

음식물 쓰레기 분해에 대한 고온성 미생물의 영향

이외수 · 정지현¹ · 박유미 · 설경조 · 김사열*

경북대학교 미생물학과, ¹경북대학교 생물건강 · 농업생명인재양성누리사업단

Effect of Thermophilic Bacteria on Degradation of Food Wastes. Yi Hwe-Su, Ji-Hyun Jeong¹, Yu-mi Park, Keyung-Jo Seul, and Sa-Youl Ghim*. Department of Microbiology, Kyungpook National University, Daegu 702-701, Korea, ¹Agro-Biotechnology Education Center, NURI, Kyungpook National University, Daegu 702-701, Korea – Food wastes were decomposed into the Mugri (Isung Engineering, Korea), a food waste reduction machine, with adding sawdust of cryptomeria. Degradation effects were better when the machine worked at over 45°C than those at the lower temperature. Thermophilic bacteria were isolated from cryptomeria sawdust and the food waste products degraded by the machine. The isolates from cryptomeria sawdust were classified into 3 genera (*Acinetobacter baumannii*, *Enterobacter* sp. and *Erwinia cypripedii*) and almost all the isolates from the degraded products were partially identified as *Bacillus* sp. by 16S rDNA sequence analysis. The isolated thermophilic bacteria showed degradative enzyme activities. In the case of addition of the 30 thermophilic bacteria into the machine, degradation rate of food wastes was almost twice as high with increasing process temperature up to 6°C.

Key words: Thermophile, food wastes, amylase, cellulase, protease, lipase

미생물은 환경의 정화자로서 사람들이 일상 생활 중 발생시키는 여러 가지 유기물들을 분해한다. 그러나 인구증가와 산업발달로 다양한 종류의 오염물질들의 양이 폭발적으로 증가되면서 더 이상 자연적인 분해로 해결되기를 기대하기가 어렵게 되었다. 따라서 쓰레기의 발생량을 줄이고 쓰레기를 효과적으로 처리하기 위한 방안에 대한 연구가 끊임없이 진행되고 있다[1, 10].

여러 종류의 쓰레기 중에서 음식물 쓰레기 역시 해결되어야 할 과제 중 하나이다. 다행스럽게도 최근 환경부에서 제 공하는 「환경백서 2006」에 따르면 우리나라에서는 전체 생활 쓰레기 중에서 음식물 쓰레기가 차지하는 비율이 점차 줄어들고 있다. 과거 대다수의 음식물 쓰레기를 매립한데 비해 점차 재활용의 비율이 증가하여 2004년 조사에 따르면 그 해 전체 생활 쓰레기의 81%를 재활용했다. 그렇지만 음식물 쓰레기의 재활용이 증가하면서 그에 따른 어려운 문제가 발생되고 있다. 음식물 쓰레기는 주로 사료화, 퇴비화되어 재활용 되고 있는데 사료로 사용되는 경우에는 사료의 부패로 인해 가축에게 질병을 일으킬 수 있다. 퇴비화의 경우에는 퇴비화 하는 과정에 첨가물로 인한 추가비용이 발생하고 우리나라 음식의 특성상 고염분이 문제가 되어 식물을 죽게 한다. 그러므로 환경에 대하여 가장 좋은 방법은 음식물 쓰레기 발생량 자체를 줄이는 것이고 불가피하게 발생하는

음식물 쓰레기는 완전 소멸시키는 방식으로 처리하는 것이 효율적이다.

우리나라에서도 음식물 쓰레기 소멸 장치에 대한 연구가 많이 진행되어 왔다. 완전소멸방식의 음식물 쓰레기 처리 장치를 설계하여 음식물 쓰레기 처리 과정 중 pH와 함수율, 염분, 온도 등의 변화에 대한 조사와 장치에 첨가되는 bio-chip의 물리적인 특징에 대한 조사가 이루어졌고 음식물 쓰레기의 종류에 따라 잔류되는 양도 조사되었다[1, 19, 20]. 한편 음식물 쓰레기 소멸에 직접 작용하는 미생물에 대한 연구는 여전히 미흡한 실정이다. 그래서 본 실험에서는 완전 소멸 방식으로 음식물 쓰레기를 처리하기 위하여 고안된 장치 머그리(이성 엔지니어링)를 이용하였다(Fig. 1). 이 장치는 삼나무 텁밥과 음식물 쓰레기를 20:1의 비율로 섞어서 음식물 쓰레기를 완전소멸방식으로 처리하는 것이다. 음식물 쓰레기와 삼나무 텁밥을 섞어서 분해시키는 과정에서 공기가 고루 공급되고, 미생물에 의한 발효열이 50°C 이상까지 올라간다. 이와 같은 음식물 쓰레기 처리 과정을 통해 고온발효시 음식물 쓰레기의 분해도 단시간에 활발히 일어남을 알 수 있었다[9]. 이 음식물 쓰레기 처리 장치에서 미생물을 분리하여 어떤 미생물들이 관여하는지 16S rDNA 분석에 근거하여 그 종류를 알아보았다. 그리고 그 균주들을 대상으로 온도 테스트를 거쳐 50°C 이상에서 생존 가능한 고온성 미생물을 분리하여 각각의 분해효소 활성 능력에 대해 조사하였고 직접 음식물 쓰레기 처리 장치에 해당 미생물 부가를 적용하여 그 효과에 대해서 알아보았다[14-18].

*Corresponding author

Tel: 82-53-950-5374, Fax: 82-53-955-5522

E-mail: ghimsa@mail.knu.ac.kr

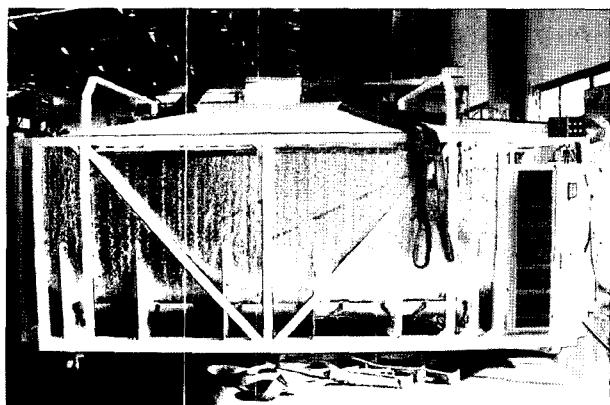


Fig. 1. The Mugri machine for food waste reduction. The machine (Isung Engineering, Korea) includes agitator, thermometer, aerator, heater and instrument of weight measurement. Cryptomeria sawdusts and food-waste were mixed in the ratio of 20:1 in the Mugri.

톱밥과 음식물 쓰레기로부터 세균의 분리와 부분 동정

음식물 쓰레기 처리 장치에서 시료를 채취하여 0.9% NaCl 용액으로 희석하여 bactotryptone 1%, yeast extract 0.5%, NaCl 0.5%, glucose 0.1% 조성의 Luria-Bertani(LB) 배지 [2]와 glucose 2%, polypeptone 1%, yeast extract 0.5% 조성의 glucose-peptone-yeast extract(GPY) 배지[3]에 균을 도말하여 colony의 형태적인 차이에 따라 100여종의 미생물을 분리하였다. 이 분리균주들을 대상으로 45°C, 50°C, 55°C, 60°C 의 순서로 단계적으로 온도를 올리면서 균을 배양하여 적정 온도 테스트를 실행하였다[4]. 이를 통해 55°C 이상의 고온에서 정상적으로 잘 생육하며 집락형태가 특징적인 고온성 균주 32종이 선별되었다.

선발된 고온성 균주들을 대상으로 chromosomal DNA를 추출하였다. LB 또는 GPY 액체배지 5 mL에 균을 접종하여 16시간 배양한 후에 원심분리하여 균체를 모았다. TE buffer(pH 8.0)를 첨가하여 균체를 혼탁하고 각 균체에 0.5 M EDTA(pH 8)와 20 mg/mL proteinase K, 40 mg/mL lysozyme을 차례로 넣어 조심스레 섞어주고 20 mg/mL proteinase K를 한번 더 첨가하였다. 10% sodium dodecylsulfate, 5 M NaCl, CTAB/NaCl solution을 더 첨가한 후에 24:1 chloroform/iso/amyl alcohol을 넣고 섞어준 후 원심분리하여 상층액을 추출하고 다시 25:24:1 phenol/chloroform/iso-amyl alcohol을 첨가, 원심분리하여 상층액을 모았다. 그리고 isopropyl alcohol을 첨가하고, 원심분리하여 chromosomal DNA를 침전시켰고 absolute ethanol을 첨가하여 씻어준 후 밀려 완충액에 녹여 chromosomal DNA를 확보하였다.

이렇게 확보된 chromosomal DNA를 대상으로 보존성이

높은 16S ribosomal RNA 부분을 PCR로써 증폭하였다. Primer로 GF1(5'-TAACACATGCAAGTCGAACG-3')과 GR1 (5'-GGTGTGACGGCGGTGTACAAG-3')을 사용하였다. Prime Taq Premix kit(GeNet Bio, Korea)를 사용하여 GeneAmp® PCR System 2700(Applied Biosystems, U.S.A.) 장치에서 94°C에서 30초(denaturation), 60°C에서 30초(annealing), 72°C에서 45초(extension)로 반응 시키는 과정을 총 35 회 반복한 후 72°C에서 15분 동안 저장하였다[5]. 증폭된 16S rDNA 절편을 회수하여 염기서열을 분석하였고 NCBI의 Basic Local Alignment Search Tool(BLAST)을 이용하여 염기서열을 비교하여, 상동성이 높은 균주를 찾았다. 이 분리균주들의 해당 염기서열 정보는 GenBank에 등록하여 각각의 accession number를 얻었다. 그 결과를 Table 1에 정리하여 나타내었다.

먼저 삼나무 톱밥으로부터 *Acinetobacter baumannii* KNUC201, *Enterobacter* sp. KNUC202와 *Erwinia cypripedii* KNUC203 등과 같은 균들을 분리할 수 있었다. 해당 장치에서 분해 처리가 이루어진 음식물 쓰레기와 삼나무 톱밥의 혼합물에서 분리한 50여종에 달하는 균주들은 포자를 형성하여 고온에서도 잘 자라는 *Bacillus* 종류들이 많았다. 삼나무 톱밥에서 분리되었던 균주들은 음식물 분해 처리가 이루어진 혼합물에서는 발견되지 않은 것으로 보아 해당 미생물이 음식물 쓰레기 분해 과정에는 결정적 역할을 하지 않는 것으로 여겨졌다. 따라서 본 실험에서 사용된 음식물 쓰레기 처리 과정에서 일종의 bio-chip으로 첨가되는 삼나무 톱밥은 그 다공성이 호기적인 조건을 유지시키는데 긍정적인 영향을 주어서 음식물 쓰레기 분해에 긍정적인 도움을 주리라 예상되었다.

분리균의 분해 관련 효소활성

일반적으로 생태계에서 분해자로 알려져 있는 미생물들은 다양한 종류의 분해효소를 분비한다. 음식물 쓰레기 처리 장치 이용 공정에서 음식물 쓰레기가 분해되어 소멸된다는 것은 해당 장치 처리 과정 중에서 선발되는 미생물이 음식물 쓰레기를 분해할 수 있는 분해효소를 가지고 있지 않을까 추정해 볼 수 있다. 따라서 분리균주들을 대상으로 음식물 쓰레기의 주 구성성분인 탄수화물, 지방, 단백질, 섬유소들을 각각 분해하는 분해효소인 amylase, lipase, protease 혹은 cellulase의 생성 유무와 그 활성의 정도에 대해 조사하였다. 각각의 기질이 첨가된 평판배지를 이용하여 정성적으로 분해 활성이 있는 균주들을 1차적으로 선별하였고, DNS 환원당 측정을 통해 분해 효소 활성을 정량적으로 분석하였다.

분리균주가 amylase, cellulase, protease, lipase를 생성하는지 여부를 정성적인 방법으로 알아보기 위해서 각각 전분(starch), carboxymethyl cellulose(CMC), skim milk, glyceryl trioctanoate[6] 등을 기질로 포함하는 평판배지를 이용하여

Table 1. Partial identification of isolates by 16S rDNA sequence analysis.

Strain	Homologous microorganism (% identity)	GenBank accession no.
KNUC201 ^a	<i>Enterobacter</i> sp. (98%)	EF159724
KNUC202 ^a	<i>Acinetobacter baumannii</i> (100%)	EF159726
KNUC203 ^a	<i>Erwinia cypripedii</i> (98%)	EF159725
KNUC204	<i>Bacillus subtilis</i> (99%)	EF166038
KNUC205	<i>Bacillus subtilis</i> (100%)	EF174523
KNUC206	<i>Bacillus subtilis</i> (99%)	EF174538
KNUC207	<i>Bacillus subtilis</i> (100%)	EF174524
KNUC208	<i>Bacillus subtilis</i> (99%)	EF166039
KNUC209	<i>Bacillus subtilis</i> (99%)	EF166040
KNUC210	<i>Bacillus subtilis</i> (99%)	EF174522
KNUC211	<i>Bacillus subtilis</i> (99%)	EF174525
KNUC212	<i>Bacillus subtilis</i> (99%)	EF174526
KNUC213	<i>Bacillus licheniformis</i> (99%)	EF166042
KNUC214	<i>Bacillus licheniformis</i> (100%)	EF166041
KNUC215	<i>Bacillus licheniformis</i> (100%)	EF174521
KNUC216	<i>Bacillus licheniformis</i> (100%)	EF174520
KNUC217	<i>Bacillus licheniformis</i> (99%)	EF174527
KNUC218	<i>Brevibacillus borstelensis</i> (100%)	EF166043
KNUC219	<i>Brevibacillus borstelensis</i> (99%)	EF174519
KNUC220	<i>Brevibacillus borstelensis</i> (99%)	EF174528
KNUC221	<i>Brevibacillus borstelensis</i> (99%)	EF174529
KNUC222	<i>Brevibacillus borstelensis</i> (99%)	EF174530
KNUC223	<i>Brevibacillus borstelensis</i> (99%)	EF174531
KNUC224	<i>Brevibacillus borstelensis</i> (99%)	EF174532
KNUC225	<i>Bacillus licheniformis</i> (100%)	EF174533
KNUC226	<i>Bacillus massiliensis</i> (99%)	EF174534
KNUC227	<i>Bacillus massiliensis</i> (99%)	EF166044
KNUC228	<i>Bacillus sphaericus</i> (98%)	EF166045
KNUC229	<i>Bacillus sonorensis</i> (99%)	EF174535
KNUC230	<i>Bacillus subtilis</i> (99%)	EF166048
KNUC231	<i>Bacillus subtilis</i> (99%)	EF166049
KNUC232	<i>Bacillus subtilis</i> (99%)	EF166050
KNUC233	<i>Bacillus subtilis</i> (99%)	EF166051
KNUC234	<i>Bacillus subtilis</i> (100%)	EF166053
KNUC235	<i>Bacillus pumilus</i> (99%)	EF174536
KNUC236	<i>Bacillus subtilis</i> (99%)	EF174537
KNUC237	<i>Bacillus subtilis</i> (99%)	EF166052
KNUC238	<i>Bacillus subtilis</i> (99%)	EF166054
KNUC239	<i>Bacillus subtilis</i> (99%)	EF166055
KNUC240	<i>Brevibacterium</i> sp. (99%)	EF166056
KNUC241	<i>Brevibacterium</i> sp. (99%)	EF166057
KNUC242	<i>Brevibacterium</i> sp. (99%)	EF166058
KNUC243	<i>Brachybacterium</i> sp. (99%)	EF166047
KNUC244	<i>Dietzia</i> sp. (99%)	EF166046
KNUC245	<i>Dietzia</i> sp. (99%)	EF166059

^a KNUC 201, 202 and 203 were isolated from cryptomeria sawdust.

그 생성 유무를 판별하였다. Amylase 활성 조사는 0.2% 전분이 기질로 첨가된 평판배지에 분리 균을 접종하여 48시간 배양한 후 요오드용액으로 염색하여 그 분해능을 알아보았

다. 요오드용액으로 염색을 하면 미생물에 의해 전분이 분해된 곳은 노란빛의 환으로 나타나며 그 활성이 높을수록 환의 크기도 크다[11-13]. Cellulase는 0.2% CMC가 기질로 첨가된 평판배지를 이용하였다. 0.2% CMC 평판배지에 분리균주를 접종하여 배양한 후, 1 mg/mL 농도의 $C_{32}H_{22}N_6O_6S_2Na_2$ (Congo red)로 염색하였다. 섬유소를 분해하는 활성능력이 있으면 colony 주변에 주황색 환이 생성된다. 그리고 protease와 lipase는 평판배지가 불투명한 흰색이므로 접종시킨 균주의 colony 주변으로 투명 환이 생성되는 것을 보고 활성 유무를 판별하였다. 그 결과 전체 100여 종의 분리균주들 중에서 약 33%가 amylase 활성을 보였고, 약 20%가 cellulase, 약 21%가 protease, 약 23%가 lipase 활성을 각각 보여주었다. KNUC206, 207, 208, 209, 211, 212, 213, 215, 216, 224, 234, 236, 237, 239, 242, 243 등과 같은 경우에는 2 종류 이상의 분해효소 활성 능력을 보여주었다.

정량적인 방법으로 효소 활성 분석도 수행하였다. Amylase와 cellulase 활성 능력 분석은 DNS 환원당 측정법[7, 8]을 사용하였다. 분리균주를 5 ml 액체배지에 접종하여 그 상동액을 조효소액으로 사용하였다. Amylase 활성 능력 테스트

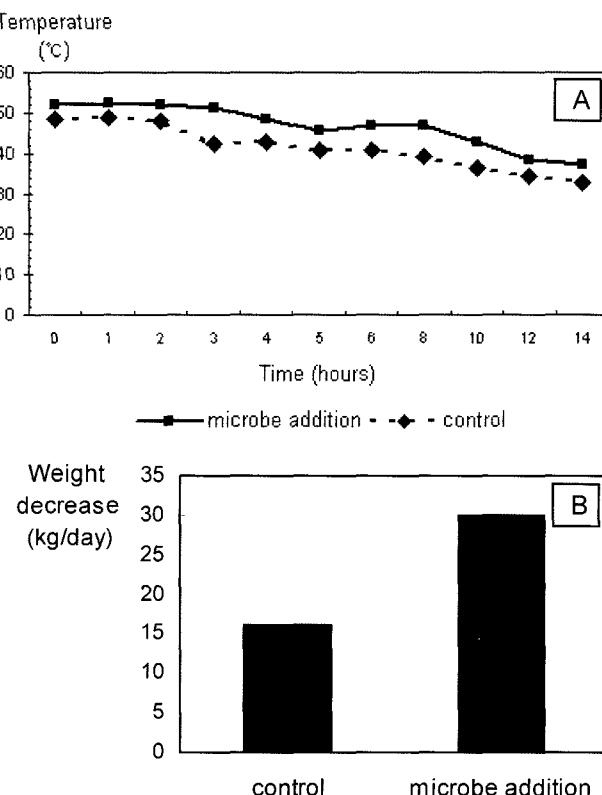


Fig. 2. Comparison of degradative effects on addition of thermophilic isolates or not. (A) Change of temperature in the Mugri machine, with or without microbe addition. In the case of microbe addition, temperature was about 6°C higher than that of the control. (B) Weight decrement of food wastes. In the case of microbe addition, degradation of food wastes was almost about two times higher than that of the control.

에서는 50 mM Tris-HCl(pH 8.0)를 완충용액으로 사용하여 1% 전분을 기질로 준비하였고 cellulase 활성 능력 테스트에서는 0.1 M sodium acetate buffer(pH 4.8)를 완충용액으로 사용하여 1% carboxymethyl cellulose를 기질로 준비하여 사용하였다. 이렇게 준비된 기질을 조효소액과 섞어 반응시킨 후 3,5-dinitrosalicylic acid(DNS) 반응시약을 첨가하고 100°C에서 10분간 처리하여 발색시킨 후 540 nm에서 흡광도를 측정하였다. 노란빛의 반응액은 기질이 많이 분해되어 당의 양이 많을수록 점점 짙은 갈색으로 그 색이 변하게 된다. 기준곡선으로 glucose를 1, 10, 50, 100, 150, 200, 300, 400, 500, 600, 700, 800, 900, or 1000 mg/mL의 농도로 희석한 용액의 흡광도를 측정하여 사용하였다. 1 unit은 조효소액 1 mL가 1분 동안 당 1 mg을 생성하는 양으로 정하였다. 그 결과 KNUC 206, 209, 211, 216, 231, 232, 235, 237이 다른 균주에 비해 높은 amylase 활성을 각각 보여주었고 KNUC 207, 209, 211, 231, 237은 cellulase 활성을 각각 보여주었다(data not shown). 음식물 쓰레기 처리 과정에서 이런 분해효소 활성 능력이 있는 균주들에 의해서 음식물 쓰레기의 분해가 활발히 이루어졌으리라 추측되었다. 나아가 이런 분해 활성능력이 있는 균주들의 특성에 대해 파악하여 활성 능력을 높일 수 있는 조건을 조사하여 적용한다면 좀 더 높은 분해 능력을 기대할 수도 있을 것이다. 추후 다양한 조건에서 더 많은 분리균들을 대상으로 높은 분해 능력을 가지는 균주들을 선별하는 작업이 의미를 가질 것이다.

고온성세균 첨가 적용 실험

음식물 쓰레기를 분해하여 소멸 시키는 것은 미생물이다. 따라서 그 분해 활동에 긍정적인 효과가 기대되는 균을 선별하여 직접 음식물 쓰레기 처리 장치에 적용하여 분리균주들을 첨가했을 때 실제 분해에 어떤 긍정적인 효과가 있었는지에 대하여 알아보는 비교실험을 수행하였다. 음식물 쓰레기와 삼나무 톱밥을 고루 섞어 두개의 동일한 음식물 쓰레기 처리 장치에 동량을 나눠 담았다. 그리고 한쪽에는 30여종의 분리균주의 균체를 추가로 첨가하여 하루 동안 전체 무게와 온도 변화를 관찰하였다. 첨가된 균체로는 단계적인 온도 테스트를 통해 고온에서 생장가능하며 효소 활성 능력이 있는 30여종의 분리균주(KNUC 207, KNUC 211, KNUC212, KNUC 214~229, KNUC 235~238 and KNUC 240~242)를 사용하였다. 전 배양과 본 배양 과정을 거쳐 500 mL 액체배지에서 600 nm에서 흡광도가 1~1.5가 될 때까지 충분히 키운 후 그 균체를 모았다. 이렇게 실제 적용실험을 하여 온도변화와 무게변화를 알아본 결과 Fig. 2와 같은 결과를 얻을 수 있었다.

하루 동안 장치 내의 평균 온도는 분리균주들을 첨가하였을 경우 47°C로서 대조군의 41°C보다 약 6°C 정도 높았다.

최고 온도에 있어서도 분리균주들을 투입한 경우 52.5°C로 대조군 48.8°C에 비해 4°C 정도 높았다. 그리고 무게 변화를 관찰한 결과 분리균주들을 투입한 경우 30 kg 이 감소하였고 대조군은 16 kg 감소로 분리균주들을 첨가한 경우가 대조군에 비해 무게 감소량이 2배나 많았다. 대조군에 비해 분리균주들을 첨가한 경우가 온도에 있어서도 좀 더 고온이 유지 되면서 분해가 잘 되었고 실제 무게 변화에 있어서도 긍정적인 효과를 보여주었다. 이를 통해 완전소멸방식으로 음식물 쓰레기를 처리하는데 있어서 선별된 미생물을 투입하는 것은 분해과정에서 긍정적인 효과를 보일 것으로 여겨진다.

본 연구는 음식물 쓰레기의 효율적인 처리를 목적으로 완전 소멸 방식의 음식물 쓰레기 처리 장치에서 분해된 산물로부터 세균을 분리하여 온도 테스트를 거쳐 고온성균주를 선별하였다. 그리고 분리균주들을 대상으로 4가지 분해효소(amylase, cellulase, protease, lipase)에 대한 활성 능력을 점성적인 방법과 정량적인 방법으로 알아보았다. 이렇게 확보된 고온성의 분해 활성 능력이 상대적으로 높은 균주들 30여종을 선별하여 직접 음식물 쓰레기 처리 장치에 적용하여 그 분해 능률을 비교해본 결과 분리균주들을 첨가한 경우가 온도 면에서나 무게 감량 면에서 긍정적인 결과를 보여주었다. 앞으로 이런 연구가 심도있게 진행되어 고염, 고온 등 다양한 환경에서 미생물을 분리하여 유기물에 대한 분해 능력이 뛰어난 미생물을 선별하여 음식물 쓰레기의 종류와 상황에 따라서 적절한 미생물 혼합물을 첨가한다면 음식물 쓰레기의 처리에 많은 효과를 기대할 수 있을 것이다.

감사의 글

본 연구는 경북대학교 휴먼팩트연구소의 지원에 의하여 수행되었으며, 이에 감사드립니다.

REFERENCES

- Suh, M. G., S. B. Lee, K. E. Lee, and S. H. Lee. 2001. A study on reduction of food waste. *Kor. J. Env. Hlth. Soc.* **27**: 14-19.
- Alya, S. K., H. Anissa, E. H. A. Nedra, G. F. Basma, K. Safia, and N. Moncef. 2006. Stability of thermostable alkaline protease from *Bacillus licheniformis* RP1 in commercial solid laundry detergent formulations. *Microbiol. Res.* **161**: 1-8.
- Lapygina, E. V., L. V. Lysak, and D. G. Zvyagintsev. 2002. Tolerance of soil bacterial complexes to salt shock. *Microbiology* **71**: 143-147.
- Ugwuanyi, J. O., L. M. Harvey, and B. McNeil. 2005. Effect of digestion temperature and pH on treatment efficiency and evolution of volatile fatty acids during thermophilic aerobic digestion of model high strength agricultural waste.

- Bioresour. Technol.* **96**: 707-719.
5. Choi, E.-H., S.-E. Lee, K. S. Yoon, D.-K. Kwon, J.-K. Shon, S.-H. Park, M.-S. Han and S.-Y. Ghim. 2003. Isolation of nitrogen-fixing bacteria from gramineous crops and measurements of nitrogenase activity. *Kor. J. Microbiol. Biotechnol.* **31**: 18-24.
 6. Min, S. G., J. H. Kim, T. W. Kim, and K. N. Kim. 2003. Isolation and Identification of protease producing bacteria in kimchi. *Kor. J. Food Sci. Technol.* **35**: 666-670.
 7. Miller, G. L. 1959. Use of dinitrosalicylic acid reagent for determination of reducing sugar. *Anal. Chem.* **31**: 426-428.
 8. Kurosawa, K., T. Hosaka, N. Tamehiro, T. Inaoka, and K. Ochi. 2006. Improvement of α -amylase production by modulation of ribosomal component protein S12 in *Bacillus subtilis* 168. *Appl. Environ. Microbiol.* **72**: 71-77.
 9. Shin, H. S., and J. H. Youn. 2005. Conversion of food waste into hydrogen by thermophilic acidogenesis. *Biodegradation* **16**: 33-44.
 10. Haruta, S., T. Nakayama, K. Nakamura, H. Hemmi, M. Ishii, Y. Igarashi, and T. Nishino. 2005. Microbial Diversity in Biodegradation and Reutilization Processes of Garbage. *J. Biosci. Bioeng.* **99**: 1-11.
 11. Smith, R.E. 1977. Rapid tube test for detecting fungal cellulase production. *Appl. Environ. Microbiol.* **33**: 980-981.
 12. Vuong, C., F. Gotz, and M. Otto. 2000. Construction and Characterization of an agr Deletion Mutant of *Staphylococcus epidermidis*. *Infect. Immun.* **68**: 1048-1053.
 13. Alford, J. A., D. A. Pierce, and F. G. Suggs. 1964. Activity of microbial lipases on natural fats and synthetic triglycerides. *J. Lipid Res.* **5**: 390-394.
 14. Yamada, Y. and Y. Kawase. 2006. Aerobic composting of waste activated sludge: Kinetic analysis for microbiological reaction and oxygen consumption. *Waste Managemen.* **26**: 49-61.
 15. Choi, W. S. and D. H. Bai. 2003. Isolation and production of amylase from soil microorganism. *J. New Mater. Technol.* **12**: 6575.
 16. Yun, Y. S., J. I. Park, M. S. Suh, and J. M. Park. 2000. Treatment of food wastes using slurry-phase decomposition. *Bioresour. Technol.* **73**: 21-27.
 17. Park, C. H., T. H. Kim, S. Y. Kim, J. W. Lee, and S. W. Kim. 2003. Bioremediation of 2,4,6-Trinitrotoluene contaminated soil in slurry and column reactors. *J. Biosci. Bioeng.* **96**: 429-433.
 18. Gonzales, H. B., K. Takyu, H. Sakashita, Y. Nakano, W. Nishijima, and M. Okada. 2005. Biological solubilization and mineralization as novel approach for the pretreatment of food waste. *Chemosphere* **58**: 57-63.
 19. Kwon, S. H., J. A. Kwon, D. H. Lee, and T. D. Kim. 2001. The effect of pH readjustment on the treatment efficiency of food waste in fed-batch composting process. *J. Kor. Solid Wastes Eng. Soc.* **18**: 218-227.
 20. Kwon, S. H., D. H. Lee, and T. D. Kim. 2001. Evaluation of food waste compostingprocess controlled the compost pH using the condensate properties. *J. Kor. Solid Wastes Eng. Soc.* **18**: 372-380.

(Received Nov. 20, 2006/Accepted Dec. 19, 2006)