The Korean Journal of Microbiology, Vol. 38, No. 4, December 2002, p. 287-292
Copyright©2002, The Microbiological Society of Korea

봄철 Cyanobacteria가 우점한 천호지에서 세균군집구조의 변화

홍선희 · 전선옥[1] · 안태석[1] · 안태영*

단국대학교 생명과학부 미생물학과, [1]강원대학교 자연과학대학 환경학과

봄철 cyanobacteria가 우점하는 천호지에서 fluorescent *in situ* hybridization (FISH) 방법을 이용하여 세균군집구조를 조사하였다. 조사기간동안 총세균수는 0.6~1.3×10^7 cells·ml^{-1}의 범위로 매우 높게 나타났다. 또, 총세균수에 대한 eubacterial group이 차지하는 비율의 경우 29.8~45.8%로 작은 분포를 차지하였다. 세균군집구조를 분석한 결과, α-group은 1.4~12.5%, β-group은 0.9~4.9%, γ-group은 0.6~8.3%, *Cytophaga-Flavobacteruim* group은 1.0~8.3%를 나타내어 본 연구에서 조사된 각 group이 차지하는 비율은 낮고 상대적으로 unknown eubacteria의 비율이 높았다. 이러한 군집구조는 일반적으로 다른 담수호에서 나타나는 세균의 군집구조와는 다른 군집구조이며 특히, aggregates에 부착한 세균 군집구조와 비슷한 양상이었다. 또, cyanobacteria의 조성이 *Anabaena* 속에서 *Microcystis* 속으로 천이가 일어난 시기에 *Cytophaga-Flavobacteruim* group이 크게 증가하는 것으로 나타나 세균군집의 크기는 식물플랑크톤의 영향을 받는 것으로 확인되었다.

Key words □ **bacterial community, cyanobacteria, FISH, phytoplankton**

수환경에서 세균군집은 시간과 공간에 따라 변화하며, 이러한 변화는 생태계 내의 다양한 물리, 화학, 생물학적 요인들이 복합적으로 작용한 결과이다. 그 동안 세균 군집의 파악은, 배양에 기초한 방법과 acridine orange, DAPI, Hoechst dye등의 형광염료를 이용하여 세포를 염색한 후 형광현미경으로 관찰하는 방법이 주된 연구방법이었다(7). 그러나 이 방법들은 총 개체 수만을 측정하기 때문에 세균 군집의 다양성을 밝힐 수 없었다. 최근, 세균군집구조와 다양성을 조사하기 위한 연구 방법으로 16S rRNA Sequencing 분석, DGGE (denaturing gradient gel electrophoresis), RFLP (restriction fragment length polymorphism)등 여러 분자생물학적 방법들이 개발되고 있다. 이 중 FISH (fluorescent *in situ* hybridization)방법은 세균군집을 파악하기 위한 중요한 도구로 사용되고 있다. 이 방법은 매우 빠르고 간단하게 세균을 직접 관찰 할 수 있다는 장점이 있어 효과적이다(11). 따라서 최근에는 FISH 방법을 이용한 세균군집의 변화와 세균군집에 영향을 주는 여러 환경요인을 분석하는 연구들이 많이 진행되고 있다. 현재 발표된 연구들을 보면, Jakob등(17)이 Austria 고산지대에 위치한 호수에서, 엽록소 *a*의 농도가 증가했던 수심과 얼음이 형성되던 시기의 표층부, 그리고 여름철 가장 깊은 수심에서 *Cytophaga-Flavobacterium* group이 증가한다는 결과와, Archaea는 엽록소 *a*의 농도와 음의 상관관계를 가지며 또 계절적 변화가 심한 환경에서 잘 서식한다는 보고가 있다(22). 국내에서 이루어진 연구결과로는, 소양호에서 세균군집을 조사한 결과, α-, β-group이 수온과 밀접한 관계가 있는 것으로 나타났다(7).

Glöckner 등(13)은 FISH방법을 이용, 수 년 동안 몇 몇의 담수와 해양 시료에서 세균 군집을 조사한 후 각 group들이 가지는 특징들을 발표하였다. 이 연구결과에 의하면, β-group은 담수생태계에서 3~32%로 가장 많은 분포를 보였고, *Cytophaga-Flavobacterium* group은 해양에서 가장 우점하는 것으로 나타났으며, α-, γ-group은 해수, 담수에서 7% 이하로 가장 적은 비율을 차지하였다고 보고하였다.

수환경에서 식물플랑크톤은 주요한 1차 생산자이고 보통의 담수호에서 계절에 따라 뚜렷한 천이과정을 보이며, 세균은 빛, 온도등의 환경요인은 물론, 식물플랑크톤의 변화에 따라 영향을 받는다. 수환경에서 총 세균수와 세균의 활성도 등이 식물플랑크톤과 밀접한 관련이 있다는 것은 이미 여러 논문에서 입증되었다(1,3,7). 그러나 식물플랑크톤의 변화에 따른 세균군집의 변화는 아직 국내에서 보고된 바가 없다. 외국의 경우도, 최근에서야 이 두 군집간의 관계를 좀더 확실히 규명하기 위한 연구가 발표되기 시작하였는데, 독일의 부영양호에서 5S rRNA 분석방법으로 세균군집을 조사한 결과 봄철 식물플랑크톤이 번성했을 때 상당히 안정한 군집구조를 보였다는 보고된 연구논문과(15), Cryptophytes가 세균과 밀접한 관계를 가지며 변화하였다고 밝힌 연구결과(20) 등이 있다.

이 연구에서는 cyanobacteria가 우점했던 천호지에서 특히, cyanobacteria의 조성이 *Anabaena* 속에서 *Microcystis* 속으로 천이가 일어난 시기에 세균군집의 변화를 관찰하였다.

재료 및 방법

조사대상지역 및 기간

조사대상지역은 단국대학교 천안캠퍼스 앞에 위치한 천호지였다. 천호지는 저수량이 약 0.31 km^2의 관개용 소형저수지로 지점

*To whom correspondence should be addressed.
Tel: 041-551-3451, Fax: 041-561-2210
E-mail: ahnty@anseo.dankook.ac.kr

1은 생활, 농업용수 등이 유입되는 지역이었고, 지점 2는 호수수가 유출되는 지역이었다. 시료는 상층수를 3 곳에서 채취하여 분석하였고, 조사기간은 2002 년 3 월 21 일부터 5 월 18 일까지 일주일간격으로, 총 10 회 실시 하였다.

시료 처리 및 고정

세균분석을 위한 시료는 현장에서 4.0% paraformaldehyde 용액을 시료의 1/4이 되게 첨가하여 고정하였고, 식물플랑크톤 분석을 위한 시료는 lugol 용액으로 최종농도가 2%되게 고정하여, 실험실로 운반하였다.

식물플랑크톤 분석

식물플랑크톤의 개체수 측정은 Sedgwick-Rafter counting chamber를 사용하여 광학현미경으로 계수하였고, 특히 군체를 형성하는 남조류의 경우에는 초음파 세척기(28 KHz, 400 W)를 이용하여 군체를 단일세포로 만든 뒤 세포수를 계수 하였다. 조류의 동정은 한국담수조류도감(5), 일본담수조도감(27)에 따라 분류하였다.

총세균수

총세균수는 FISH 방법을 적용한 후 DAPI (4'-6-diamidino-2-phenylindole-2HCl, Sigma, St. Louis, USA)로 2차 염색하여 관찰하였다(14).

세균의 군집구조(FISH)

세균 군집은 eubacteria와 proteobacteria에 속하는 세균 중 α-, β-, γgroup, 그리고 *Cytophaga-Flavobacterium* group를 대상으로 측정하였고, 현장에서 고정한 시료는 유기물로부터 세균을 떼어내기 위하여 초음파 세척기(28 kHz, 400 W)를 이용하여 20 분간 sonification한 후 5 μm membrane filter로 prefilter 하여 다음 과정에 사용하였다. *In situ* hybridization과정에 사용된 probe와 반응조건 등은 이미 보고된 방법(7,8)에 따라 수행하였고, 계수는 형광현미경(Olympus BX60, Exciting filter: G, Barrier filter: O590, Lamp: Mercury lamp HBO 100W/2, Osram, Tokyo, Japan)을 이용하였으며, 세균 수는 20 개 이상의 화상에서 평균값을 구하였다.

결 과

식물플랑크톤

천호지에서 출현한 조류속은 총 18 속으로 녹조류가 4 속, 남조세균이 2 속, 황색편모조류가 1 속으로 조사되어 조사지점 1, 2 간의 속 출현 경향은 비슷하였다. 개체수를 살펴보면 조사 1 지점은 0.1~1.7×10^6cells · ml^{-1} 범위로 5 월 2 일에 가장 낮았고, 4 월 26 일과 5 월 23 일에는 각각 1.7×10^6, 1.4×10^6cell · ml^{-1}로 아주 크게 증가하여 짧은 시간 안에 급격한 변화를 나타내었다. 조사 2지점은 0.02~2.1×10^6cells · ml^{-1} 범위로, 조사 1지점과 비슷한 분포였으나 조사 1지점에서 최고 값을 보인 4 월 26 일에는 식물플랑크톤 개체수가 0.03×10^6cells · ml^{-1}로 아주 낮아 지점간의 차이를 약간 보였다. 그러나 4 월 26 일 이후에는 점차 개체수가 증가하여 조사 마지막 시기인 5 월 23 일에 최고 값을 나타냈다(Fig. 1, 2).

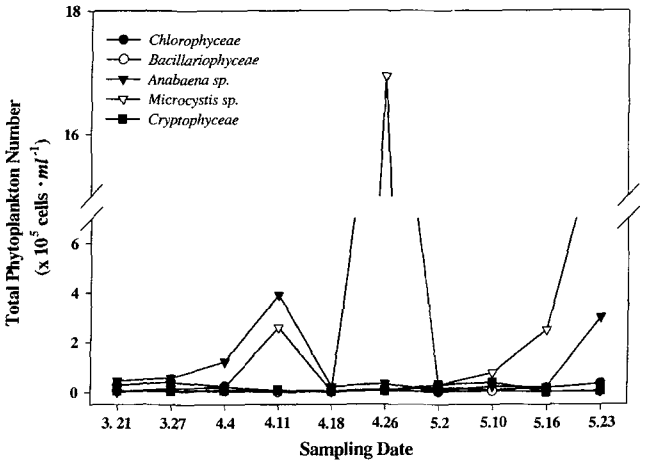

Fig. 1. Total phytoplankton number at site 1 in Cheonho reservoir from March 21 to May 23, 2002.

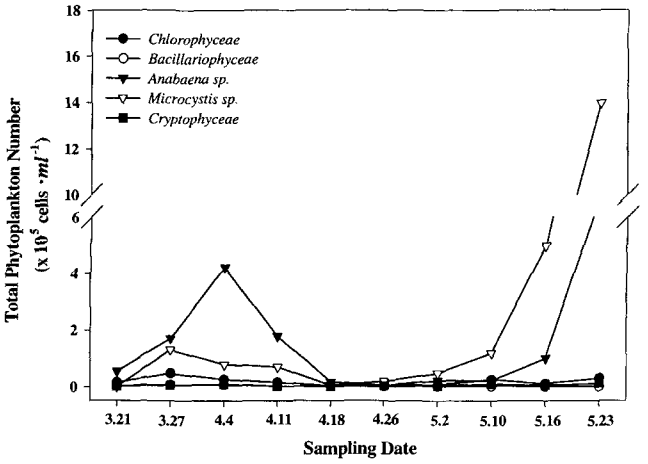

Fig. 2. Total phytoplankton number at site 2 in Cheonho reservoir from March 21 to May 23, 2002.

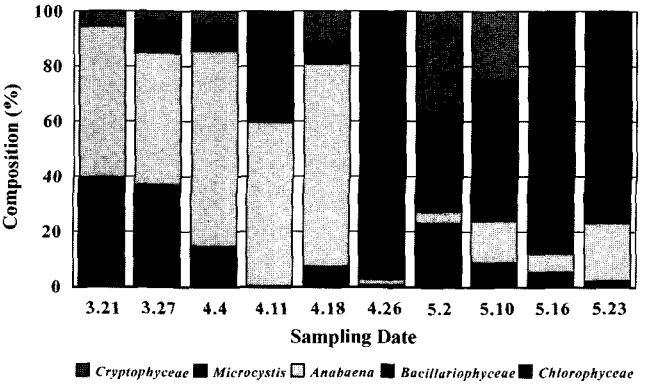

Fig. 3. The ratio of each group to total phytoplankton at site 1 in Chenoho reservoir from March 21 to May 23, 2002.

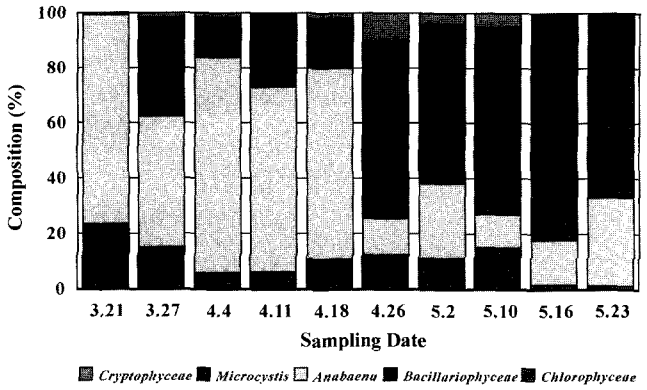

Fig. 4. The ratio of each group to total phytoplankton at site 2 in Chenoho reservoir from March 21 to May 23, 2002.

조사기간동안 나타난 총 식물플랑크톤의 개체수 중 각각의 분류군 별 차지하는 비율을 살펴보면 두 조사지점 모두 4월 26일을 기점으로 이전에는 *Anabaena* 속이, 이후에는 *Microcystis* 속이 우점하는 뚜렷한 종 천이 현상이 나타났다. 특히, cyanobacteria의 경우, 조사 1지점에서는 *Anabaena*속이 47.7~73.5%, *Microcystis*속이 34.2~96.8%로 특히 천이가 바뀌는 시점인 4월 26일에 *Microcystis*속의 비율이 96.8%로 매우 높았다. 조사 2지점의 경우도 4월 26일 이전에는 *Anabaena*속이 47.4~78.2%, 이후에는 *Microcystis*속이 58.2~81.5%로 조사 1지점과 비슷한 분포를 보였다(Fig. 3, 4).

총 세균수

천호지에서 조사기간 동안의 총 세균수의 변화는 Fig. 5에 나타내었다. 총세균수는 지점 1에서 $0.7\sim1.3\times10^7$ cells · ml^{-1}, 지점 2에서는 $0.6\sim1.0\times10^7$ cells · ml^{-1}의 분포를 보였다. 조사기간동안 천호지의 총세균수는 전체적으로 고른 분포를 보였으나 매우 높은 수준이었다. 또한 지점 1보다는 지점 2에서 다소 낮은 값을 보였다.

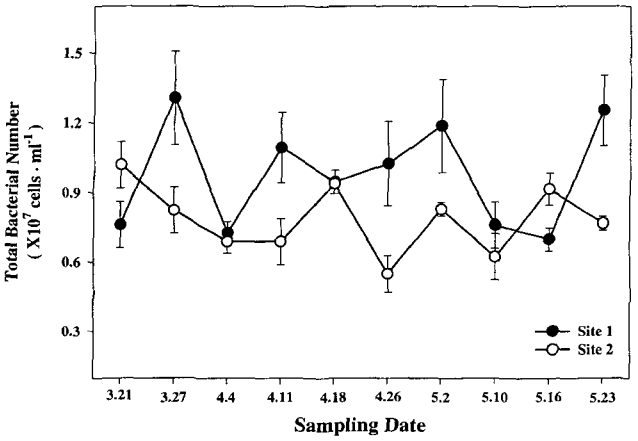

Fig. 5. Total bacterial number in Cheonho reservoir from March 21 to May 23, 2002.

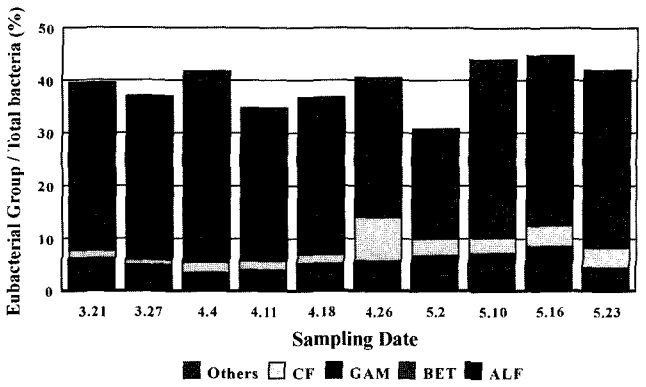

Fig. 6. Distribution of bacterial communities at site 1 in Cheonho reservoir (ALF = Proteobacteria α-group, BET = Proteobacteria β-group, GAM = Proteobacteria γ-group, CF = *Cytophaga-Flavobacterium* group, Others = Unknown eubacteria).

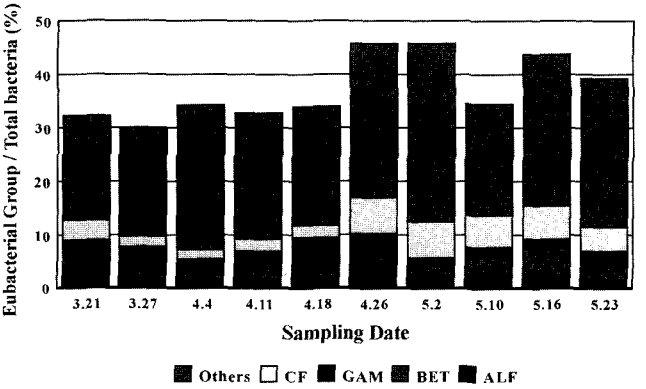

Fig. 7. Distribution of bacterial communities at site 2 in Cheonho reservoir (ALF = Proteobacteria α-group, BET = Proteobacteria β-group, GAM = Proteobacteria γ-group, CF = *Cytophaga-Flavobacterium* group, Others = Unknown eubacteria).

Eubacteria 수의 총 세균수에 대한 비율

총 세균수 중 eubacteria세균에 속하는 세균의 비율은 지점 1에서 30.9~44.8%, 지점 2에서는 29.8~45.8% 분포를 보였다(Fig. 6, 7). 천호지에서 총세균수에 대한 Eubacteria 세균에 속하는 세균의 비율은 50%이하의 낮은 분포를 나타내었고 조사기간 동안 큰 변화가 없었다.

세균 군집 구조 변화

총 세균수를 100%로 보았을 때 eubacteria수의 수심별 세균 군집비율을 살펴보면, 지점 1에서 α-group은 1.0~2.8%, β-group은 0.9~2.5%, γ-group은 0.6~4.0%, *Cytophaga-Flavobacteruim* group은 1.0~8.3%를 나타내었다(Fig. 6). 지점 2에서는 α-group이 1.4~4.3%, β-group이 1.0~4.9%, γ-group은 1.5~6.0%, *Cytophaga-Flavobacterium* group은 1.8~6.9%로 조사되었다(Fig. 7).

고 찰

조사기간 동안 천호지는 cyanobacteria가 지속적으로 우점하는

현상을 보였다. 일반적으로 cyanobacteria의 최대성장온도는 25°C 전 후이며, 질소와 인 그리고 강한 일사량이 존재할 때 급속히 그 개체수가 증가하는 것으로 알려져 있다. 그러나 본 연구결과 조사 초기에는 수온이 14°C로 낮았음에도 불구하고 *Anabaena* 속의 개체수가 많았다.

조 등(6)은 동복호에서 식물플랑크톤의 동태를 살펴본 연구에서, 수온이 15°C 이상 되는 시기인 5 월부터 cyanobacteria가 출현하기 시작했다고 보고하였고, 전 등(4)이 식물플랑크톤의 증식에 대한 희석율과 온도에 관한 영향을 조사한 결과, 5°C와 10°C로 매우 낮은 온도에서 cyanobacteria중 *Phormidium* 속이 우점하였다고 발표하였다. 또, Oliver와 Ganf (23)는 cyanobacteria의 생태학적 특징에 관해 기술하였는데, cyanobacteria가 높은 온도를 선호하고, 뚜렷하게 계절적인 변화 패턴을 보인다는 이론들이 정확하게 일치하지 않는다고 발표하여 cyanobacteria가 낮은 온도에서도 대량번식 할 수 있음을 밝혔다.

천호지의 총세균수 값은 $0.6\sim1.3\times10^7$ cells $\cdot ml^{-1}$의 범위로 나타나 다른 호수들에 비해 매우 높은 수준이었으며, 현미경 상에서 나타난 세균들의 모양이 다른 호수들에 비해 매우 컸다. 심과 안(2)은 소양호에서 cyanobacteria가 우점하면, 그들이 분비하는 화학물질에 의해 동물플랑크톤의 먹이 전환이 일어난다고 보고한 바 있다. 또, 안 등(3)이 소양호에서 세균수와 세균체적의 계절적, 수심별 변화를 관찰한 결과, cyanobacteria가 우점한 시기에 총세균수 값은 감소한 반면, 세균 체적은 커진 것으로 나타났는데, 이 연구에서는 cyanobacteria가 분비하는 여러 화학물질 등에 의해 동물플랑크톤이 식물플랑크톤을 이용하지 않고, 세균들을 이용하였고, 특히 선택적으로 크기가 작은 세균들을 섭식하였기 때문에 상대적으로 체적이 큰 세균이 남은 것으로 보고하였다. 본 연구조사지도 cyanobacteria가 우점한 곳이었으므로 앞선 연구와 비슷한 결과가 나타났을 수 있으며, 또, 식물플랑크톤이 세균이 직접 이용할 수 있는 저분자량의 유기물을 많이 분비하고, 세균이 빠르게 흡수한 결과, 세균의 개체수와 크기를 증가시켰을 가능성도 있다. 이러한 결과를 좀더 명확히 규명하기 위해서는 충분한 검토가 필요할 것으로 생각된다.

총세균수에 대한 eubacteria의 비율은 여러 생태계에서 매우 다양하다. 기존 연구결과를 살펴보면 미국 캘리포니아 해안에서 5~40 km 떨어진 해양에서 조사한 결과, 총세균수 중 eubacterial group이 차지하는 비율이 55~88%로 나타났고(12), 스위스 Cadagno 호수의 chemocline 부분에서는 eubacteria의 비율이 총세균수의 38~90% 이었으며(25), 눈덮인 고지대에 위치한 호수에서는 총세균수의 40~81%가 EUB 338 probe와 반응한 것으로 나타났다(9). 국내에서 발표된 연구로는, 소양호의 경우 총세균수에 대한 eubacterial group의 비율이 약 30.6~88.8%로 나타났고, 러시아 Baikal 호에서 조사한 결과에서는, 43.0~89.5%로 나타났다(7). 그러나 천호지에서 세균군집구조 분석결과를 살펴보면, 총세균수에 대한 eubacteria의 비율이 50% 이하로 낮게 나타났고, α-, β-, γ-group과 *Cytophaga-Flavobacterium* group의 비율이 매우 낮아 상대적으로 unknown eubacteria가 우점하는 경향을 보였다. 이러한 결과는 홍(7)이 소양호에서 세균군집을 조사한 결과, 가을철 cyanobacteria가 우점한 시기에 총세균수에 대한 eubacteria 세균이 차지하는 비율이 40% 전 후로 크게 감소한 결과와 일치한다. 이 연구에서는 cyanobacteria가 분비하는 독소 등의 영향으로 eubacteria에 속하는 세균이 감소했을 가능성을 지적하였다. 김 등(1)은 대청호에서 cyanobacteria의 증식에 따른 생물군집의 변화를 조사한 연구에서 cyanobacteria가 다양한 종류의 생리 저해 물질을 분비하여 세균의 수가 감소하였다고 보고하여 이러한 가능성을 뒷받침하며, 본 조사에서도 조사기간 동안 천호지가 cyanobacteria가 크게 우점하고 있었기 때문에 앞에서 언급했던 연구논문(1,7)과 비슷한 결과가 나타난 것으로 생각된다. 또한 이러한 결과는 홍 등(8)이 팔당호에서 sediment trap으로 aggregates를 회수하고 이에 부착한 세균군집구조를 조사한 결과, aggregates에 부착한 세균 중 eubacteria가 차지하는 비율이 전체적으로 9.0~32.0%로 매우 낮게 나타난 연구와도 매우 흡사하다.

Aggregates는 유기물이 응집된 상태를 말하며(10,18), 이 aggregates는 영양염류 등이 매우 풍부하다. 실제로 팔당호에서 aggregates에서의 영양염류를 조사하여 수체에서의 영양염류와 비교하여 본 결과 aggregates 시료에서 총인 농도는 최고 500배 정도나 차이가 나며, 엽록소 *a* 농도 또한 aggregates 시료가 물시료에서 보다 높게 측정되어 aggregates에 다양한 유기물이 매우 높은 농도로 존재하는 것을 알 수 있었다(8). 이 연구에서도 총인의 농도가 최고 0.40 $mg \cdot l^{-1}$, 총질소 농도는 최고 5.61 $mg \cdot l^{-1}$, 엽록소 *a*의 경우는 35.7~334.0 $mg \cdot m^3$으로 다른 호수에 비해 영양상태가 높은 호수로 나타나(자료 미제시), 팔당호 aggregates에 부착한 세균군집과 비슷한 양상을 보인 것으로 생각된다. 또 천호지의 식물플랑크톤의 개체수가 10^6 cells $\cdot ml^{-1}$ 이었음을 감안할 때, 부유세균(free-living bacteria) 보다는 부착세균(attached bacteria)들이 많이 존재하였을 가능성도 매우 높다.

Hugenholtz 등(16)은 배양에 의한 방법이 아닌 rRNA tree에 기초하여 Domain Bacteria를 36 개의 division으로 분류하였는데, 이 중 proteobacteria가 자연환경에 많이 분포하는 것으로 보고하였다. 따라서 FISH 방법을 처음 적용하기 시작한 연구 초기에는 Proteobacteria에 속하는 세균 group에 specific한 probe를 개발하여, 가장 먼저 이용하였다. 현재는 활발한 sequence 분석으로 Proteobacteria 이외에도 Planctomycetes, Actinobacteria 등 몇 개의 probe가 더 개발된 상태이다. 따라서, 본 연구에 사용된 probe와 결합되지 않은 unknown eubacteria의 비율이 높았던 것을 고려하여, 향후 자연계의 세균군집을 조사할때는 물론, 특히 본 조사지처럼 영양상태가 높은 호수의 경우에는 현재 개발되어 있는 모든 probe를 사용해야 좀더 다양한 세균군집구조를 파악할 수 있을 것으로 사료된다.

또, unknown eubacteria의 비율이 높게 나온 것에 대해서, DAPI 염색과 FISH 방법이 가지고 있는 단점과 연관지어 고찰해 볼 수 있다. FISH는 다른 분자생물학적 방법에 비해 경제적이고 빠르게 세균군집을 파악할 수 있는 장점이 있지만, 세포내 RNA 함량이 낮은 상태이거나 세포벽이 두꺼운 경우 probe의 침투가 어려워 검출이 되지 않을 수 있다. 또, 세균이 아닌 입자들도

DAPI에 의해서 염색되고, 수환경에 많이 존재하는 바이러스들도 계수 할 수 있기 때문에 총세균수가 과대평가 될 수 있는 가능성을 배제 할 수 없다(13). 그러므로 이후 진행될 연구에서, FISH 방법을 적용하여 세균의 군집구조를 조사할 때에는 prokaryote에 특이적으로 결합하는 gene probe를 사용하여 총세균수를 측정할 수 있는 방법을 고려해야 할 것이다.

이 연구에서 나타난 세균군집은 *Cytophaga-Flavobacteruim* group을 제외하고는 2% 전 후의 비율로 매우 낮게 조사되었고, 그 변화 양상도 비슷하여, 조사지점간의 차이는 관찰되지 않았다. 세균군집의 변화를 관찰한 결과, 특이할 만한 점은 수온이 20°C 이상으로 상승했던 4월 26일 조사에서 cyanobacteria의 우점종이 *Anabaena* 속에서 *Microcystis* 속으로 천이가 일어났고, 이 시기에 *Cytophaga-Flavobacteruim* group이 크게 증가하였다는 것이다. 지금까지 알려진 바에 의하면 *Cytophaga-Flavobacterium* group은 주로 호기조건에서 다양한 기질 분해 능력이 있는 것으로 보고되었으며(9), Kirchman (19)은 식물플랑크톤이 대량 번식한 시기에 고분자 유기물질이 증가하면서 *Cytophaga-Flavobacterium* group이 증가하였다고 보고하였다.

본 연구결과에서, *Cytophaga-Flavobacterium* group의 증가는 다음과 같이 2가지로 고찰 해 볼 수 있다. 첫 번째는 *Anabaena* 속이 우점한 후 사멸, 호수아래로 침강되기 시작하면서 이들의 사체를 분해하기 위해 증가한 것이다. Kirchman (19)은 cyanobacteria가 사멸된 후 혐기성 퇴적물에 더해질 때, 다른 세균에 비해 *Cytophaga-Flavobacterium* group이 더 민감하게 반응한다고 보고하였고, Van Hannen 등(26)이 DGGE 방법으로 세균군집을 조사한 결과에서도 cyanobacteria가 번성한 후에 *Cytophaga-Flavobacterium* group의 band가 가장 많이 나타났다고 보고하여 이러한 가능성을 뒷받침해주고 있다.

또 다른 한가지는 이시기에 *Microcystis* 속이 크게 번성하면서 함께 증가했을 가능성이다. 이러한 가설은, 본 연구에서 나타난 세균군집이 aggregates에 부착한 세균군집과 유사한 결과를 나타냈던 것과 연관지어 설명 할 수 있다. Aggregates의 생성은 풍부한 expolymer particle의 존재로 인해 생성되고, 최근에는 식물플랑크톤에 의해 분비되는 polysaccharides로부터 형성되는 particle에서도 발견된다고 한다(21).

*Microcystis*는 보통 작은 집락들이 군체를 이루고 있으며 이 주위에는 고분자 물질의 점액질이 형성되어 있다(24). *Cytophaga-Flavobacterium* group들이 이러한 점액질들을 분해하기 위해 부착된 후 그 개체수가 큰 폭으로 증가했을 수 있다. 실제로 본 조사에서는 식물플랑크톤이 매우 높은 개체수를 보였고, 여기에 많은 세균들이 부착되어 있음을 현미경으로 관찰 할 수 있었다. 따라서 세균군집구조를 분석하기 위해 시료를 여과하기전, sonication과정을 실시하여 식물플랑크톤이나 유기물 등에 부착되어 있는 세균을 떼어낸 후 여과하였다. 그러나 이러한 가설은 *Microcystis*가 분비하는 독소에 의해 세균의 활성이 억제된다는 이전 보고(1,3,7)를 고려할 때 향후 더 연구되어져야 할 부분이다. 즉, *Microcystis*주변의 점액질들을 분해하기 위해 부착되는 세균들이 저해 받을 수 있기 때문이다.

세균군집에 영향을 주는 요인으로는 수온, pH, 유기물의 농도나 종류, 식물플랑크톤의 천이 등 매우 다양하다. 본 조사에서는 이러한 다양한 요인 중 특히 식물플랑크톤의 군집이 세균군집에 미치는 영향을 조사하였고, 그 결과 *Cytophaga-Flavobacterium* group의 경우 cyanobacteria와 밀접한 관계를 가지고 변화한다는 것을 알 수 있었다.

감사의 글

이 연구는 2002년도 한국학술진흥재단 두뇌한국 21 사업 연구비 지원으로 수행되었습니다.

참고문헌

1. 김명운, 김민호, 조장천, 김상종. 1995. Cyanobacteria의 증식에 따른 대청호 생태계내의 생물군집 변화. 한국육수학회지 28, 1-9.
2. 심두섭, 안태석. 1992. 소양호에서 동물플랑크톤의 섭식작용에 관한 연구. 한국미생물학회지 30, 129-133.
3. 안태석, 최승익, 변명섭, 박호완. 1998. 소양호에서 세균수와 세균체적의 계절적 수심별 변화. 한국미생물학회지 31, 186-190.
4. 전만식, Yasunori Watanabe, 김범철. 1998. 하천수중에서 식물플랑크톤의 증식에 대한 희석율과 온도의 영향. 한국육수학회지 31, 328-336.
5. 정 준. 1993. 한국담수조류도감.
6. 조영관, 정진, 이진종. 1998. 동복호에서 장해성 조류의 계절별 동태 및 환경요인간의 상관성. 한국육수학회지 31, 345-352.
7. 홍선희. 2001. 담수생태계에서 세균군집구조의 분석. 이학박사 학위논문. 강원대학교 대학원.
8. 홍선희, 오덕화, 전선옥, 안태석. 2000. 팔당호에서 Aggregates에 부착한 세균군집구조의 변화. 한국미생물학회지 36, 292-298.
9. Alfreidner, A., J. Pernthhaler, 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.
10. Alldredge, A.L. and M.W. Silver. 1998. Characteristics, dynamics, and significance of marine snow. *Prog. Oceanogr.* 20, 41-82.
11. Amann, R., W. Ludwig, and K.H. Schleifer. 1995. Phylogenetic and *in situ* detection of individual microbial cells without cultivation. *Microbiol. Rev.* 59, 143-169.
12. Cottrell, M.T. and D.L. Kirchman. 2000. Community composition of marine bacterioplankton determined by 16S rRNA gene clone libraries and fluorescent *in situ* hybridization. *Appl. Environ. Microbiol.* 66, 5116-5122.
13. 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.
14. 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.

15. Höfle, M.G., Heike, Haas, and K. Dominik. 1999. Seasonal dynamics of bacterioplankton community structure in a eutriphic lake as determined by 5S rRNA anaysis. *Appl. Environ. Microbiol.* 65, 3164-3174.
16. Hugenholtz, P., B.M. Gloebel, and N.R. Page. 1998. Impact of culture-independent studies on the emerging phylogenetic view of bacterial community. *J. Bacteriol.* 180, 4765-4774.
17. Jakob, P., F.O. Glockner, S. Unterholzner, A. Alfreidner, R. Psenner, and R. Amann. 1998. Seasonal community and population dynamics of pelagic bacteria and archaea in a high mountain lake. *Appl. Environ. Microbiol.* 64, 4299-4306.
18. Kang, H. and H. Seki. 1983. The gram-stain characteristics of the bacterial community as function of the dynamics of organic debris in a mesotrophic irrigation pond. *Arch. Hydrobiol.* 98, 39-58.
19. Kirchman, D. 2002. The ecology of Cytophaga-Flavobacteria in aquatic ecosystem. *FEMS Microbiol. Ecol.* 39, 91-100.
20. Lindstrom, E.S. 2001. Investigating influential factors on bacterioplankton community composition: Results from a field study of five mesotrophic lakes. *Microb. Ecol.* 42, 598-605.
21. Logan, B.E., Passow, U., Alldredge, A.L., Grossart, H.P, and M. Simon. 1995. Rapid formation and sedimentation of large aggregates is predictable from coagulation rates(half-lives) of transparent exopolymer particles(TEP). *Deep-Sea Research II.* 42. 203-214.
22. Murray, A.E., C.M. Presston, R. Massana, L.T. Taylor, A. Blakis, K.W.U., and E.F. DeLong. 1998. Seasonal and spatial variability of bacterial and archaeal assemblages in the coastal waters near Anvers Island, Antarctica. *Appl. Environ. Microbiol.* 64, 2585-2595.
23. Oliver, L.R. and G.G. Ganf. 2000. Freshwater blooms, pp 149-194. *In* Whitton B. A. and Potts M. (eds), The Ecology of Cyano-Bacteria, 1st ed. Kluwer Academic Publishers. Dordrecht, Netherlands.
24. Philip Sze. 1986. Prokaryotic Algae (Cyanophyta, Prochlorophyta), pp 19-34. *In* Philip Sze(ed), A Biology of the Algae, 2nd ed. Wm.C Brown Publishers. Oxford, England.
25. Tonolla, M., A. Demarta, R. Peduzzi, and D. Hahn. 1999. *In situ* analysis of phototrophic sulfur bacteria in the chemocline meromictic lake Cadagno (Swizerland). *Appl. Environ. Microbiol.* 65, 1325-1330.
26. Van Hannen, E.J., G. Zwart, M.P.V. Agterveld, H.J. Gons, J. Ebert, and G.J. Laanbroek. 1999. Changes in bacterial and eukaryotic community structure after mass lysis of filamentous cyanobacteria associated with viruses. *Appl. Environ. Microbiol.* 65, 795-801.
27. 廣瀨弘幸. 1981. 日本淡水藻圖鑑 內田老鶴圃.

(Received September 24, 2002/Accepted December 6, 2002)

ABSTRACT: The Bacterial Community Structure in Cheonho Reservoir Dominated by Cyanobacteria

Sun-Hee Hong, Sun-Ok Jeon[1], Tae-Seok Ahn[1], and Tae-Young Ahn* (Department of Microbiology, Dankook University, Cheonan 330-714, Korea, [1]Department of Environmental Science, Kangwon National University, Chunchon 200-701, Korea)

The composition of bacterial communities was detected in surface water of Cheonho Reservoir dominated by cyanobacteria, using fluorescent *in situ* hybridization (FISH) method. Total bacterial numbers were very high ranging from $0.6\sim1.3\times10^7$ cells $\cdot$ ml^{-1}, whereas the ratio of Eubacteria to total bacteria was 29.8~45.8%, which was lower than that in other freshwater ecosystems. On average only 2.1% of DAPI-stained bacteria were detected by FISH with probes for α, β, and γ-groups, respectively. Unknown eubacteria which was not bound to any probes except EUB 338, was relatively high. On the other hand, the *Cytophaga-Flavobacterium* group increased following the change of dominant species from *Anabaena* sp. to *Microcystis* sp. This result showed that bacterial communities could be affected by phytoplanktons, especially cyanobacteria.