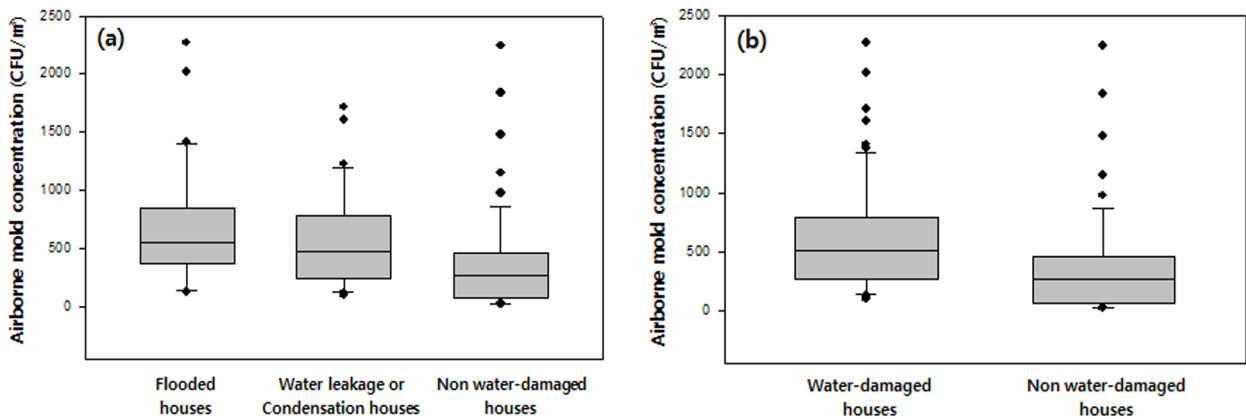


Figure 3. The levels of airborne mold by each dwelling type: (a) Flooded, leaked, and non-damaged dwellings, respectively (b) Water-damaged and non-damaged dwellings, respectively

### 3. 바닥면지 내 곰팡이의 cell 수

바닥면지 내 ERMI 36종의 곰팡이 cell수를 나타낸 정량분석 결과는 Table 1과 같다. 침수 및 누수/결로 주택과 같은 물피해 주택에서는 주로 *Aspergillus restrictus*, *Aspergillus versicolor*, *Wallemia sebi*, *Cladosporium cladosporioides* type 2, *Penicillium chrysogenum* type 2 가 높게 나타났으며, 일반주택에서는 *Scopulariopsis brevicaulis*, *Paecilomyces variotii* 종이 높게 나타났다.

### 4. 환경요인과의 상관성 분석

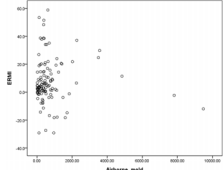
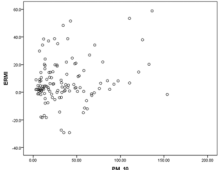
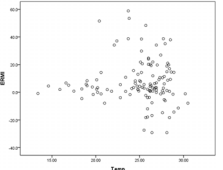
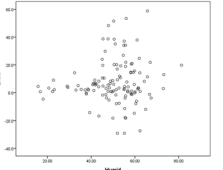
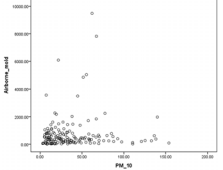
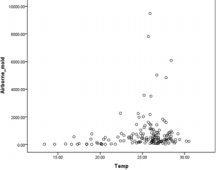
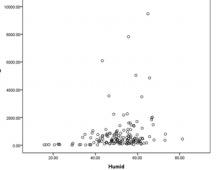
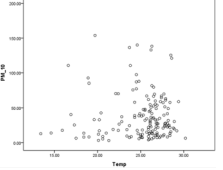
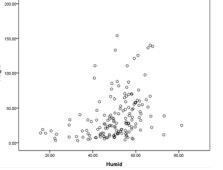
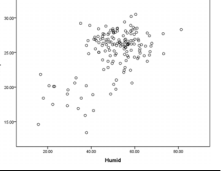
바닥면지의 ERMI 수치와 여러 환경 요인들의 관계

를 알아보려고 상관분석을 실시하였다. 본 연구 결과 (Figure 2, 3)를 참조해 봤을 경우, ERMI 수치와 부유곰팡이는 상관성이 높을 것이라 예상했지만, 분석결과 높은 상관성을 보이지는 않았다( $R=0.038$ ). 하지만, 미세먼지와는 작지만 상관성이 있다고 나타났으며 ( $R=0.231$ ), 통계적으로도 유의( $P<0.05$ )하다고 조사되었다. 또한 부유곰팡이의 경우 공기 중 포자로 존재하기 때문에 미세먼지와 높은 상관성을 예측했지만 높지 않은 상관성을 나타냈다( $R=0.062$ ). 반면, 실내습도의 경우 부유곰팡이, 미세먼지, 실내온도와 약하지만 양의 상관관계를 가지며, 통계적으로 유의( $P<0.01$ )하다고 조사되었다.

**Table 1.** Mold cell amount of ERMI species by dwelling type

Species	Dwelling type	Cell/mg dust		
		Flooded	Water leakage /Condensation	Non water-damaged
<b>Group I (26 Species)</b>				
<i>Aspergillus flavus</i>		473.4	4.8	142.9
<i>Aspergillus fumigatus</i>		0.3	0.3	0.3
<i>Aspergillus niger</i>		7,201.3	97.0	1,471.0
<i>Aspergillus ochraceus</i>		1,004.4	69.2	9.7
<i>Aspergillus penicillioides</i>		170.4	55.7	53.7
<i>Aspergillus restrictus</i>		558,315.5	4,452.0	3,055.5
<i>Aspergillus sclerotiorum</i>		5,931.5	8.7	0.1
<i>Aspergillus sydowii</i>		36,807.3	333.4	512.2
<i>Aspergillus unguis</i>		627,960.7	77.5	10.9
<i>Aspergillus versicolor</i>		2,212,500.4	93,909.8	2,566.4
<i>Aureobasidium pullulans</i>		0.2	0.8	0.9
<i>Chaetomium globosum</i>		2,404.3	343.2	1.7
<i>Cladosporium sphaerospermum</i>		5,500,216.6	1,897.9	227.8
<i>Eurotium group</i>		40,738.8	3,124.1	506.7
<i>Paecilomyces variotii</i>		8.4	6.2	3,393.2
<i>Penicillium brevicompactum</i>		742.8	8,797.0	2,256.7
<i>Penicillium corylophilum</i>		2.9	3.8	0.0
<i>Penicillium spinulosum</i>		0.6	1.7	1.5
<i>Penicillium crustosum</i>		17,332.0	325.2	56.8
<i>Penicillium purpurogenum</i>		435.0	839.4	0.8
<i>Penicillium variable</i>		58,141.4	3,570.7	2.5
<i>Scopulariopsis brevicaulis</i>		745.2	83.6	12,152.3
<i>Scopulariopsis chartarum</i>		56,309.1	3,224.7	2,799.0
<i>Stachybotrys chlorohalonata</i>		507.6	5.2	1.4
<i>Trichoderma viride</i>		0.0	0.0	0.0
<i>Wallemia sebi</i>		2,045,748.2	213,566.0	142.7
<b>Group II (10 Species)</b>				
<i>Acremonium strictum</i>		434.9	0.5	0.1
<i>Alternaria alternata</i>		90.3	16.9	69.7
<i>Aspergillus ustus</i>		365.9	1.4	0.5
<i>Cladosporium cladosporioides type 1</i>		719.0	202.2	138.9
<i>Cladosporium cladosporioides type 2</i>		23,391.8	445.7	20.1
<i>Cladosporium herbarum</i>		28.7	0.6	1.5
<i>Epicoccum nigrum</i>		0.0	0.1	0.6
<i>Mucor amphibiorum</i>		253.8	5.9	1.8
<i>Penicillium chrysogenum type 2</i>		436,480.2	36,655.7	125.2
<i>Rhizopus stolonifer</i>		3.7	0.0	1.1

Table 2. Correlation between environmental factors

	ERMI	Airborne mold	PM10	Temperature	Humidity
ERMI	1				
Airborne mold	0.038	1			
PM10	0.231*	0.062	1		
Temperature	-0.018	0.153	0.006	1	
Humidity	0.103	0.234**	0.368**	0.536**	1

\* p-value<0.05; \*\* p-value<0.01 by Pearsons correlation test

#### IV. 고 찰

EPA에서 개발한 ERMI 지수는 미국 내 주택 1,700 세대의 분포패턴을 파악하여 25%, 50%, 75%값에 해당하는 지수를 토대로 4단계로 구분한 후 곰팡이 오염도를 평가한다. EPA ERMI 지수를 활용하여 노출수준을 산출한 결과, 침수주택이 19.6(-6.9~58.8)으로 가장 높은 지수를 보였고, 누수/결로 7.5(-29.2~48.3), 일반주택 0.8(-29.2~37.9)로 확인하였다. 이는 주택형태, 주거문화 등이 달라 직접적인 비교는 어려우나 프랑스 40세대에서 조사한 -2.7에서 28.8의 결과와(Delphine et al., 2012), 2014년에 천식환자가 있는 대만의 가정에서 조사한 14.9~37.7 결과보다 넓은 분포를 보였다(Chen et al., 2015).

또한, ERMI 평가기준에서 오염도가 높다고 판단한 Level 4 (ERMI: 5이상) 이상의 비율 또한 침수주택이 75.8%로 가장 높았으며, 누수/결로(51.5%), 일반주택(26.7%) 순으로 나타나, 물피해가 있었던 주택들이 높

은 ERMI를 보였다. 그러나, EPA의 평가기준을 국내 주택에 적용할 경우, 일반주택(0.8)도 중간이상(Level 3)의 오염도를 나타내어, 곰팡이 오염수준이 과대평가 되는 경향을 보였다.

또한, 공정시험기준에 따라 총돌법으로 측정된 부유곰팡이 농도를 살펴보면, 침수주택(684 CFU/m<sup>3</sup>), 누수/결로(566 CFU/m<sup>3</sup>), 일반주택(378 CFU/m<sup>3</sup>) 순으로 나타났으며, 기준농도(500 CFU/m<sup>3</sup>)를 초과하는 주택 또한 침수주택 55%, 누수/결로 45%, 일반주택 20% 순으로 나타났다. 이러한 결과로 판단해 볼 때, 공기 중 부유하고 있는 곰팡이 농도가 높을수록 바닥면지의 ERMI 지수 또한 높아질 것이라 예측하였으나, 상관성은 높지 않았다( $R=0.038$ )(Table 3). 미세면지와는 상관관계가 크지 않으나( $R=0.231$ ), 통계적으로 유의하다고 나타났다( $P<0.05$ ).

실내 부유곰팡이 농도는 실외 농도와 상관성이 높다고 알려져 있으며(Hargreaves et al., 2003), Kim et al. (2001)의 실내외 포자수의 관계의 연구결과에 따르면,

실내포자수는 실외포자수와 상관관계가 있고( $R=0.72$ ), 통계적으로 유의하다고 하였으며( $P<0.05$ ), 실내 공기 중의 포자종류와 분포 순서 또한 실내외 유사하다고 하였다. 이처럼 실내 부유곰팡이는 포자 형태로 존재하기 때문에 거주자 특성, 생활환경 등 실내적인 요소 뿐만 아니라, 실외로부터 유입되는 경우가 크기 때문에 미세먼지가 높은 날씨에는 환기정도를 조절하는 등의 관리가 필요하다고 생각된다.

반면, 실내습도는 부유곰팡이( $R=0.234$ ), 미세먼지( $R=0.368$ ), 실내온도( $R=0.536$ )와 작지만 양의 상관관계를 가지며, 통계적으로 유의( $P<0.01$ )하게 조사되었다. 이는 습도와 부유곰팡이의 경우 상관관계는 높지 않으나( $R=0.248$ ), 통계적으로 유의하다고 하다고( $P<0.05$ ) 보고한 국립환경과학원의 조사결과(Kim et al., 2015)와, 실내습도와 배양가능한 곰팡이 농도의 상관관계수는  $R=0.28$  이라고 보고한 결과(Garrett et al., 1998)와 유사하였다.

바닥 먼지 중에 함유된 36종 곰팡이 양(cell/mg dust)은 일반주택(29,726 cell)에 비해 침수주택은 약 390배, 누수/결로 주택은 약 13배 높은 수준을 보였다. cell/mg이 높은 종을 살펴보면, 침수 및 누수/결로 주택에서는 *Aspergillus restrictus*, *A. versicolor*, *Wallemia sebi* 등이 있었고, 일반주택에서는 *Scopulariopsis brevicaulis*, *Paecilomyces variotii* 종이 높게 나타났다. 이는 *A. restrictus*, *Penicillium brevicompactum* 등이 높게 측정된 핀란드의 연구결과와 비슷하였고(Taubel et al., 2016), *A. versicolor*, *Eurotium group*, *Wallemia sebi* 가 높은 농도를 보인 미국의 조사결과와 유사하였다(Vesper et al., 2013).

그 외에 Group I의 *Aspergillus fumigatus*, *Aureobasidium pullulans*, *Penicillium corylophilum*, *Penicillium spinulosum*, *Trichoderma viride* 종과, Group II의 *Epicoccum nigrum*, *Rhizopus stolonifer* 종은 10cell 이하로 검출되었는데, 함유량이 적은 종을 제외한 후 분석한다면 비용과 시간면에서 절약될 수 있을 것이라 사료된다.

또한, ERMI 지수는 미국에서 천식환자가 있는 주택의 곰팡이 오염도와 천식 위험도를 파악하는데 주로 이용하고 있으며(Vesper et al., 2011), 프랑스(Delphine et al., 2012), 핀란드(Taubel et al., 2016), 싱가포르(Goh et al., 2014) 등 다양한 나라에서 각국의 환경조건 맞게 ERMI 지수를 변형하여 곰팡이 피해를 평가할 수 있는 척도로 활용하고 있다. 추가 연구를 통해 검출량이 적

거나 빈도율이 낮은 종들을 제외한 후, 국내 실정에 적합한 지수를 도출한다면 곰팡이 오염도를 평가하고 예측할 수 있는 방법으로 쓰일 수 있으리라 판단된다.

외기에 존재하는 곰팡이 영향에 의해, 곰팡이 농도를 통한 실내 오염도를 평가하기란 쉽지 않다. 특히 전통적으로 사용해온 충돌, 배양법에 기반한 공기 중 곰팡이 수준 평가는 이들 방법이 가지는 여러 가지 한계로 인해, 건강영향 등을 평가하는데 있어 기초자료로서의 한계점이 많은 것은 잘 알려져 있다. 이에 본 연구에서 수행한 바닥먼지 내 곰팡이 수준에 기반한 물피해 주택을 평가하는 방법은 기존의 평가 방법을 보완 할 수 있을 뿐만 아니라, 물피해 여부 등 사전에 손쉽게 모니터링 할 수 있는 수단으로 사용가능하기 때문에 습기차단 등을 통한 곰팡이 번식 억제는 사람들의 건강을 보호하고, 주택의 피해를 최소화 할 수 있을 것으로 기대 된다. 아울러 DNA 기반의 평가 방법의 객관성 확보 및 시간·노력 등을 최소화 할 수 있는 현장평가 방법의 개발 기초자료로서의 활용성이 매우 클 것으로 여겨진다.

## V. 결 론

공기 중 곰팡이 농도는 외기 등의 영향과 평가방법 자체의 한계로 인해 물피해 주택에 대한 적절한 평가가 어렵다. 이는 본 연구결과에서 알 수 있듯이 곰팡이 농도만으로는 물피해 주택과 그렇지 않은 주택을 구분하는데 통계적 유의성을 확보하지 않은 점으로 확인되었다. 다만, 중간값 등의 대푯값을 이용한 결과에서는 차이점을 보여서, 기존 방법의 장점 역시 볼 수 있었다 여겨진다. 보다 중요한 결과로는 산정된 ERMI를 이용한 기준 값이 침수 혹은 누수/결로 주택과 일반주택의 곰팡이 농도 수준을 구별 할 수 있었다는 이다. 이는 ERMI 지수를 이용하여 주택의 곰팡이 노출 수준을 평가하는 방법의 효용성이 높다 여겨진다. 즉, 기존의 공정시험법상의 평가 방법과 이를 병행 한다고 하면 공기 중 곰팡이 노출 수준 평가가 가지는 한계점을 극복 할 수 있을 것으로 여겨진다.

결론적으로 ERMI를 이용한 평가 방법은 곰팡이 노출에 대한 사전적 예방 단계에서 적용될 수 있을 것으로 기대된다. 특히 곰팡이 노출에 따른 건강영향 평가 및 다중이용시설 등의 상시적 모니터링 기법 개발에 있어서 본 연구 결과가 중요한 근거자료로 활용될

수 있을 것으로 기대된다. 다만, 현장에서 바로 측정하거나, 분석을 위한 일정량 이상의 바닥먼지 채집에 소요되는 비용 및 노고를 줄일 수 있는 방법에 대한 지속적인 연구 등이 필요할 것으로 여겨진다.

## 감사의 글

이 연구는 2017년 국립환경과학원에서 수행한 “생활환경 곰팡이 평가방법 개발연구(II) (NIER-RP2017-177)”의 일부 연구결과입니다.

## References

- Ahn GR, Kim BY, Kim JE, Son BS, Park MK, Kim SY, Kwon HY, Kim SH. Study on Sampling Method for Mold from Indoor Air in Domestic Environment. *J Korean Odor Indoor Environ* 2017;16(1):47-53
- Cho YM, Ryu SH, Choi MS, Seo SC, Choung JT, Choi JW. Airborne Fungi Concentrations and Related Factors in the Home. *J Korean Environ Health* 2013;39(5):438-446
- Chen CH, Chao HJ, Shen WC, Chen BY, Lin KT, Guo YL, Vesper S. Pilot Study of Mold in House of Asthmatic Children in Taipei, Taiwan, using the Environmental Relative Moldiness Index. *J Aerobiologia* 2015;31(2) 213-218
- Delphine M, Jean-Pierre G, Tiuna R, Larry W, Steohen V, Pierre LC. Correlation between ERMI values in French dwellings and other measures of fungal contamination. *J Sci Total Environ* 2012;438(1):319-324
- Garrett MH, Rayment PR, Hooper MA, Abramson MJ, Hooper BM. Indoor airborne fungal spores, house dampness and associations with environmental factors and respiratory health in children. *J Clin Exp Allergy* 1998;28(4):459-467
- Goh V, Yap HM, Gutierrez RA, Ng LC, Vesper SS. DNA-Based Analyses of Molds in Singapore Public Buildings Results in a Proposed Singapore Environmental Relative Moldiness Index. *J Trop Biomed* 2014;31(4):663-669
- Hargreaves M, Parappukkaran S, Morawska L, Hitchins J, Je C, Gilbert D. A Pilot Investigation into Associations between Indoor Airborne Fungal and Non-biological Particle Concentrations in Residential Houses in Brisbane, Australia. *J Sci Total Environ* 2003;312(1): 89-101
- Hwang KH, Lee AM, Shin HJ, Kim JS. Seasonal Monitoring of Airborne Microbial Concentrations in Kindergartens. *J Korean Microbiology* 2003;39(4):253-259
- Kim CH, Choi JY, Shon MH, Lee KE, Kim KE, Lee KY. Distribution of Fungus in the Air of Outdoor and Indoor Environments from September to November 1999 in Seoul, Korea. *J Korean Asthma Allergy Clin Immunol* 2001;21(5):970-976
- Kim MK. Determinations of total culturable bacteria in the university spaces. *J Korean Soc of Environ Administ* 2014;20(2):43-48
- Kim SY et al. A study on the microbial management of living space air quality (II). National institute of environmental research(NIER-RP2015-335); 2015. p. 28-29
- Lee JS et al. Development of DNA-Based Assessing Method for Fungi in Dwellings(II). National institute of environmental research(NIER-RP2017-177); 2017. p. 27-28
- Moon HJ, An KA, Choi MS. The Status and Causes of Indoor Airborne Microorganisms Activities in Residential Buildings. *J Korean Soc Living Environ Sys* 2012;19(6): 669-675
- Park JH. Exposure Assessment of Biological Agents in Indoor Environments. *J Korean Environ Health Sci* 2009;35(4): 239-248
- Taubel M, Karvonen AM, Reponen T, Hyvarinen A, Vesper S, Pekkanen J. Application of the Environmental Relative Moldiness Index in Finland. *J Appl Environ Microbiol* 2016;82(2):578-584
- Vesper S, McKinstry C, Haugland R, Wymer L, Bradham K, Ashley P, Cox D, Dewalt G, Friedman W. Development of an Environmental Relative Moldiness Index for US Homes. *J Occup Environ Med* 2007;49(8):829-833
- Vesper S, Wakefield J, Ashley P, Cox D, Dewalt G, Friedman W. Geographic Distribution of Environmental Relative Moldiness Index Molds in USA Homes. *J Environ Public Health* 2011;1242457:1-11
- Vesper S, Barnes C, Ciaccio CE, Johanns A, Kennedy K, Murphy JS, Alvarez AN, Sandel MT, Cox D, Dewalt G, Ashley PJ. Higher Environmental Relative Moldiness Index(ERMI) Values Measured in Homes of Asthmatic Children in Boston, Kansas city, and San Diego. *J Asthma* 2013;50(2):155-161



부 록

Table 3. Primers and probes for target species

	Species	Sequence
Group I	1 <i>Aspergillus flavus</i>	
	Forward primer	5'-CGAGTGTAGGGTTCCTAGCGA-3'
	Reverse primer	5'-CCGGCGGCCATGAAT-3'
	Probe	5'-TCCCACCCGTGTTTACTGTACCTTAGTTGCT-3'
	2 <i>Aspergillus fumigatus</i>	
	Forward primer	5'-GCCCCCGGTTTCGAC-3'
	Reverse primer	5'-CCGTTGTTGAAAGTTTTAACTGATTAC-3'
	Probe	5'-CCCCGCCAAGACCCCAACATG-3'
	3 <i>Aspergillus niger</i>	
	Forward primer	5'-GCCGGAGACCCCAACAC-3'
	Reverse primer	5'-TGTTGAAAGTTTTAACTGATTGCATT-3'
	Probe	5'-AATCAACTCAGACTGCACGCTTTCAGACAG-3'
	4 <i>Aspergillus ochraceus</i>	
Forward primer	5'-AACCTCCCACCCGTGTATACC-3'	
Reverse primer	5'-CCGGCGAGCGCTGTG-3'	
Probe	5'-ACCTTGTTGCTTCGGCGAGCCC-3'	
5 <i>Aspergillus penicillioides</i>		
Forward primer	5'-CGCCGGAGACCTCAACC-3'	
Reverse primer	5'-TCCGTTGTTGAAAGTTTTAACGA-3'	
Probe	5'-TGAACACTGTCTGAAGGTTGCAGTCTGAGTATG-3'	
6 <i>Aspergillus restrictus</i>		
Forward primer	5'-GGGCCCCCCTTCAT-3'	
Reverse primer	5'-GTTGTTGAAAGTTTTAACGATTTTTCT-3'	
Probe	5'-CCCGCCGGAGACTCCAACATTG-3'	
7 <i>Aspergillus sclerotiorum</i>		
Forward primer	5'-ATTACTGAGTGAGGGTCCCTCG-3'	
Reverse primer	5'-CCTAGGGAGGGGGGTTTGA-3'	
Probe	5'-CCCGCCGAAGCAACAAGGTACG-3'	
8 <i>Aspergillus sydowii</i>		
Forward primer	5'-CAACCTCCCACCCGAGAA-3'	
Reverse primer	5'-CCATTGTTGAAAGTTTTGACTGATcTTA-3'	
Probe	5'-AGACTGCATCACTCTCAGGCATGAAGTTCAG-3'	
9 <i>Aspergillus unguis</i>		
Forward primer	5'-CAACCTCCCACCCCTGAATACT-3'	
Reverse primer	5'-TCACTCTCAGGCATGAAGTTCAG-3'	
Probe	5'-CACTGTTGCTTCGGCGAGGAGCC-3'	
10 <i>Aspergillus versicolor</i>		
Forward primer	5'-CGGCGGGGAGCCCT-3'	
Reverse primer	5'-CCATTGTTGAAAGTTTTGACTGATcTTA-3'	
Probe	5'-AGACTGCATCACTCTCAGGCATGAAGTTCAG-3'	
11 <i>Aureobasidium pullulans</i>		
Forward primer	5'-GATCATTAAGAGTAAGGGTGCTCA-3'	
Reverse primer	5'-GCTCGCCTGGGACGAATC-3'	
Probe	5'-CGCCCGACCTCCAACCCTTTG-3'	
12 <i>Chaetomium globosum</i>		
Forward primer	5'-CCGCAGGCCCTGAAAAG-3'	
Reverse primer	5'-CGCGGCGCGACCA-3'	
Probe	5'-AGATGTATGCTACTACGCTCGGTGCGACAG-3'	
13 <i>Cladosporium sphaerospermum</i>		
Forward primer	5'-ACCGGCTGGGTCTTTTCG-3'	
Reverse primer	5'-GGGGTTGTTTTACGGCGTG-3'	
Probe	5'-CCCGCGCACCCTTAGCGA-3'	

	Species	Sequence
Group I	14 <i>Eurotium group</i>	
	Forward primer	5'-GTGGCGGCACCATGTCT-3'
	Reverse primer	5'-CTGGTTAAAAAGATTGGTTGCGA-3'
	Probe	5'-CAGCTGGACCTACGGGAGCGGG-3'
	15 <i>Paecilomyces variotii</i>	
	Forward primer	5'-CGAAGACCCCTGGAACG-3'
	Reverse primer	5'-GTTGTTGAAAGTTTTAATTGATTGATTGT-3'
	Probe	5'-CTCAGACGGCAACCTTCCAGGCA-3'
	16 <i>Penicillium brevicompactum</i>	
	Forward primer	5'-GGCGAGCCTGCCTTTTG-3'
	Reverse primer	5'-GATCCGTTGTTGAAAGTTTTAAATAATTTATA-3'
	Probe	5'-CTCGCCGAAGACACCTTAGAACTCTGTCTGA-3'
	17 <i>Penicillium corylophilum</i>	
	Forward primer	5'-GTCCAACCTCCCACCCA-3'
	Reverse primer	5'-GCTCAGACTGCAATCTTCAGACTGT-3'
	Probe	5'-CTGCCCTCTGGCCCCGCG-3'
	18 <i>Penicillium crustosum</i>	
	Forward primer	5'-CGGGCCCGCCTTAAC-3'
	Reverse primer	5'-GAAAGTTTTAAATAATTTATATTTTCACTCAGAGTT-3'
	Probe	5'-CGCGCCCGCCGAAGACA-3'
	19 <i>Penicillium purpurogenum</i>	
	Forward primer	5'-AGGATCATTACTGAGTGCGGA-3'
	Reverse primer	5'-GCCAAAGCAACAGGGTATTC-3'
	Probe	5'-CCCTCGCGGTCCAACCTCC-3'
	20 <i>Penicillium spinulosum</i>	
	Forward primer	5'-CATTACTGAGTGAGGGCCCTCT-3'
Reverse primer	5'-CGTGAGGCGGgGCA-3'	
Probe	5'-CCAACCTCCCACCCGTG-3'	
21 <i>Penicillium variabile</i>		
Forward primer	5'-TTACCGAGTGCGGGTTCtAA-3'	
Reverse primer	5'-CGAGGCAACGCGGTAAC-3'	
Probe	5'-CCAACCTCCCACCCGTG-3'	
22 <i>Scopulariopsis brevicaulis</i>		
Forward primer	5'-CCCCTGCGTAGTAGATCCTACAT-3'	
Reverse primer	5'-TCCGAGGTCAAACCATGAAATA-3'	
Probe	5'-TCGCATCGGGTCCCGGCG-3'	
23 <i>Scopulariopsis chartarum</i>		
Forward primer	5'-CCCCCTGCGTAGTAGTAAAGC-3'	
Reverse primer	5'-TCCGAGGTCAAACCATCAAG-3'	
Probe	5'-TCGCATCGGGTCCCGGCG-3'	
24 <i>Stachybotrys chartarum</i>		
Forward primer	5'-TCCCAAACCCTTATGTGAACC-3'	
Reverse primer	5'-GTTTGCCACTCAGAGAATACTGAAA-3'	
Probe	5'-CTGCGCCCGGATCCAGGC-3'	
25 <i>Trichoderma viride</i>		
Forward primer	5'-CCCAAACCCAATGTGAACCA-3'	
Reverse primer	5'-TCCGCGAGGGGACTACAG-3'	
Probe	5'-CCAAACTGTTGCCTCGGCGGG-3'	
26 <i>Wallemia seb</i>		
Forward primer	5'-GGCTTAGTGAATCCTTCGGAG-3'	
Reverse primer	5'-GTTTACCCAACCTTTCAGTCCA-3'	
Probe	5'-TGTGCCGTTGCCGGCTCAAATAG-3'	

	Species	Sequence
Group II	27 <i>Acremonium strictum</i>	
	Forward primer	5'-CAACCCATTGTGAACTTACCAAAC-3'
	Reverse primer	5'-CGCCCCTCAGAGAAATACGATT-3'
	Probe	5'-TCAGCGCGCGGTGGCCTC-3'
	28 <i>Alternaria alternata</i>	
	Forward primer	5'-GGCGGGCTGGAACCTC-3'
	Reverse primer	5'-GCAATTACAAAAGGTTTATGTTTGTGCGTA-3'
	Probe	5'-TTACAGCCTTGCTGAATTATTCACCCCTTGCTTT-3'
	29 <i>Aspergillus ustus</i>	
	Forward primer	5'-AAGGATCATTACCGAGTGCA <sub>t</sub> GT-3'
	Reverse primer	5'-GCCGAAGCAACGTTGGTC-3'
	Probe	5'-CCCCCGGGCAGGCCTAACC-3'
	30 <i>Cladosporium cladosporioides</i> type 1	
	Forward primer	5'-CATTACAAGTGACCCCGGTCTAAC-3'
	Reverse primer	5'-CCCCGGAGGCAACAGAG-3'
	Probe	5'-CCGGGATGTTTCATAACCCTTTGTTGTCC-3'
31 <i>Cladosporium cladosporioides</i> type 2		
Forward primer	5'-TACAAGTGACCCCGGTACG-3'	
Reverse primer	5'-CCCCGGAGGCAACAGAG-3'	
Probe	5'-CCGGGATGTTTCATAACCCTTTGTTGTCC-3'	
32 <i>Cladosporium herbarum</i>		
Forward primer	5'-AAGAACGCCCGGCTT-3'	
Reverse primer	5'-CGCAAGAGTTTGAAGTGTCCAC-3'	
Probe	5'-CTGGTTATTTCATAACCCTTTGTTGTCCGACTCTG-3'	
33 <i>Epicoccum nigrum</i>		
Forward primer	5'-TTGTAGACTTCGGTCTGCTACCTCTT-3'	
Reverse primer	5'-TGCAACTGCAAAGGGTTTGAAT-3'	
Probe	5'-CATGTCTTTTGTGAGTACCTTCGTTTCCTCGGC-3'	
34 <i>Mucor amphibiorum</i>		
Forward primer	5'-CACCGCCCGTCGCTAC-3'	
Reverse primer	5'-CCTAGTTTGCCATAGTTCTCAGCAG-3'	
Probe	5'-CCGATTGAATGGTTATAGTGAGCATATGGGATC-3'	
35 <i>Penicillium chrysogenum</i> type 2		
Forward primer	5'-GCCTGTCCGAGCGTCACTT-3'	
Reverse primer	5'-CCCCGGGATCGGAG-3'	
Probe	5'-CCAACACACAAGCCGTGCTTGAGG-3'	
36 <i>Rhizopus stolonifer</i>		
Forward primer	5'-CACCGCCCGTCGCTAC-3'	
Reverse primer	5'-GCTTAGTTTGCCATAGTTCTTAACAA-3'	
Probe	5'-CCGATTGAATGGTTATAGTGAGCATATGGGATC-3'	