

## 해빙기 바이칼호에서 부유세균과 Aggregates에 부착한 세균의 군집구조

홍선희 · 김옥선 · 전선옥 · 유재준 · 안태석

강원대학교 자연과학대학 환경학과

러시아 바이칼호에서 해빙기에 부유세균과 aggregates에 부착한 세균의 군집구조를 FISH (fluorescent *in situ* hybridization) 방법으로 0 m부터 250 m 수심에서 비교 분석하였다. 조사대상은 Eubacteria에 속하는 세균과 class Proteobacteria에 속하는 세균 중  $\alpha$ -,  $\beta$ -,  $\gamma$ -group과 *Cytophaga-Flavobacterium* group, 그리고 Planctomycetales였다. 부유세균의 수는  $0.2\sim 3.2 \times 10^6$  cells  $\cdot ml^{-1}$  범위였으며, 수심이 깊어질수록 감소하였다. Aggregates에 부착한 세균은 부유세균과 반대로 수심이 깊어질수록 증가하였고, 개체수의 범위는  $0.4\sim 3.3 \times 10^4$  cells  $\cdot ml^{-1}$  이었다. 총 세균수에 대한 Eubacteria 수의 비율은 부유세균의 경우 52.3~74.1%, aggregates에 부착한 세균은 39.6~66.7%로 부유세균보다 부착세균에서 그 비율이 낮았으며, 세균의 군집구조 분석 결과에서도 부유세균과 aggregates에 부착한 세균의 군집구조가 다른 양상으로 나타났다. 특히 두 세균의 군집구조는 식물플랑크톤이 밀집해 있는 25 m 수심에서 급격히 변화하여 식물플랑크톤이 부유세균과 부착세균의 군집의 변화에 밀접한 관련이 있는 것으로 확인되었다. Aggregates에 부착한 세균 군집은 수심에 따라 매우 특이한 변화 양상을 나타내었다.  $\beta$ -proteobacteria group은 수심이 깊어지면서 그 비율이 높아져, 100 m에서는  $\beta$ -group이 총세균수의 51.8%를 차지 하였으나, 250 m에서는  $\gamma$ -group이 43.8%를 차지하여, 급격하게 우점 group이 변화하였다. 그러나, 부유세균에서는 전혀 다른 군집 구조를 이루고 있었다. 이러한 결과에서 aggregates에 부착한 세균은 부유세균과는 다른 다양성을 이루고, 다른 천이과정을 거치는 것으로 확인되었다.

**Key words** □ aggregated bacteria, bacterial community, diversity, Lake Baikal

호수 생태계에서 세균을 서식형태에 따라 분류하면 물에서 독립 부유생활을 하는 세균(free-living bacteria)과 부착하여 생활하는 세균(attached bacteria)으로 크게 나눌 수 있다. 이 중 부착세균은 동·식물 플랑크톤의 사체나 밝혀지지 않은 유기물 등에 부착하여 서식하며 때때로 세균들 스스로 microcolony를 이루기도 한다(20). Aggregates는 유기물이 응집된 상태를 말하며 주로 용존 상태, 혹은 물 속에서 부유하는 탄소의 흡착에 의해(17), 또는 플랑크톤과 분비물질의 응집, 다양한 종류의 부식질에 의해 형성된다(13). 이렇게 형성된 aggregates는 입자상 유기물의 흐름과 순환에 매우 중요한 뿐 아니라 해양에서 조사하여 보고된 바에 의하면, 표층에서 심층의 깊은 곳까지 탄소순환을 지배하는 중요한 역할을 하는 것으로 알려져 있다(6,9).

특히, aggregates에 부착한 세균은 물에서 부유하며 생활하는 세균보다 세포 크기도 매우 크며, 활성도가 높아 영양염류가 풍부하지 않은 깊은 수심에서도 높은 효소 활성도를 나타내기도 한다(7,4).

Aggregates는 처음 해양에서 'marine snow'라는 용어로 쓰여져 많이 연구되어져왔다. 최근에는 호수에서도 이런 현상이 발견되어 'lake snow'라 하며(14), 호수에서 발견되는 aggregates 또한 해양에서 발견되는 aggregates의 구조와 기능이 비슷한 것으로 밝혀지고 있다(20). 그러나 Lehman과 O'Connell(18)에 의하면,

부유세균과 aggregates에 부착한 세균은 생리적 차이 등으로 인하여 그들이 가지고 있는 기능이 환경에 표출되는 형태나 군집구조의 조성은 차이가 나타나는 것으로 조사되고 있다.

이처럼 aggregates가 갖는 여러 가지 생태학적 중요성 때문에 많은 연구가 이루어지고 있으나 주로 aggregates의 구성이나 이에 부착한 세균들의 효소활성도 등 생리적 특성을 규명하는 연구가 주를 이루고 있고 aggregates에 부착한 세균군집에 관한 조사나, 계통발생학적인 유전적 연구는 아직 초기단계이고 현재 활발히 연구가 진행되고 있다. 국내에서 연구된 논문은 소양호와 팔당호에 sediment trap을 설치한 후 aggregates에 부착한 세균의 군집구조를 조사한 결과 소양호의 경우, Proteobacteria와 *Cytophaga-Flavobacterium* group이 아닌 other Eubacteria가 우점하여 다양성이 낮은 것으로 조사되었으며, 천이가 진행되면서  $\beta$ -group이 우점하는 결과를 나타내었고(1), 팔당호에서는 총세균수에 대한 Eubacteria의 비율이 부유세균보다 매우 낮게 나타난 바 있다(3). 이 연구에서는 지구상에서 가장 깨끗하다고 알려져 있는 러시아 바이칼 호의 해빙기에 부유세균과 aggregates에 부착한 세균의 군집구조를 조사하고자 하였다. 바이칼호는 겨울철에 두껍게 형성되는 얼음층으로 인하여 약 3개월간 외부와 차단되기 때문에 외부의 간섭을 최대한 배제할 수 있는 조건이었다.

### 재료 및 방법

#### 시료채취 및 처리

시료는 남 바이칼 Krestovaya 해안가로부터 2 km 떨어진

\*To whom correspondence should be addressed.  
Tel: 033-250-8574, Fax: 033-251-3991  
E-mail: ahnts@kangwon.ac.kr

Listvyanichnaya Bay에서 Van-Dorn 채수기를 사용하여 채취하였고, 조사날짜는 2001년 4월 18일이었으며, 수심은 0, 10, 25, 50, 100, 250 m이었다. 채취된 시료는 현장에서 4.0% paraformaldehyde 용액으로 고정하였고 냉장 보관한 후 실험실로 운반하였다.

**총세균수**

총세균수는 FISH 방법을 적용한 후 DAPI (4'-6-diamidino-2-phenylindole-2HCl: Sigma, St. Louis, USA)로 2차 염색하여 관찰하였다(16).

**세균의 군집구조**

**조사 대상**

Eubacteria에 속하는 세균, Class Proteobacteria에 속하는 세균 중  $\alpha$ -,  $\beta$ -,  $\gamma$ -group과 *Cytophaga-Flavobacterium* group, Planctomycetales를 측정하였다.

**시료 전처리**

부유세균 측정을 위한 시료는 현장에서 고정한 시료를 적정량 polycarbonate membrane filter (pore size 0.2  $\mu$ m,  $\psi$ 25 mm, Millipore)로 여과하였다. Aggregates에 부착한 세균 분석을 위한 시료는 현장에서 고정한 시료 1 l를 polycarbonate membrane filter (pore size 3.0  $\mu$ m,  $\psi$ 47 mm, Millipore)로 여과한 후 이 여과지를 멸균된 3차 증류수에 담구어 초음파 세척기(28 kHz, 400 W)를 이용하여 20 분간 sonification하여 여과지에서 세포를 떼어낸 후 polycarbonate membrane filter (pore size 0.2  $\mu$ m,  $\psi$ 25 mm, Millipore)로 다시 여과하였다. 여과한 후 1×phosphate buffered saline (PBS, pH 7.4) 1 ml로 세척하였고 50%, 80%, 99%의 ethyl alcohol 0.5 ml를 이용하여 차례로 세척하고, filter를 공기 중에서 건조하였다.

**Gene probe**

여기에서 사용한 rRNA probe의 염기 서열은 이미 보고된 방법(5,12)에 따라 주문, 제작하였고(TaKaRa, Shiga, Japan), tetramethylrhodamine으로 표지하였다. 사용한 probe들은 Eubacteria와 결합하는 EUB338,  $\alpha$ -group과 결합하는 ALF1b,  $\beta$ -group과 결합하는 BET42a,  $\gamma$ -group과 결합하는 GAM42a, *Cytophaga-Flavobacterium* group과 결합하는 CF319a, Planctomycetales와 결합하는 PLA886 probe이었다.

**In situ hybridization**

Gelatin coated slide glass에 filter를 올려놓은 후에 16  $\mu$ l의 hybridization solution [0.9 M NaCl, 20 mM Tris-HCl (pH 7.4), 0.01% SDS, formamide (농도 EUB 0% : ALF 20% : BET, GAM와 PLA 35% : CF 15%)]를 첨가한 후 2  $\mu$ l의 probe (농도 25 ng  $\cdot$   $\mu$ l<sup>-1</sup>)를 첨가하였다(5,12). 용액들을 잘 섞은 후 hybridization chamber에 넣고 46°C에서 90 분 동안 배양하였다. 배양 후 48°C로 예열된 세척용액[20 mM Tris-HCl (pH 7.4), 5.0 mM EDTA, 0.01% SDS, NaCl용액(농도 EUB 0.9 M:ALF 0.225 M:BET, GAM와 PLA 80 mM:CF 80 mM)]에 filter를 담근 후 48°C에서 15 분 동안 세척하고 꺼내어 증류수로 세척한 후

공기 중에서 건조시켰다. 특히  $\beta$ -,  $\gamma$ -group은 서로 간섭하므로,  $\beta$ -group을 측정할 때는 non-labeled GAM42a 2  $\mu$ l를 함께 사용하였고,  $\gamma$ -group을 측정할 때는 non-labeled BET42a 2  $\mu$ l를 함께 사용하여 간섭을 배제하는 방법(19)으로 측정하였다.

**계수**

형광 현미경(Olympus BX60, Exciting filter: G, Barrier filter: O590, Lamp: Mercury lamp HBO 100W/2, OSRAM)을 이용하여 세균을 계수 하였다. 세균 수는 20개 이상의 화상에서 평균 값을 구하였다.

**결 과**

**총세균수**

바이칼 호의 총세균수는 부유세균의 경우 0, 10 m에서 3.1×10<sup>6</sup>, 3.2×10<sup>6</sup> cells  $\cdot$  ml<sup>-1</sup>, 25, 50 m에서 1.0×10<sup>6</sup>, 1.3×10<sup>6</sup> cells  $\cdot$  ml<sup>-1</sup>로 나타났고 100, 250 m는 0.8×10<sup>6</sup>, 0.2×10<sup>6</sup> cells  $\cdot$  ml<sup>-1</sup>로 수심에 따라 점차 감소하는 것으로 조사되었다. 반면 aggregates에 부착한 세균은 0, 10 m에서 0.4×10<sup>4</sup> cells  $\cdot$  ml<sup>-1</sup>의 값이었고, 수심에 따라 증가하여 25m에서는 1.5×10<sup>4</sup> cells  $\cdot$  ml<sup>-1</sup>, 250 m에서는 3.3×10<sup>4</sup> cells  $\cdot$  ml<sup>-1</sup>로 나타났다(Fig. 1).

**총세균수에 대한 Eubacteria 수의 비율**

총세균수에 대한 Eubacteria의 비율은 부유세균의 경우

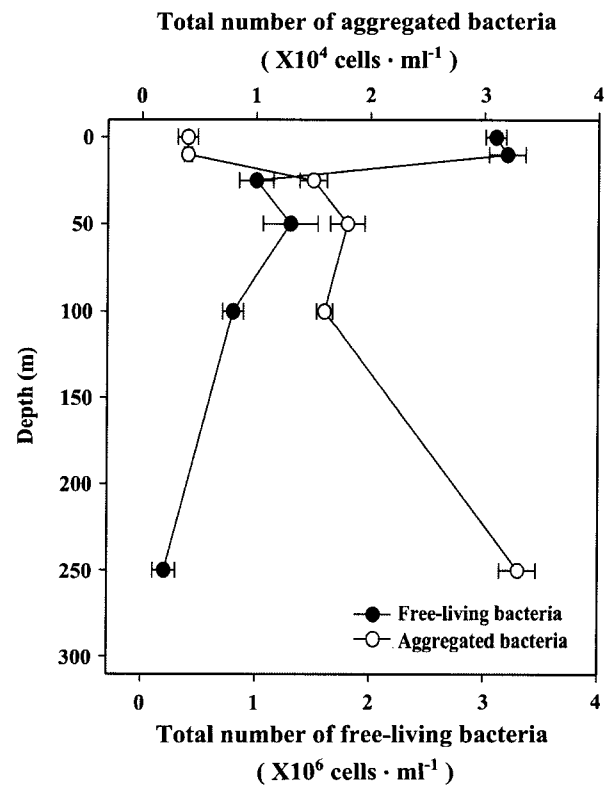


Fig. 1. Vertical profile of total bacterial number in Lake Baikal on April 2001.

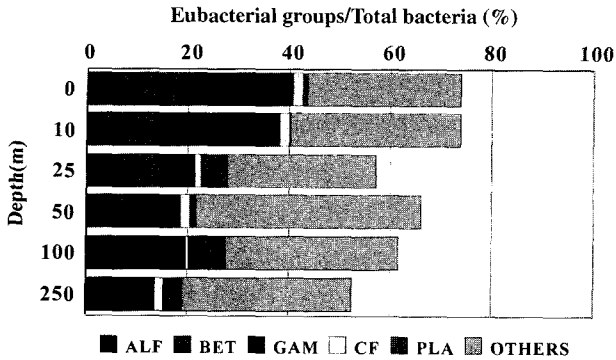


Fig. 2. Distribution of bacterial communities with depth in water column of Lake Baikal on 18 April, 2001 (ALF=Proteobacteria  $\alpha$ -group, BET=Proteobacteria  $\beta$ -group, GAM=Proteobacteria  $\gamma$ -group, CF=Cytophaga-Flavobacterium group, PLA=Planctomycetales, OTHERS=Other Eubacteria).

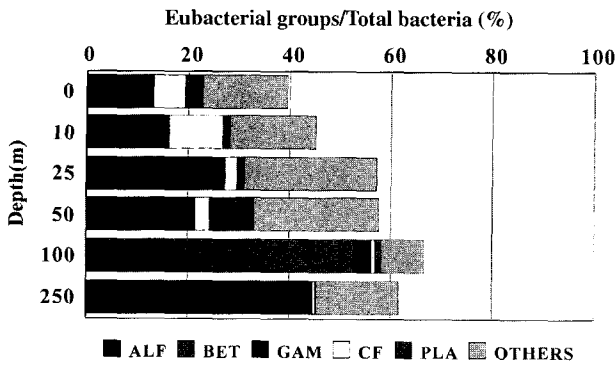


Fig. 3. Distribution of bacterial communities with depth in aggregates of Lake Baikal on 18 April, 2001 (ALF=Proteobacteria  $\alpha$ -group, BET=Pro-teobacteria  $\beta$ -group, GAM=Proteobacteria  $\gamma$ -group, CF=Cytophaga-Flavobacterium group, PLA=Planctomycetales, OTHERS=Other Eubacteria).

52.3~74.1% 이었다. 0, 10 m에서는 74.0, 74.1%의 값이었으며, 25 m에서는 57.3%의 비율이었고, 수심이 깊어질수록 감소하여 250 m에서는 52.6%로 나타났다. Aggregated bacteria는 전체적으로 39.6~66.7%로 부유세균보다 다소 낮은 비율로 관찰되었으며, 부유세균과는 반대로 수심이 깊어질수록 Eubacteria의 비율이 점차 증가하는 경향을 보였다. 0 m, 10 m 수심의 경우 각각 39.6%, 45.4%의 비율이었고, 25 m와 50 m는 57.3, 57.8%, 100 m, 250 m에서는 66.7%, 61.7%로 조사되었다(Fig. 2, 3).

**세균군집구조의 변화**

총세균수에 대한 각 group의 비율을 살펴보면, 부유세균의 경우, 0 m, 10 m 수심에서는  $\beta$ -group이 각각 12.8, 13.3%,  $\gamma$ -group이 각각 22.5, 23.1%의 비율이었으며,  $\alpha$ -group,  $\beta$ -group, Cytophaga-Flavobacterium group과 Planctomycetales group은 0.4~5.6%로 낮은 분포를 하고 있는 것으로 조사되어 상대적으로 other Eubacteria가 30.4%, 33.6%로 가장 많은 비율로 나타났다. 25 m, 50 m에서는  $\beta$ -group,  $\gamma$ -group이 5.9~9.9%로 감소하였으며,

다른 group들도 5.0% 이하로 낮은 분포를 보이고 있어 상대적으로 other Eubacteria가 29.5, 44.4%로 우점하고 있는 것으로 조사되었다. 100 m는  $\alpha$ -group과 Planctomycetales group이 각각 10.8%, 7.4%로 다소 증가하였고, 250 m에서는  $\alpha$ -group,  $\beta$ -group,  $\gamma$ -group, Cytophaga-Flavobacterium group, Planctomycetales group이 각각 5.3, 1.8, 6.5, 1.7, 3.8%로 여전히 낮은 비율이었다.

Aggregates에 부착한 세균의 경우는 0 m에서  $\alpha$ -group,  $\beta$ -group,  $\gamma$ -group, Cytophaga-Flavobacterium group, Planctomycetales group은 각각 0.2, 3.2, 9.9, 6.2, 3.4%였으며, other Eubacteria가 16.7%로 조사되었으며, 10 m수심에서는  $\alpha$ -group,  $\beta$ -group,  $\gamma$ -group, Cytophaga-Flavobacterium group, Planctomycetales group이 각각 0.2, 5.5, 10.6, 10.6, 1.4%로 0 m와 비슷한 분포를 보였다. 25 m, 50 m 경우  $\beta$ -group과  $\gamma$ -group이 증가하여 9.9-13.6%로 나타났고, other Eubacteria가 24.8-26.0% 비율로 가장 높은 값을 보였다. 100 m는  $\alpha$ -group,  $\gamma$ -group, Cytophaga-Flavobacterium group, Planctomycetales group이 5% 이하의 매우 낮은 비율을 보인 반면,  $\beta$ -group이 51.8%로 매우 높게 관찰되었다. 이와는 대조적으로 250 m는  $\beta$ -group이 0.8%로 감소하였으며,  $\gamma$ -group은 43.8%로 우점하였다(Fig. 2, 3).

**고찰**

바이칼호에서 나타나는 aggregates의 전형적인 모습은 Fig. 4와 같다. 이처럼 호수생태계에서 세균은 입자상 물질에 부착한 후 분해과정을 통하여 유기물을 작게 만드는 작용을 하기도 하지만, 스스로 microcolony를 이루며 입자를 크게 만드는 작용을 하기도 한다(6).

바이칼호는 지역과 계절에 따라 수온이 매우 다양하게 변화하긴 하지만 평균 수온이 4°C로 차가운 호수로 알려져 있다. 일반적으로 10 월 말부터 호수 주위가 얼기 시작하여 1 월 중에 완전 결빙이 되며, 4 월 달에 호수 가장자리부터 해빙이 시작된다. 본 연구가 이루어진 시기가 해빙기인 4 월 중순이었으며 표층 수온은 0.1°C였다. 이시기에 총세균수는 부유세균의 경우, 표층인 0 m, 10 m에서 각각  $3.1 \times 10^6$ ,  $3.2 \times 10^6$  cells  $\cdot$  ml<sup>-1</sup>로 나타나 우리나라의 소양호와 비슷한 세균수를 보이나, 수심이 깊어질수록 감소하여 250 m에서는  $2 \times 10^5$  cells  $\cdot$  ml<sup>-1</sup>로 조사되었다. 바이칼호는 최근 수질이 조금씩 악화되고 있으나 아직까지는 호수의 영양단계를 구분해 볼 때 빈영양 수준이다. 그러나 홍(2)이 1999 년과 2000 년에 바이칼 호에서 총세균수를 조사한 바에 의하면, 250 m 수심에서는 약  $10^4$  cells  $\cdot$  ml<sup>-1</sup> 인것으로 나타나 이번 연구 결과는 이전 조사에 비해 총세균수 값이 증가한 것으로 나타났으며, 또한 조사시기가 수온이 낮은 겨울철임을 고려할 때 높은 수준이었다. Aggregates에 부착한 세균은 표층에서  $0.4 \times 10^4$  cells  $\cdot$  ml<sup>-1</sup>의 결과를 보였고 수심에 따라 점차적으로 증가하는 경향을 보여 aggregates는 깊은 수심으로 침강하면서 점점 더 이에 부착하는 세균이 많아지는 것으로 조사되었다. Grossart와 Simon (15)이 독일의 Constance 호에서 aggregates 하나에 부착한 세균수를 조사한 결과  $5 \times 10^6$ ~ $80 \times 10^6$  cells  $\cdot$  ml<sup>-1</sup>정도 존재하

고 있고 이 세균수는 수심이 깊어질수록 증가한다고 보고한 바 있으며, Schweitzer 등(20)의 연구에서도 aggregates의 양이 수심에 따라 증가하며 여기에 부착한 세균도 함께 증가한다고 보고하여 본 연구와 비슷한 결과를 보였다.

총세균수에 대한 Eubacteria 세균수의 비율을 보면, 부유세균의 경우, 전체적으로 52.3~74.1%로 조사되었으며, 수심이 깊어질수록 감소하는 경향을 보였다. 흥(2)이 바이칼호에서 세균군집구조를 조사한 결과를 보면, 총세균수에 대한 Eubacteria 수의 비율이, 1998년 12월은 표층에서 77.0%, 400m에서 89.5%로 나타났고, 1999년 8월은 52.5~77.9%, 2000년 8월에는 43.0~77.9%로 조사된바 있으며, 또, Glöckner 등(12)이 1995년과 1996년 8월 Baikal 남단 부분에서 세균 군집을 조사한 연구에 의하면 총세균수에 대한 Eubacteria수의 비율이 44~55%로 조사된 결과가 있다. 지금까지 FISH 방법을 이용한 여러 연구결과와 비교해 볼 때, 바이칼호의 총세균수에 대한 Eubacteria 수의 비율은 다른 호수생태계와 유사함을 알 수 있다. 그러나 aggregates에 부착한 세균은 전체적으로 39.6~66.7%로 부유세균보다 다소 낮은 비율로 관찰되었으며, 수심이 깊어질수록 Eubacteria의 비율이 점차 증가하는 경향을 보여 부유세균의 결과와는 다른 양상으로 나타났다.

또한 세균 군집구조의 분석 결과에서도 부유세균과 aggregates에 부착한 세균의 군집구조가 다르고 특히, 수심 25m에서 변화하는 것을 알 수 있다(Fig. 3, 4). 즉, 부유세균의 경우, 0, 10m에서는  $\beta$ -group과  $\gamma$ -group이 우점하고 다른 group들의 비율이 낮게 존재하는 비슷한 분포를 보였고, 25m에서 그 비율이 감소하여  $\alpha$ -group,  $\beta$ -group,  $\gamma$ -group, *Cytophaga-Flavobacterium* group, Planctomycetales group이 아닌 other Eubacteria가 우점하는 경향을 나타낸 반면 aggregates에 부착한 세균의 경우는 0m와 10m 수심에서는 조사된 Eubacterial group의 비율이 낮았으며, 25m, 5m에서  $\beta$ -group과  $\gamma$ -group이 조금씩 증가하여, 100m에서는  $\beta$ -group이, 250m 수심에서는  $\gamma$ -group이 매우 높은 비율을 나타내었다.

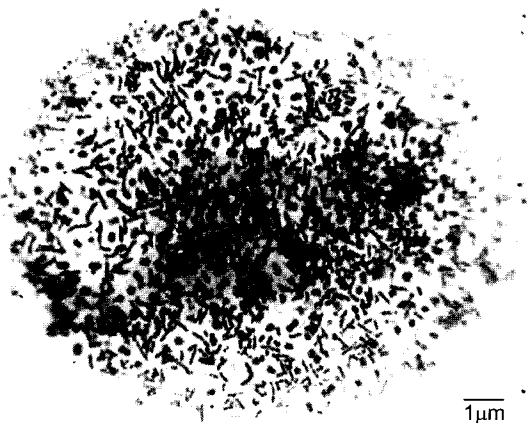


Fig. 4. Microphotograph of typical aggregated bacteria in Lake Baikal. (courtesy to Dr. Spiglavov)

바이칼 호에서 25m는 식물플랑크톤이 가장 많이 존재하는 곳으로 실제로 이 시기에 엽록소 a 값을 측정한 결과 0, 10m 수심에서 각각 1.5, 1.9  $\mu\text{g} \cdot \text{l}^{-1}$ 였고, 25m에서 최대값인 3.1  $\mu\text{g} \cdot \text{l}^{-1}$ 를 나타내었고 그 이하 수심에서는 거의 검출되지 않았다.

수환경에서 세균군집은 수온이나 유기물의 종류나 크기 등 여러 환경요인에 의해서 영향을 받는다. 이러한 요인 중 식물플랑크톤은 세균과 매우 밀접한 관계를 가지며 세균 군집구조의 변화에도 큰 영향을 미치는 것으로 알려져 있다. 이 연구에서도 식물플랑크톤으로 인하여 부유세균과 aggregates에 부착한 세균의 군집구조가 25m 수심을 중심으로 상이하게 바뀐 것으로 생각된다. Aggregates의 생성은 debris에 세균들이 부착되면서 시작되며 호수에서 이러한 debris의 상당량은 식물플랑크톤에서 기인된다(10). 따라서 바이칼호에서 이시기에 25m 수심에서 식물플랑크톤의 양이 밀집되고, 이들의 사체에 많은 세균이 부착되면서 부유세균의 군집과 aggregates에 부착한 세균의 군집구조가 변화하기 시작하며 50m 수심까지 일정한 분포를 보이는 것으로 사료된다. 그러나 aggregates에 부착한 세균의 경우 100m 수심에서  $\beta$ -group이 크게 우점하고 있고, 250m 수심에서는  $\gamma$ -group이 크게 우점하고 있는 것으로 나타나, aggregates에 부착한 세균은 수심이 증가하면서 우점하는 군집이 달라지는 것으로 생각된다.

Aggregates에 부착한 세균의 천이과정은 다음의 2가지로 가정할 수 있다. 첫 번째 가정은, 초기에 다양한 세균이 부착한 후 천이가 진행되면서 경쟁에 의해 우점종이 생기게 되는 것이며, 두 번째는 하나의 세균이 microcolony를 이루며 점차적으로 증식되면서 큰 aggregates를 형성하는 것으로 생각할 수 있다. 본 연구결과 바이칼호에서는 aggregates에 부착한 세균이 초기에는 다양한 세균이 부착되지만 시간이 지남에 따라 천이가 진행되고 aggregates가 심층으로 침강되면서 각 수층의 환경조건의 차이에 의해 100m 수심에서는  $\beta$ -group이 250m 수심에서는  $\gamma$ -group이 우점하여 미생물 다양성도 매우 작아지는 것으로 생각된다. 실제로 DeLong이 해양에서 직경 0.5mm 이상되는 aggregates에서 클론 분석방법으로 세균군집을 조사한 결과 *Cytophaga*, Planctomycetales,  $\gamma$ -group이 우점한다고 조사하였고, 부착세균의 다양성은 매우 낮았다고 보고 하였다.

또, Grossart와 Simon (15)에 의하면 독일의 Constance호에서 FISH 방법으로 세균의 군집구조를 조사한 결과 aggregates에 부착한 세균군집의 경우 대체적으로  $\beta$ -group이 우점하고 aggregates가 생성되는 초기에만  $\alpha$ -group이 우점하는 경향을 보인다고 보고하여 aggregates에 부착한 세균의 다양성이 낮음을 밝혔고, Weiss 등(21)은 계절에 따라 aggregates의 성분조성은 다양하였음에도 불구하고 세균의 군집구조는 안정하다고 조사하였다. 이처럼 수환경에서 부착세균과 부유세균은 그들이 가지고 있는 기질 흡수 능력이나, 동화, 생체량 증가의 차이로 인하여 군집구조에 상당히 다른 영향을 받는 것으로 나타났다(18).

또한 기존에 연구된 다른 연구를 살펴보면, 해양의 거대 유기 aggregates 부착세균의 군집구조에서는 *Cytophaga-Flavobacterium* group이 우점한 결과가 있고(11), 해양의 저질토에서 조사한 결과에서도 *Cytophaga-Flavobacterium* group이 높은 비율을 나타

낸 것으로 조사된 연구가 있다(8). *Cytophaga-Flavobacterium* group은 호기조건에서 다양한 기질 분해 능력이 있으며, 유기물 분해와 관련, aggregates에서 많이 발견되는 것으로 알려져 있으나 본 연구결과에서는 우점하는 경향이 나타나지 않았고, Planctomycetales의 경우도 담수나 해수에서 많이 나타나며, 특히 해양의 macroaggregates와 관련이 있는것으로 알려져 있으나 (12), 본 연구결과에서는 많은 분포를 하지 않아, 바이칼호의 aggregates의 조성은 다른 수생태계와는 다른 것으로 나타났다.

이처럼 바이칼 호는 이전에 조사된 다른 연구결과에 비해 군집의 조성이 다르며 또, 부유세균과 aggregates에 부착한 세균의 군집구조가 매우 다르게 나타났다. 이는 바이칼호의 육수학적 특징과 또 해빙기라는 독특한 환경조건 때문으로 사료되며 향후, 여러가지 환경요인, 특히 식물플랑크톤의 조성이나 개체수 등의 조사가 함께 이루어져 부유세균과 aggregates에 부착하여 생활하는 세균에 어떤 영향을 미치는지 상호관계를 분석하여 바이칼호의 세균이 가지는 생태학적 기능을 밝히는 연구가 함께 이루어져야 한다. 또, 그동안 부유세균에만 국한되었던 수중 미생물의 분야를 aggregated bacteria와 attached bacteria 등으로 확대하여 미생물다양성, 생태학적 기능에 대하여 연구하여야 하며, 이에 따른 연구 방법 등이 새로이 개발되어야한다.

### 감사의 글

본 연구는 한국과학재단의 국제협력지원사업(과제번호: 2000-201-02-2)의 연구비 지원에 의하여 수행되었습니다.

### 참고문헌

- 오덕화. 2001. 소양호에서 aggregates에 부착한 세균 군집 구조의 변화. 강원대학교 이학석사 학위 논문.
- 홍선희. 2001. 담수생태계에서 세균군집구조의 분석. 강원대학교 이학박사 학위논문.
- 홍선희, 오덕화, 전선옥, 안태석. 2000. 팔당호에서 aggregates에 부착한 세균군집구조의 변화. 한국미생물학회지. 36, 292-298.
- Acinas, S. G., J. Anton, and F. Rodriguez-Valera. 1999. Diversity of free-living and attached bacteria in offshore Western Mediterranean waters as depicted by analysis of genes encoding 16S rRNA. *Appl. Environ. Microbiol.* 65, 514-522.
- Alfreidner, A., J. Pernthaler, R. Amann, B. Sattler, F. O. Glockner, A. Wille, and R. Psenner. 1996. Community analysis of the bacterial assemblages in the winter cover and pelagic layers of a high mountain lake by *in situ* hybridization. *Appl. Environ. Microbiol.* 62, 2138-2144.
- Allredge, A. L. and M. W. Silver. 1998. Characteristics, dynamics, and significance of marine snow. *Prog. Oceanogr.* 20, 41-82.
- Bidle, J. D. and M. Fletcher. 1995. Comparison of free-living and particle-associated bacterial communities in the Chesapeake Bay by stable low-molecular-weight RNA analysis. *Appl. Environ. Microbiol.* 61, 944-952.
- Brossa, E. L., R. R. Mora, and R. Amann. 1998. Microbial community composition of Wedden sea sediments as revealed by fluorescence *in situ* hybridization. *Appl. Environ. Microbiol.* 64, 2691-2696.
- Crump, B. C., E. V. Armbrust, and J. A. Baross. 1999. Phylogenetic analysis of particle-attached and free-living bacterial communities in the Colombia River, its estuary, and the adjacent coastal ocean. *Appl. Environ. Microbiol.* 65, 3192-3204.
- DeLong, E. F., D. G. Franks, and A. L. Alldredge. 1993. Phylogenetic diversity of aggregate-attached vs. free-living marine bacterial assemblages. *Limnol. Oceanogr.* 38, 924-934.
- Fuhrman, J. A., K. McCallum, and A. A. Davis. 1993. Phylogenetic diversity of substrate marine microbial communities from the Atlantic and Pacific Oceans. *Appl. Environ. Microbiol.* 59, 1294-1302.
- Glöckner, F. O., B. M. Fuchs, and R. Amann. 1999. Bacterioplankton compositions of lakes and oceans: A first comparison based on fluorescence *in situ* hybridization. *Appl. Environ. Microbiol.* 65, 3721-3726.
- Gordon, D. C. 1970. A microscopic study of organic particles in North Atlantic Ocean. *Deep sea Res.* 17, 175-185.
- Grossart, H. P. and M. Simon. 1993. Limnetic macroscopic organic aggregates (lake snow): Occurrence, characteristics, and microbial dynamics in Lake Constance. *Limnol. Oceanogr.* 38, 532-546.
- Grossart, H. P. and M. Simon. 1998. Bacterial colonization and microbial decomposition of limnetic organic aggregates (lake snow). *Aquat. Microbiol. Ecol.* 15, 127-140.
- Hicks, R., R. I. Amann, and D. A. Stahl. 1992. Dual staining of natural bacterioplankton with 4,6-diamidino-2-phenylindole and fluorescent oligonucleotide probes targeting kingdom level 16S rRNA sequences. *Appl. Environ. Microbiol.* 58, 2158-2163.
- Johnson, B. D. 1976. Nonliving organic particle formation from bubble dissolution. *Limnol. Oceanogr.* 21, 444-446.
- Lehman, R. M. and S. P. O'Connell. 2002. Comparison of extracellular enzyme activities and community composition of attached and free-living bacteria in porous medium columns. *Appl. Environ. Microbiol.* 68, 1569-1575.
- Manz, W., R. Amann, W. Ludwig, and M. Wagner. 1992. Phylogenetic oligodeoxynucleotide probes for the major subclasses of Proteobacteria: Problems and solutions. *Appl. Environ. Microbiol.* 15, 593-600.
- Schweitzer, B., I. Huber, R. Amann, and W. Ludwig. 2001.  $\alpha$ - and  $\beta$ -Proteobacteria control the consumption and release of amino acids on lake snow aggregates. *Appl. Environ. Microbiol.* 67, 632-645.
- Weiss, P., B. Schweitzer, R. Amann, and M. Simon. 1996. Identification *in situ* and dynamics of bacteria on limnetic organic aggregates (lake snow). *Appl. Environ. Microbiol.* 62, 1998-2005.

(Received: May 10, 2002/Accepted August 27, 2002)

---

**ABSTRACT: Bacterial Community of Free-living and Aggregated Bacteria at Thawing Period in Lake Baikal**

**Sun-Hee Hong, Ok-Sun Kim, Sun-Ok Jeon, Jae-Jun Yoo and Tae-Seok Ahn** (Department of Environmental Science, College of Natural Science, Kangwon National University, Chunchon 200-701, Korea)

Fluorescent *in situ* hybridization (FISH) with rRNA-targeted oligonucleotide probes was used to compare the community structures of free-living and aggregated bacteria at thawing period in Lake Baikal. Targeted groups were Eubacteria,  $\alpha$ -,  $\beta$ -,  $\gamma$  proteobacteria groups, *Cytophaga-Flavobacterium* group and Planctomycetales. Total bacterial numbers of free-living bacteria were ranged from  $0.2 \times 10^6$  cells  $\cdot m^{-1}$  to  $3.2 \times 10^6$  cells  $\cdot m^{-1}$ , which were decreasing with depth, while the aggregated bacterial numbers were dramatically increasing from  $0.4 \times 10^4$  to  $3.3 \times 10^4$  cells  $\cdot m^{-1}$  with depth. The ratios of EUB probe binding cells to DAPI counts were ranged from 52.3 to 74.1% in free-living bacteria, and from 39.6 to 66.7% in the aggregated bacteria, respectively. Community structures of the aggregated bacteria were very different from each free-living bacteria at every depth. At 25 m depth, where the chlorophyll a concentration was highest, both structures were quite different from those of surface layers, rendering the fact that the community structures might be affected by phytoplankton. The vertical profile of community structure of aggregated bacteria is particular. The proportion of  $\beta$ -proteobacteria group was increasing with depth and it was 51.8% at 100 m, but the dominant group was  $\gamma$ -proteobacteria group at 250 m. Taken together, the biodiversity and succession of aggregated bacteria are quite different from free-living bacteria.