



폭기 에너지 저감 연속회분식반응조 운전과 미생물 군집 변화 특성

Performance of sequencing batch reactor under aeration-limited condition and characteristics of microbial community change

황국선^{1,3}·신동혁¹·정인교¹·박성제¹·장인수¹·김정배²·최정동^{1*}

Kuksun Hwang^{1,3}·Donghyeok Shin¹·Ingyo Jeong¹·Sungje Park¹·Insoo Chang¹·Jeongbae Kim²·Jeongdong Choi^{1*}

¹국립한국교통대학교 환경공학과, 충청북도 충주시 대소원면 대학로 50, 27469

²계명대학교 환경학부 지구환경학, 대구광역시 달서구 달구벌대로 1095, 42601

³KG엔지니어링 종합건축사사무소 환경평가부, 서울특별시 송파구 정의로7길 6, 05835

¹Department of Environmental Engineering, Korea National University of Transportation, 50 Daehak-ro, Daesowon, Chungju, Chungbuk, 27469

²Department of Environment, Keumyung University, 1095 Dalgubeol-daero, Dalseo-gu, Daegu, 42601

³Department of Environmental Assessment, KG ENGINEERING&ARCHITECTURE CO., LTD., 6 Jeongui-ro 7-gil, Songpa-gu, Seoul, 05835

pp. 177-190

pp. 191-204

pp. 205-213

pp. 215-224

pp. 225-234

ABSTRACT

Recent focus on wastewater treatment includes energy-saving and renewable energy generation for energy-independence of water infrastructures. Aeration and pumping in biological wastewater removal processes account for nearly 30-60% of the total electricity cost in real wastewater treatment plants. In this study, the performance and microbial characteristics were investigated in sequencing batch reactor under typical oxygen and oxygen limited condition. Under typical DO (7.55±0.99 mg/L) and low DO (0.23±0.08 mg/L) conditions, COD removal was stable over 91 % during SBR operation. Ammonia removal efficiency was reduced from 95.6 % to 89.2 % when DO concentration was dropped sharply. Phosphorus removal efficiency also reached 77% at oxygen-limited condition. The results indicated that removal efficiency both ammonia and phosphorus was influenced by DO condition. Microbial analysis revealed that *Proteobacteria* and *Bacteroidetes* at phylum level was dominant in typical DO and low DO conditions and DO concentration did not much affect phylum distribution. Population decrease of genera of nitrifying bacteria(*Dokdonella*) and *Dechloromonas spp.* affect removal efficiency of nitrogen and phosphorus at low DO condition.

Key words: Aeration control, Low-DO, SBR, Wastewater-energy, Microbial community

주제어: 폭기량 조절, 낮은 용존산소, 연속회분식반응조, 하수-에너지, 미생물 군집

1. 서 론

국내 공공하수처리시설은 2016년 말 현재 하수처리

시설은 3,963개소로, 하수처리시설 용량은 약 25,671 천 m³/일로 전력사용량은 3,136 GWh로 국내 총 전력 사용량 중 하수처리시설의 전력 사용량 비율은 약 0.8%로 나타났다 (Ministry of Environment, 2016). 하수처리시설에서 사용되는 에너지는 전력이 전체의 98% 이상으로

Received 2 May 2019, revised 24 May 2018, accepted 28 May 2019.

*Corresponding author: Jeongdong Choi (E-mail: jchoi@ut.ac.kr)

거의 대부분을 차지하고 있으며, 생물반응조의 폭기와 하수 유입펌프에서 61.4%로 가장 많은 전력을 사용하고 있으며 재생에너지 이용률은 광역으로 구분할 때, 서울이 27%로 가장 높으며 그 외 지역은 대부분이 5%에 미치지 못하는 것으로 조사되었다 (Ministry of Environment, 2016). 최근 우리나라는 에너지 저감 및 신재생에너지 생산을 위해서 공공하수처리시설을 대상으로 소화가스 증대 발전설비 및 탈황설비 추가 설치로 신재생에너지 생산량을 증가하고 ‘공공하수처리시설의 에너지자립화’를 실현하는 사업을 시행 중에 있다. 하수처리시설을 대상으로 한 에너지자립화는 재생에너지 기술로 소화가스발전 및 태양광 발전을 중심으로 진행되고 있다 (Kim et al., 2010). 그러나, 위에서 언급한 것처럼 공공하수처리시설에 사용되는 에너지는 폭기 및 펌프 시설 부분에서 다량으로 소모되는 전력을 감소시키면서 하수처리 효율을 유지할 수 있는 방안이 필요하다.

전통적인 하수처리 방법인 활성슬러지공정(activated sludge process)은 유기물, 질소 및 인의 영양소(nutrient)를 제거하기 위해서 고효율 폭기 조건에서 미생물의 활동을 이용하는 것으로 생물학적 영양물질 제거(biological nutrient removal, BNR)라 불린다. 실제로 BNR공정은 다량의 폭기(extended aeration)를 이용하고 이는 하수처리 시설 전체 공정의 에너지 소비량의 30~60%까지 소요된다고 보고되었다 (Appelbaum, 2002; Tchobanoglous et al., 2003). 따라서, 폭기량을 감소시켜 에너지 저감을 달성하고 동시에 방류수 기준을 준수할 수 있는 운전 조건은 하수처리장 운영의 에너지 자립화를 실현하기 위한 하나의 방법이 될 수 있다. 기존의 연구자들은 낮은 용존 산소 조건에서 유기물 및 질소의 생물학적 제거와 관련된 연구를 다양한 하수처리 공정에서 시도하였다 (Hu et al., 2005, Liu et al., 2013). Daigger and Littleton (2014)는 처리공정에서 낮은 용존산소의 운전으로 질산화와 탈질을 동시에 달성할 수 있다고 보고했다. 현장 규모의 실험으로 UCT 공정의 혐기-무산소-호기의 반응에서 낮은 용존 산소로 운전시 안정적인 운전을 보였으며 생물학적 인제거효율은 90%에 이르렀다 (Keene et al., 2017). 산화구 공정에서는 낮은 폭기로 운전되는 구간에서도 총 질소 제거율이 50% 이상을 보였으며(Park et al., 2002), 분리막 생물반응조(membrane bioreactor, MBR) 운전의 경우에서도 낮은 용존산소 조건에서 질산화와 탈질 반응을 효율적으로 이끌어 냈다 (Rieger et al., 2014). 기존의 연구를 바탕으로 볼 때, 낮은 용존 산

소 농도에서 하수처리공정 운전은 폭기로 인해서 소비되는 에너지의 저감과 동시에 처리수질을 유지할 수 있는 방안이라 할 수 있다.

폭기 저감을 통한 연구 사례는 비교적 규모가 큰 처리장에서 운영되고 있는 공정을 묘사하기 위한 실험실 및 현장규모의 사례가 보고되었다. 그러나, 국내에서 운영 중인 하루 처리량이 500톤 혹은 그 이하인 시설에는 연속 회분식 반응조(sequencing batch reactor, SBR)가 상당수 운전되고 있는 실정이다. 특히, 100톤 이하의 소규모 하수처리시설의 경우 무인자동화로 운전되고 있기 때문에 대부분 에너지소모는 유입·유출 펌프 및 폭기시 필요한 전력으로 분석된다. 또한, 기존의 연구사례는 UCT 공정 기반, 산화구 및 분리막 생물반응조에 국한되어 본 연구에서 수행한 SBR 기반의 연구는 타 연구와의 차별성을 가지며 운전 데이터 및 결과 자료는 공공하수처리 시설 에너지자립화를 위한 자료로 활용이 가능할 것이다.

따라서, 본 연구에서는 소규모 하수처리시설에 가장 많이 사용되며 각종 부하에 강하고 운전이 용이한 SBR 공정을 묘사하기 위해서 실험실 규모의 반응조를 이용하였다. 정상상태 DO조건과 DO가 제한된 환경에서 반응조 운전 특성과 미생물 군집의 변화의 특성을 연구하고자 하였다.

2. 재료 및 방법

2.1 반응조 구성 및 운전

본 연구에서 사용된 반응조는 직경 15 cm x 높이 25 cm로 구성된 총 4 L 부피인 아크릴 원통형 반응조를 제작하였다. SBR 시스템은 Fig. 1에 도식화되었고 유입탱크, 생물반응조, 유출탱크로 구성되고 반응조 내에 폭기 장치를 두고 pH를 실시간으로 모니터링 할 수 있게 구성하였다. 생물반응조 내 seed 슬러지는 full-scale 하수처리장의 호기성과 무산소 반응조 내의 슬러지를 각 50%(volume 기반) 혼합하여 1 L를 반응조에 식종하였다. 나머지 2리터 용량은 하수처리장의 유입수를 주입하여 유효용량은 3리터 기준으로 유지하였다. 운전방법은 Table 1에 나타내었으며 12시간을 1 cycle로 운전되는 반응조 운전 순서는 fill 15분, react (anoxic) 4시간, react (oxic) 6시간, settle 30분, decant 15분, idle 60분으로 구성되었다. 총 반응조 운전기간 약 210일 중 정상적인 폭기 상태(DO, 약 7.55±0.99 mg/L)는

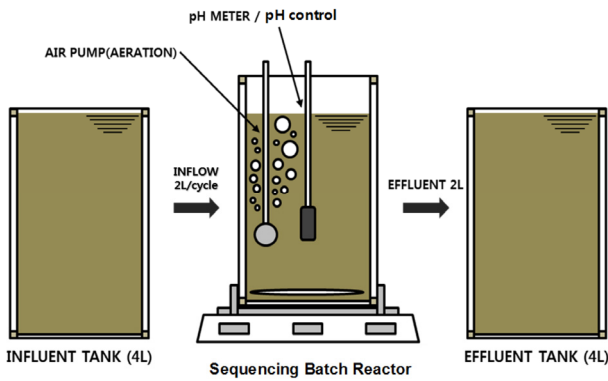


Fig. 1. Schemes of the experimental set-up.

Table 1. Operating cycle in sequencing batch reactor

Operating cycle (1cycle / 12hr)	Time
Fill	15 min
React (anoxic)	4 hr
React (aerobic)	6 hr
Settle	30 min
Decant	15 min
Idle	60 min

약 75일간 유지되었으며 그 후 폭기 제한 조건(DO, 약 0.23 ± 0.08 mg/L)으로 반응조를 유지하였으며 반응조 내 pH는 7.5부근을 유지할 수 있게 하였다.

반응조 운전을 진행하는 동안 지역적인 특징으로 인하여 실패수의 낮은 COD의 유입을 지속적으로 확인할 수 있었으며 유기물 및 영양물질의 일정한 농도 유지를 위하여 glucose(C₆H₁₂O₆), ammonium chloride(NH₄Cl), potassium phosphate (KH₂PO₄)를 인위적으로 혼합하여 COD, NH₃-N, PO₄³⁻-P를 약 280 mg/L, 21 mg/L, 5 mg/L로 유지시켜 주었다.

2.2 Batch cycle 모니터링

반응조 운전 cycle이 12시간에 완료되어 12시간 동안 수질 변화 양상을 모니터링하였다. 폭기가 정상적으로 이루어진 50일과 폭기 제한상태에서 장기간 운전된 150일 시점에, 1 cycle의 반응이 끝난 시점부터 시작하여 두 시간 간격으로 샘플을 채취하여 주요 수질항목인 COD, NH₃-N, PO₄³⁻-P를 측정하였다.

2.3 수질분석

용존성 물질을 측정하기 위하여 샘플 채취 후 0.45

µm 여과지를 사용하여 여과하였으며 수질분석은 우리나라 공정시험법을 기준으로 분석하였다. 공정시험 기준으로 COD, NH₃-N, PO₄³⁻-P의 경우 각각 ES 04315.3C, ES 04355.1C, ES 04360.2C를 적용하였다. 그 외, TSS 및 VSS 분석을 공정시험법에 준하여 주기적으로 실시하였다.

2.4 미생물 분석

미생물을 비교·분석하기 위해 반응조 운전 초기의 미생물 시료(반응조 운전 5일 시점)와 폭기 제한 상태에서 미생물 시료를 반응조에서 채취하였다(반응조 운전 170일 시점).

채취된 샘플의 genomic DNA를 분리하기 위해서 soil DNA extraction kit(NucleoSpin Soil, Macherey-Nagel, Germany)를 사용하였으며 제조사에서 공급한 매뉴얼을 기준으로 DNA를 추출하였다. 추출한 DNA를 nanodrop (Nanodrop, Thermo Scientific, USA)를 이용하여 농도를 측정하였고 -20°C에 보관하였다. 추출된 genomic DNA를 100 ng/µL로 나누어 10 x Taq buffer, dNTP mixture, 10 µM의 fusion primer을 혼합하여 최종 50 µL로 PCR(polymerase chain reaction)을 수행하였다. PCR의 온도 조건은 94°C에서 5분간 initial denaturation, 55°C에서 30초간 primer annealing, 72°C에서 30초간 extension의 과정을 30회 반복 후 72°C에서 7분간 final elongation을 진행하였다. PCR 산물을 2% agarose gel의 전기영동하여 증폭 확인 후 Illumina Misequencing을 이용해 sequencing을 진행하였으며, sequencing을 통해 얻어진 데이터는 NCBI 16S 데이터베이스에서 유전자 염기서열 검색을 통해 비교·분석하여 사용했다 (Macrogen, Korea).

3. 결과 및 고찰

3.1 유기물질 분해

반응조에서 유기물질의 분해는 대부분 호기성 박테리아에 의한 유기물의 산화로 분해가 이루어지고 일부 부분은 생물학적인 인 및 질소의 제거 기작으로 이루어진다. Fig. 2에서 보듯이 DO농도(7.55±0.99 mg/L)를 정상적으로 운전했을 경우 COD의 제거율은 92.4±3.6%를 보였고 폭기를 제한시킨 구간(DO, 0.23 ± 0.08 mg/L) 운전의 경우 91.4±3.4%의 제거율을 보여 폭기량 제한은 유기물 제거율 감소에 큰 영향을 미치지 않는 것으로 판단되었다. 기존의 문헌연구에서도 용존산소의

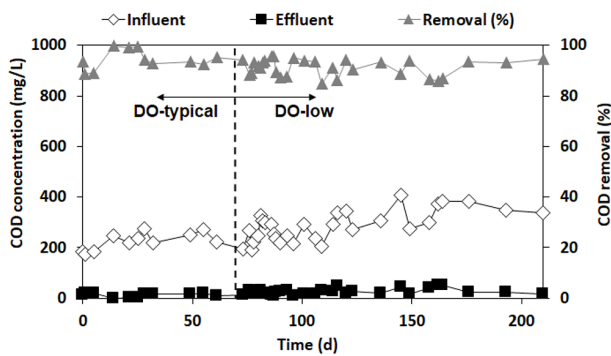


Fig. 2. COD reduction in the sequencing batch reactor.

농도가 0.33 mg/L로 운전될 시 처리공정이 안정되게 운전될 수 있었고 생물학적 인제거에 거의 영향을 미치지 않았다 (Keene et al., 2017).

3.2 영양물질 제거: 질소 및 인

하수 내 질소화합물은 암모니아성 질소(NH₃-N), 아질산성 질소(NO₂⁻-N) 및 질산성 질소(NO₃⁻-N)로 존재하고 질소의 생물학적 분해는 질산화와 탈질 과정 거쳐 질소가스로 전환된다. 질산화 반응은 1차적으로 암모니아가 아질산으로 변화하는 과정과 아질산이 다시 질산성 질소로 전환되는 과정으로 나누어 지고 각각의 공정에 대표적인 미생물은 *Nitrosomonas*와 *Nitrobacter* 이 존재한다. 아래 식은 질산화 과정을 나타낸 것이다.

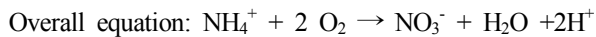
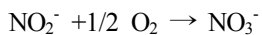
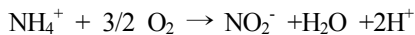


Fig. 3은 반응조의 암모니아 분해를 나타낸 것으로, 정상상태의 DO농도를 유지한 구간에서는 95.6±2.5% (유입평균농도 : 17.22±4.89 mg/L, 유출평균농도 : 0.72±0.44 mg/L)의 제거율을 보였고 폭기를 제한시킨 구간의 평균 제거율은 89.2 ± 4.3%(유입평균농도 : 21.60±4.60 mg/L, 유출평균농도 : 2.41±1.8 mg/L)의 제거율을 보였다. 폭기를 제한시킨 구간의 평균 제거율이 다소 감소하는 것으로 관찰되어 낮은 DO의 농도에 질산화 미생물이 영향을 받는 것으로 판단된다. 일반적으로 활성슬러지 공정에서 질산화 촉진을 전제로 하는 경우 1 g의 암모니아성질소가 질산성질소로 산화되기 위해서는 4.57 g의 산소를 필요로 하고 DO농도가 1 mg/L 이하로 되면 질산화 속도가 저하하게 된다.

(KWWA, 2011). 낮은 DO농도에서 진행되는 불완전 질산화의 경우 처리수의 유기물 농도 측정 시 영향을 미치지 않기 때문에 처리수의 암모니아성질소 농도를 1 mg/L 이하로 유지할 필요가 있으나 본 연구에서는 낮은 DO 농도 조건에서 반응조 운전은 유기물 제거에 영향을 미치지 않는 것으로 판단된다. Fig. 4는 유출수의 질산성 질소를 측정하여 질산화로 생성된 질산성 질소는 무산조 조건에서 중속영양미생물의 활동으로 질소가스로 변환되고 이를 탈질(denitrification)이라 한다.

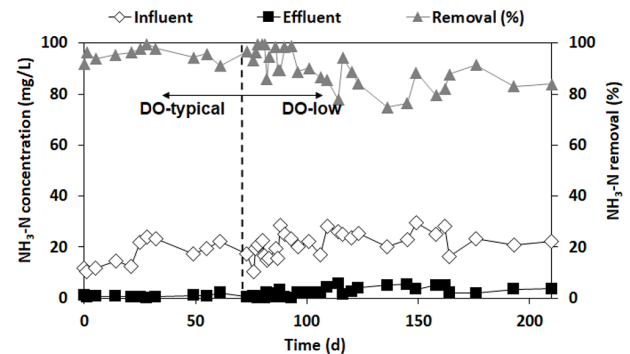


Fig. 3. Ammonia-nitrogen reduction in the sequencing batch reactor.

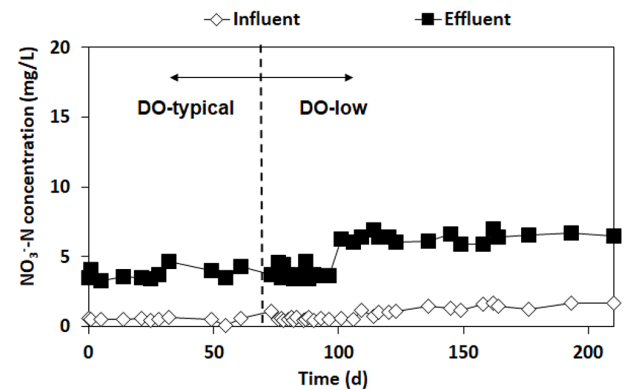


Fig. 4. Nitrate reduction in the sequencing batch reactor.

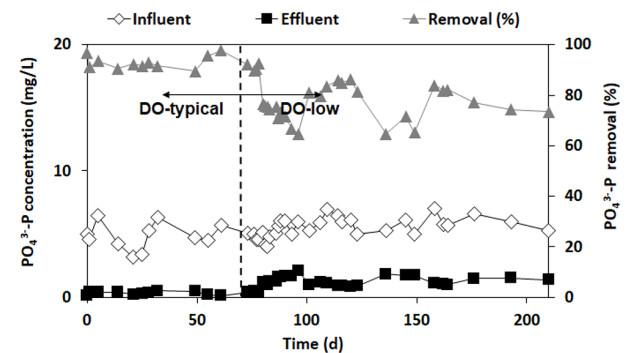


Fig. 5. Phosphorus reduction in the sequencing batch reactor.



정상적인 DO농도를 유지한 구간에서는 5 mg/L의 질산성질소 농도를 유지했으나 낮은 DO농도 운전 구간에는 5 mg/L 이상으로 유지되어 반응조 실패수 유입수 내 질산성질소가 유출수에 다소 영향을 준 것으로 판단된다. 최근 연구자료에 의하면(Liu and Wang, 2013), 단계적으로 DO농도를 감소시켜 0.37 mg DO/L로 운전된 반응조에서 유출수의 암모니아성 질소와 아질산성 질소가 증가되는 것을 확인하였다. 이는 본 연구에서 낮은 DO로 유지한 구간에서 유출수의 암모니아 농도 증가한 것과 비슷한 결과라 할 수 있다.

하수의 생물학적인 인제거는 인축적미생물(polyphosphate

accumulating organisms, PAO)의 물질대사에 기초로 하여 혐기상태에서는 세포 중에 축적된 폴리인산이 가수분해되어 정인산으로 방출되며 유기물이 세포 내 섭취된다. 호기상태에서는 세포 내 저장된 기질이 산화, 분해가 되고 PAO는 이때 발생하는 에너지를 이용하여 방출된 인과 하수 내 존재하는 인을 섭취한다. 이러한 현상을 고도생물학적 인제거(Enhanced biological phosphorus removal, EBPR)이라 하고 화학적 인처리 방법과 비교하여 화학약품 비용과 슬러지 발생량을 줄일 수 있는 장점을 가진다. 또한 생물학적 인제거의 이론은 혐기성 반응조에서 인

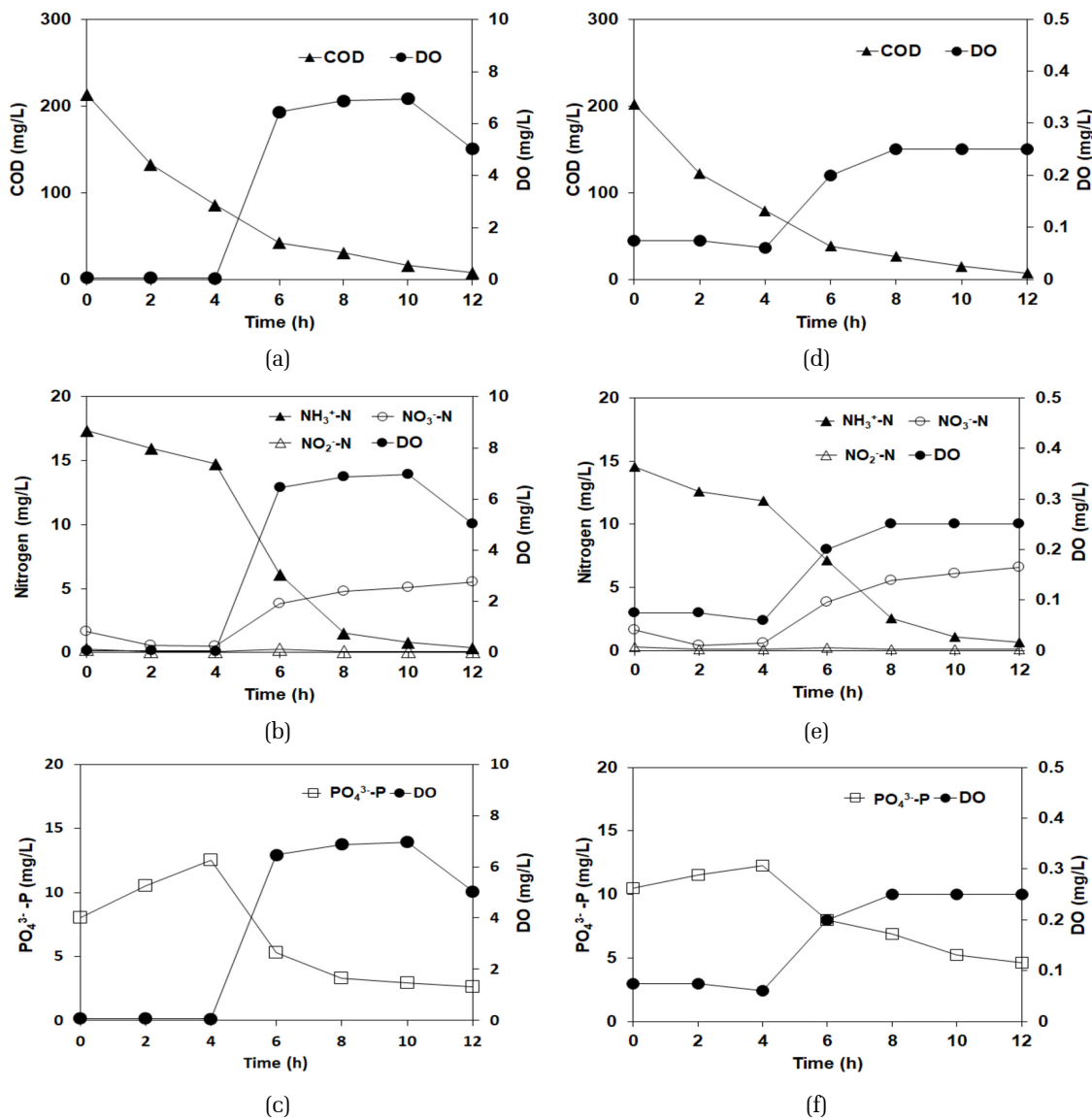


Fig. 6. Batch mode experiment at one cycle (12 hr): (a, b, c) at typical DO condition and (d, e, f) at low DO condition.

의 방출이 일어나지만 기존 문헌에 따르면 통성 혐기/무산소 조건에도 인의 방출에 기여를 하는 미생물이 보고되었으며 이를 DNPAO (Denitrifying PAO)라 하며 최종전자수용체로 산소, 질산, 아질산을 이용한다고 보고되었다 (Sun et al., 2015). Fig. 5는 인의 생물학적인 제거를 모니터링한 결과를 나타낸 것으로 정상 DO농도를 유지한 구간에서는 PAO의 인 흡수가 이루어져 인 제거율은 $92.92 \pm 2.55\%$ 에 이르렀다. 그러나 낮은 DO농도를 유지한 구간에서는 유출수에 인의 농도가 증가를 하였으며 제거율은 $77.74 \pm 7.73\%$ 로 하락하였다. 이는 호기성 조건에서 DO농도가 낮게 유지되어 PAO가 충분히 인을 흡수하지 못한 것으로 판단된다.

3.3 반응조 one cycle 모니터링: 정상 DO농도와 낮은 DO농도 운전 비교

본 연구에서 사용된 반응조 운전은 하루에 2 cycle로 운전되었으며 1 cycle인 12시간의 실험 결과를 Fig. 6에 나타내었다. Fig. 6 (a,b,c)는 정상적인 DO농도 운전 구간이며 Fig. 6 (d, e, f)는 낮은 DO농도 구간을 나타낸 것으로, 초기 4시간은 무산소 조건이고 그 후 6시간은 폭기되는 조건이다. COD 제거의 경우 낮은 DO농도와 정상 DO농도 조건에서 비슷한 분해결과를 보였다. 이는 3.1 장에서 언급한 유기물 제거율에서 DO농도가 큰 영향을 미치지 않은 결과와 같은 것이라 할 수 있다. 질소분해의 모니터링에서는 12시간의 반응이 끝난 시점에서 정상 DO운전 구간보다 낮은 DO운전 구간에서 암모니아 및 질산염의 농도가 다소 증가하여 간접적으로 질산화 미생물의 활동이 낮은 DO농도에 영향을 받는 것을 알 수 있다. 인 제거의 경우 정

상 DO농도로 운전한 구간(Fig. 6c)에서 인의 방출 속도가 낮은 DO농도로 운전한 구간속도보다 높은 것을 알 수 있다. 반응조가 호기성으로 운전되는 구간에서 인의 흡수도 낮은 DO로 운전되는 조건 보다 효율이 높아 DO농도가 생물학적 인제거에 영향을 미치는 것을 알 수 있었다.

3.4 반응조 내 미생물 분석: 정상 DO농도 운전과 낮은 DO농도 운전 비교

미생물의 분석은 next-generation sequencing(NGS)에 기반한 차세대 염기서열 분석법을 사용하였으며 이는 하나의 유전체를 무수히 많은 조각으로 분해하여 각 조각을 동시에 읽어낸 뒤, 전산기술을 이용하여 조합함으로써 방대한 유전체 정보를 빠르게 해독하는 방법이다. 이 기술은 현재 유전체 연구의 핵심기술로 자리 잡았으며 최근 환경분야에 빠르게 확산되고 있는 추세이다. Fig. 7은 반응조 내 미생물의 분포를 phylum으로 구분한 것으로 (a)는 정상 DO운전 조건, (b)는 낮은 DO운전 조건에서 미생물의 분포를 나타낸 것이다. 두 반응조에서 공통으로 상위 우점도를 나타내는 phylum은 하수처리에서 오염물질 제거에 관여하는 것으로 알려져 있는 *Proteobacteria*와 *Bacteroidetes*로 확인되었다 (Jia et al., 2019; Chen et al., 2019). Phylum 다양성의 경우, 낮은 DO농도의 반응조는 11개의 phylum이 확인되어 정상 DO로 운전한 반응조 보다 2개 더 많은 phylum을 보였는데 이는 DO농도가 낮아 phylum의 개체군에 영향을 준 것으로 phylum 변화에 상당한 영향을 미친 것은 아닌 것임을 알 수 있었다.

Fig. 8은 class level에서 분류한 것으로 *Gammaproteobacteria*

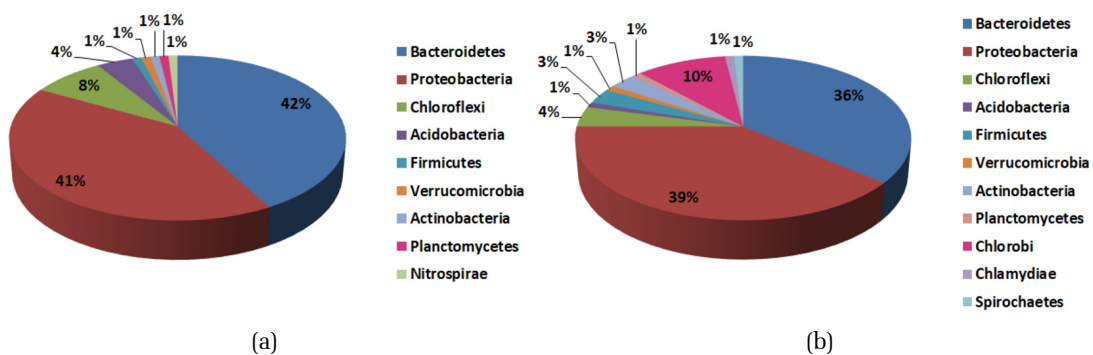


Fig. 7. Abundance of phylum level in typical-DO reactor (a) and low-DO reactor (b). The abundance less than 1.0% was eliminated.

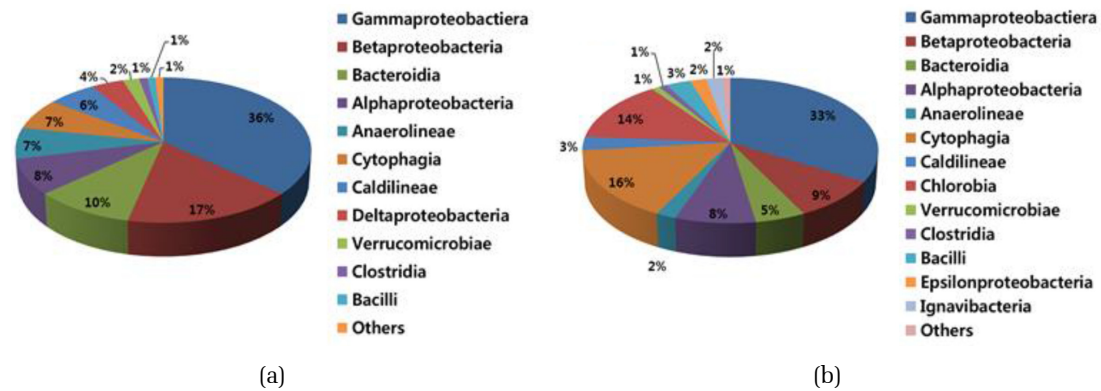


Fig. 8. Classification of class level in typical-DO reactor (a) and low-DO reactor (b). The abundance less than 1.0% was eliminated.

의 경우 두 반응조에서 비슷한 분포를 보였다. 그러나 *Betaproteobacteria*와 *Bacteroidia*는 정상 DO를 유지한 경우는 각각 17%, 10%였으나 낮은 DO농도를 유지한 구간에서는 각각 9%, 5%로 감소하였다. *Cytophagia*는 정상 DO농도에서는 7%였으나 낮은 DO농도에서는 16%로 증가하였으며 *Chlorobia*는 정상 DO농도에서는 발견되지 않았으나 낮은 DO농도에서는 14%로 검출되어 낮은 DO농도에 적응한 결과로 판단된다.

Fig. 9는 genus level 분석 결과를 바탕으로 기능성 군집을 구분한 것이다. *Dokdonella*와 *Lewinella*가 공통으로 우점을 보였으며 *Chlorobaculum*가 낮은 DO 조건에서 우점을 보여주는 것을 확인할 수 있었다. 특히 Low-DO의 영향으로 *Chlorobaculum*와 같은 혐기성박테리아(Freed et al., 2019)의 성장률은 어느 정도 예상할 수 있었으나 낮은 폭기율에도 호기성 박테리아인 *Dokdonella*, *Lewinella* (Yoo et al., 2009; Kang et al., 2017)의 성장을 확인할 수 있었다. 이를 통해 낮은 폭기율에도 박테리아의 산소 전달률에는 영향을 끼치지 않아 호기성 박테리아가 성장한 것으로 판단된다. 낮은 폭기율에 따라 일반적인 운전 형태 보다는 다양한 박테리아가 확인이 되지 않았지만, 수처리에 관여하는 기능성 박테리아는 거의 동일한 것을 확인하였으며 인 제거에 관여하는 미생물은 전반적으로 수가 감소한 것을 확인할 수 있었다.

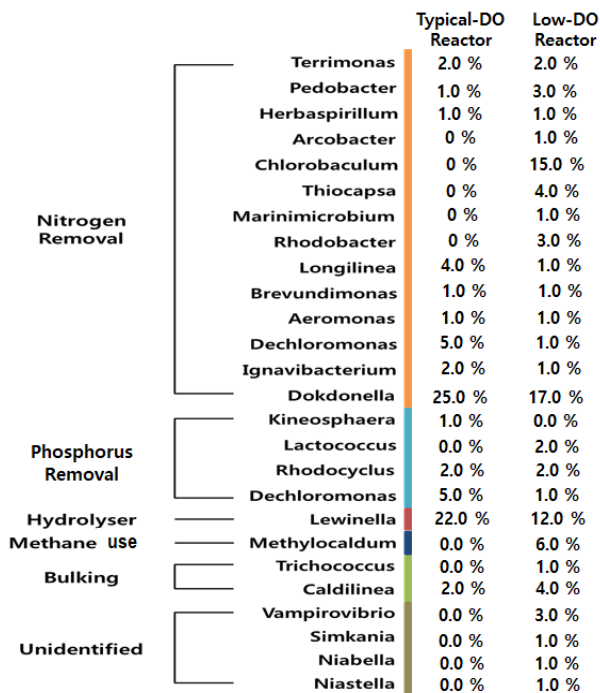


Fig. 9. Genera classification of functional consortia in typical-DO reactor and low-DO reactor. The abundance less than 1.0 % was eliminated.

Table 2는 정상상태 DO조건과 낮은 DO조건에서 질산화, 탈질, 생물학적 인제거에 관여하는 미생물의 문헌에서 보고된 내용과 본 연구에서 발견된 미생물의 genera level에서 분류한 것이다. 질소 제거에 전반적으로 관여를 하는 계통 중 질산화 미생물은 *Terrimonas*, *Pedobacter* 등을 포함한 10종, 탈질화 미생물은 *Aeromonas* 등을 포함한 3종, 인제거에 관여하는 *Dechloromonas* 등을 포함한 박테리아 4종, 가수분해 *Lewinella* 1종, 메탄과 관련된 *Methylocaldum* 1종, 별킹을 일으키는 *Trichococcus*, *Caldilinea* 등으로 확인되었다. 그 외 분리되지 않은 미생물 및 우점도가 낮은 미생물도 다수 발견되었으나 1% 아래의 분포를 보여 제외하였으나 다수의 minor종이 생물학적 제거에 관여를 하는 것으로 판단된다. 미생

Table 2. Genera level at typical DO and Low DO condition.

Genera		Typical DO	Low DO	References
<i>Terrimonas</i>	Nitrification	2%	2%	Jung et al., (2016)
<i>Pedobacter</i>	Nitrification	1%	3%	Vanparys et al., (2005)
<i>Herbaspirillum</i>	Nitrification	1%	1%	Oliveira et al., (2012)
<i>Arcobacter</i>	Nitrification	None	1%	Kong et al., (2013)
<i>Chlorobaculum</i>	Nitrification	None	15%	Wu et al., (2017)
<i>Rhodobacter</i>	Nitrification	None	3%	Schmehl et al., (1993)
<i>Brevundimonas</i>	Nitrification	1%	1%	Ji et al., (2016)
<i>Dechloromonas</i>	Nitrification	5%	3%	Horn et al., (2005)
<i>Ignavibacterium</i>	Nitrification	2	1%	Tian et al., (2015)
<i>Dokdonella</i>	Nitrification	25%	17%	Figuroa-González et al., (2016)
<i>Marinimicrobium</i>	Denitrification	None	1%	Bertagnolli et al., (2017)
<i>Aeromonas</i>	Denitrification	1%	1%	Chen et al., (2014)
<i>Thiocapsa</i>	Denitrification	None	4%	Schott et al., (2010)
<i>Kineosphaera</i>	Phosphorus removal	1%	None	genomes online database
<i>Lactococcus</i>	Phosphorus removal	None	2%	Vuyst et al., (1993)
<i>Rhodocyclus</i>	Phosphorus removal	2%	2%	Zilles et al., (2002)
<i>Dechloromonas</i>	Phosphorus removal	5%	1%	Horn et al., (2005)
<i>Lewinella</i>	Hydrolyser	22%	12%	Sun et al., (2018)
<i>Methylocaldum</i>	Methane	None	6%	Eshinimaev et al., (2004)
<i>Caldilinea</i>	Sludge bulking	2%	4%	Wang et al., (2016)
<i>Trichococcus</i>	Sludge bulking	None	1%	Wang et al., (2016)

물학적으로 질소제거에 관여하는 주요 미생물은 낮은 DO조건에서 감소한 것을 보였으며 인 제거 미생물도 비슷한 경향을 보였다. DO가 낮아질수록 혐기성관련 미생물과 슬러지 벌킹을 유발하는 미생물의 개체분포는 증가하였다. 기존 논문에서 Liu and Wang (2013)은 장기간에 걸친 낮은 DO(<0.5 mg/L)의 노출이 질산화 미생물의 군집을 변화시킨다는 보고가 있었다. 즉, 장기간 낮은 DO의 영향으로 Nitrosomonas와 같은 ammonia-oxidizing bacteria(AOB)는 우점하는 경향을 보였고 Nitrobacteria종의 nitrite-oxidizing bacteria(NO)보다 Nitrospira종의 NOB가 우점하는 경향을 보였다.

4. 결 론

본 연구에서는 정상DO농도 조건에서 SBR을 운전한 경우와 낮은 DO조건에서의 반응조운전 특성을 비교하였고 이에 따른 미생물 분포 특성을 분석하였다. 0.23 mg/L 정도의 낮은 DO농도에서 운전한 결과, 91% 이상

의 안정적인 COD 제거율을 확인하였으며 NH₃-N의 경우에는 90% 정도의 제거율로 정상DO농도 조건 상태와 비교하여 다소 감소하는 경향을 보였다. 낮은 DO조건에서 PO₄³⁻-P는 77%의 제거율을 보여 정상 DO농도 조건과 비교하여 약 15% 정도가 감소하였다. 이는 급격하게 DO를 낮출 경우 장기적으로 반응조 운전에 악영향을 끼치는 것으로 판단된다. 그러나 단기적인 DO변화를 통해서 미생물의 적응기간이 충분히 주어진다 면 제거율에 미치는 영향은 줄어들 것으로 판단된다. 미생물 분석결과로 phylum level에서 공통적으로 Proteobacteria와 Bacteroidetes가 상당수 분포하는 것은 하수의 일반적인 특징을 나타내는 것으로 이해할 수 있으며 질산화 제거율의 감소는 질산화에 관여하는 genera의 몇몇 분포 감소로 판단된다. 또한 인제거의 현저한 감소는 낮은 DO농도 상태의 전환에 의해서 인제거에 관여하는 Dechloromonas 등의 미생물 분포감소가 간접적인 원인일 것이다. 미생물 분석에서 unidentified 군이 상당히 많은 것으로 보아 알려지지 않은 군집 또



한 하수처리에 영향을 주었을 것이라 판단된다. 본 실험은 급격하게 DO농도를 낮추어 실험하였으나 추후 단계적으로 DO를 낮추어 처리효율을 안정하게 하고 미생물의 군집 적응력을 향상시킬 수 있는 추가적인 실험이 필요할 것이다. 뿐만 아니라 향후 단계적인 폭 기량 저감 연구를 통해서 운영비(전력비)를 얼마나 감소시킬 수 있는지 검토가 필요할 것으로 판단된다.

사 사

본 논문은 한국연구재단 기초연구지원사업(2017R1C1B2003943) 지원 및 환경부의 폐자원에너지화 재활용 전문인력양성 사업의 일부분으로서 연구비의 지원에 감사드립니다.

References

Appelbaum, B. (2002). Water and sustainability: U.S. Electricity consumption for water supply & treatment - the next half century, EPRI. Palo Alto. CA, 1006787, 3(1-14).

Bertagnolli, A.D., Padilla, C.C., Glass, J.B., Thamdrup, B. and Stewart, F.J. (2017). Metabolic potential and in situ activity of marine Marinimicrobia bacteria in an anoxic water column, *Environ. Microbiol.*, 19(11), 4392-4416.

Chen, J., Yang, Y., Liu, Y., Tang, M., Wang, R., Zhang, C., Jie, J. and Jia, C. (2019). Bacterial community shift in response to a deep municipal tail wastewater treatment system, *Bioresour. Technol.*, 281, 195-201.

Chen, M., Wang, W., Feng, Y., Zhu, X., Zhou, H., Tan, Z. and Li, X. (2014). Impact resistance of different factors on ammonia removal by heterotrophic nitrification-aerobic denitrification bacterium *Aeromonas* sp. HN-02, *Bioresour. Technol.*, 167, 456-61.

Daigger, G.T. and Littleton, H.X. (2014). Simultaneous biological nutrient removal: a state-of-the-art review, *Water. Environ. Res.*, 86 (3), 245-257.

Freed, S., Robertson, S., Meyer, T. and Kyndt, J. (2019). Draft whole-genome sequence of the green sulfur photosynthetic bacterium *Chlorobaculum* sp. strain 24CR, isolated from the Carmel River, *Microbiol. Resour. Announc.*, 8(12).

Figueroa-González, I., Quijano, G., Laguna, I., Muñoz, R. and García-Encina, P.A. (2016). A fundamental study on biological removal of N₂O in the presence of oxygen, *Chemosphere*, 158, 9-16.

Horn, M.A., Ihssen, J., Matthies, C., Schramm, A., Acker, G. and Drake, H.L. (2005). *Dechloromonas denitrificans* sp. nov., *Flavobacterium denitrificans* sp. nov., *Paenibacillus anaericanus* sp. nov. and *Paenibacillus terrae* strain MH72, N₂O-producing bacteria isolated from the gut of the earthworm *Aporrectodea caliginosa*, *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.*, 95440.

Hu, J.Y., Ong, S.L., Ng, W.J., Lu, F. and Fan, X.J. (2003). A new method for characterizing denitrifying phosphorus removal bacteria by using three different types of electron acceptors, *Water Res.*, 37(14), 3463-3471.

Ji, B., Chen, Wei., Zhu, Lei., and Yang, Kai. (2016). Isolation of aluminum-tolerant bacteria capable of nitrogen removal in activated sludge, *Mar. Pollut. Bull.*, 106, 31-34.

Jia, X., Bradle, W.S., Kevin, C., Bowen, Z., Jovanny, Z., Christopher, M.T., Tatiana, R., Charles, P.G., Ian, L.P., Samendra, P. and Sherchan. (2019). Assessing the spatial and temporal variability of bacterial communities in two Bardenpho wastewater treatment systems via Illumina MiSeq sequencing, *Sci. Total. Environ.*, 657, 1543-1552.

Jung, J.Y. and Choi, D.H. The Method of Removing Nitrogen in Wastewater (2016). <https://patentimages.storage.googleapis.com/ca/31/ae/38e410a7ba4f45/KR101831900B1.pdf> (February 19, 2018).

Kang, H.Y., Kim, H.E., Joung, Y.C. and Hoh, K.S. (2017). *Lewinella maritima* sp. nov., and *Lewinella lacunae* sp. nov., novel bacteria from marine environments, *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.*, 67, 3603-3609.

Keene, A.N. Reusser, R.S. Scarborough, J.M. Grooms, L.A. Seib, M. Domingo, S.J. and Noguera, R.D. (2017). Pilot plant demonstration of stable and efficient high rate biological nutrient removal with low dissolved oxygen conditions, *Water. Res.*, 121, 72-85.

Kim, Y.J., Lee, J.Y. and Kang, Y.T. (2010). Study on energy independence plan for sewage treatment plant, *Korean J. Air-Cond. Refrig. Eng.*, 22, 49-55.

Kong, Q., Zhang, J., Miao, M., Tian, L. and Liang, S. (2013). Partial nitrification and nitrous oxide emission in an intermittently aerated sequencing batch biofilm reactor, *Chem. Eng. J.*, 217, 435-441.

KWWA (Korean Water and Wastewater Association). (2011). *Stand. Sewer. facilities.*, 384.

Lin, Z., Wang, Y., Huang, W., Wang, J., Chen, L., Zhou, J. and He, Q. (2019). Single-stage denitrifying phosphorus removal biofilter utilizing intracellular carbon source for advanced nutrient removal and phosphorus recovery, *Bioresour. Technol.*, 277, 27-36.

pp.177-190

pp. 191-204

pp. 205-213

pp.215-224

pp. 225-234

- Liu, G. and Wang, J. (2013). Long-term low DO enriches and shifts nitrifier community in activated sludge, *Env. Sci. Technol.*, 47, 5109-5117.
- MOE(Ministry of Environment). (2016). Stat. sewer, 11-1480000-000159-10, 3.
- Nielsen, P.H., Kragelund, C., Seviour, R.J. and Nielsen, J.L. (2009). Identity and ecophysiology of filamentous bacteria in activated sludge, *Microbiol. Rev.*, 33(6), 969-998.
- Oliveira, M.A.S., Aquino, B., Bonatto, A.C., Huergo, L.F. and Monteiro, R.A. (2012). Interaction of GlnK with the GAF domain of *Herbaspirillum seropedicae* NifA mediates NH₄⁺-regulation, *Biochimie.*, 94(4), 1041-1047.
- Park, H.D., Regan, J.M. and Noguera, D.R. (2002). Molecular analysis of ammoniaoxidizing bacterial populations in aerated-anoxic orbital processes, *Water. Sci. Technol.*, 46 (1-2), 273-280.
- Rieger, L., Jones, R.M., Dold, P.L. and Bott, C.B. (2014). Ammonia-based feedforward and feedback aeration control in activated sludge processes, *Water Environ. Res.*, 86 (1), 63-73.
- Schott, J., Griffin, B.M., and Schink, B. (2010). Anaerobic phototrophic nitrite oxidation by *Thiocapsa* sp. strain KS1 and *Rhodospseudomonas* sp. strain LQ17, *Microbiol.*, 156, 2428-37.
- Schmehl, M., Jahn, A., Vilsendorf, A.M., Hennecke, S., Masepohl, B., Schuppler, M., Marxer, M., Oelze, J. and Klipp, W. (1993). Identification of a new class of nitrogen fixation genes in *Rhodobacter capsalatus*: a putative membrane complex involved in electron transport to nitrogenase, *Mol. Gen. Genet.*, 241, 602-615.
- Sun, F., Hu, J., Zhou, Y., Mei, R., Wang, C., He, Y. and Wu, W. (2018). High efficient alternating anaerobic/aerobic process for polyester resin wastewater treatment: Performance and microbial community structure, *Biochem. Eng. J.*, 138, 121-130.
- Sun, L., Wang, Z., Wei, X., Li, P., Zhang, H., Li, M., Li, B. and Wang, S. (2015). Enhanced biological nitrogen and phosphorus removal using sequencing batch membrane-aerated biofilm reactor, *Chem. Eng. Sci.*, 135, 559-565.
- Takeuchi, M., Kamagata, Y., Oshima, K., Hanada, S., Tamaki, H., Marumo, K., Maeda, H., Nedachi, M., Hattori, M., Iwasaki, W. and Sakata, S. (2014). *Methylocaldum marinum* sp. nov., a thermotolerant, methane-oxidizing bacterium isolated from marine sediments, and emended description of the genus *Methylocaldum*, *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.*, 64(9), 3240-6.
- Tchobanoglous, G., Burton, F.L. and Stense, I.H.D. (2003). *Wastewater engineering: treatment and reuse*, 4th Eds., McGraw Hill, New York.
- Tian, M., Zhao, F., Shen, X., Chu, K. and Liu, H. (2015). The first metagenome of activated sludge from full-scale anaerobic/anoxic/oxic (A₂O) nitrogen and phosphorus removal reactor using Illumina sequencing, *J. Environ. Sci.*, 35, 181-190.
- Vanparys, B., Heylen, K., Lebbe, L. and De.Vos, P. (2005). *Pedobacter caeni* sp. nov., a novel species isolated from a nitrifying inoculum, *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.*, 55, 1315-8.
- Vuyst, L.D. and Vandamme, E.J. (1993). Influence of the phosphorus and nitrogen source on nisin production in *Lactococcus lactis* subsp. *lactis* batch fermentations using a complex medium, *Appl. Microbiol. Biotechnol.*, 40, 17-22.
- Wang, P., Yu, Z., Qi, R. and Zhang, H. (2016). Detailed comparison of bacterial communities during seasonal sludge bulking in a municipal wastewater treatment plant, *Water Res.*, 105, 157-166.
- Wu, S., He, S., Zhou, W., Gu, J., Huang, J., Gao, L. and Zhang, X. (2017). Decomposition characteristics of three different kinds of aquatic macrophytes and their potential application as carbon resource in constructed wetland, *Environ. Pollut.*, 231, 1122-33.
- Yang, N., Zhan, G., Li, D., He, X. and Wang, C. (2018). Performance and microbial community of a novel non-aeration-based up-flow bioelectrochemical filter (UBEF) treating real domestic wastewater, *Chem. Eng. J.*, 348, 271-280.
- Yoo, S.H., Weon, H.Y., Anandham, R., Kim, B.Y., Hong, S.B., Jeon, Y.A., Koo, B.S. and Kwon, S.W. (2009). *Dokdonella soli* sp. nov., a gammaproteobacterium isolated from soil, *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.*, 59(8), 1965-1968.
- Zheng, W. and Ni, J. (2018). *Nitrogen Removal Characteristics of Aerobic Denitrifying Bacteria and Their Applications in nitrogen oxides emission mitigation*. Springer. Peking University, Beijing, China, 92.
- Zhang, Y., Islam, M.S., McPhedran, K.N., Dong, S., Rashed, E.M., El-Shafei, M.M., Noureldinf, A.M. and El-Din, M.G. (2017). A comparative study of microbial dynamics and phosphorus removal for a two side-stream wastewater treatment processes, *R. Soc. Chem. Adv.*, 7, 45938-48.
- Zilles, J.L., Peccia, J., Kim, M.W., Hung, C.H. and Noguera, D.R. (2002). Involvement of Rhodocyclus-Related Organisms in Phosphorus Removal in Full-Scale Wastewater Treatment Plants, *Appl. Environ. Microbiol.*, 2763-2769.