

통합수질지표 개발을 위한
오염하천에서의 미생물, 조류 및
저서생물 군집의 유형화

Patterning of Microbial, Algal and Macroinvertebrate
Communities from Polluted Streams for Development
of Integrative Water Quality Index

指導教授 高 星 澈

2005年 2月

韓國海洋大學校 大學院

土木環境工學科 環境工學專攻

李 世 恩

본 論文을 李世恩의 工學碩士學位論文으로 認定함

委員長：工學博士 김 인 수 (印)

委 員：理學博士 고 성 철 (印)

委 員：理學博士 김 명 진 (印)

2005年 2月

韓國海洋大學校 大學院

土木環境工學科 環境工學專攻

李 世 恩

List of Contents

Table of Contents	i
List of Tables	iv
List of Figures	viii
Abstract	ix
I. 서론	1
II. 문헌 연구	3
2.1 우리나라의 하천현황	3
2.2 수계환경에서의 저서무척추 생물 군집구조의 분석	4
2.3 수계환경에서 미생물군집구조 및 조류의 군집구조 분석	7
2.4 수리분석을 통합 효율적 통합수질지표 모델 개발 방법 확립	9
2.4.1 Self-organizing mapping(SOM)	9
2.4.2 다층퍼셉트론을 이용한 군집과 환경과의 관계	11
2.4.3 통합수질지표모델개발	12
III. 실험재료 및 실험방법	13
3.1 조사지점	13
3.2 이화학적 환경요인 조사	16
3.3 무기영양염류 농도 측정	17
3.4 미생물 군집분석	17
3.5 부착조류 조사	21
3.6 저서성 대형무척추동물 조사	21

3.7 SOM을 이용한 생물군집의 통합적 유형화	22
IV. 결과 및 고찰	23
4.1. 물리적 환경요인	23
4.1.1. 수온	23
4.1.2. 수심	24
4.1.3. 유속	25
4.2 화학적 환경요인	26
4.2.1 전기전도도	26
4.2.2 탁도	27
4.2.3 BOD ₅	28
4.2.4. COD	30
4.2.5. 총유기탄소량(TOC)과 용존유기탄소량(DOC)	31
4.2.6. 총인(TP)	32
4.2.7. 총유기질소(TKN)	34
4.2.8. 질산성질소(NO ₃ ⁻ -N)	35
4.2.9. 총질소(TN)	36
4.2.10. 암모니아성 질소(NH ₄ -N)	37
4.3. 미소 생태계(Sediment 위 및 내부)의 군집구조 분석	38
4.3.1. 미생물 군집구조분석	38
4.3.2. 저서성 대형무척추동물 군집구조	49
4.3.3. SOM을 이용한 주요 환경 요인의 그룹핑	58
4.3.4. 군집자료를 이용한 그룹핑	60
4.3.4.1 미생물 군집 그룹핑	60
4.3.4.2 조류군집의 분석 및 그룹핑	67
4.3.4.3 저서생물 그룹핑	79

V. 결론 82

참고문헌 83

List of Figures

Fig. 2.1. Schematic diagram of the Kohonen network	10
Fig. 2.2. Multi layer perceptron	11
Fig. 2.3. Pre-modeling for development of water quality index	12
Fig. 3.1. Map of the sampling sites	15
Fig. 3.2. Procedure for the microbial community analysis using PCR-DGGE technique	20
Fig. 4.1. Water column temperature of the sampling sites	24
Fig. 4.2. Water column depth of the sampling sites	24
Fig. 4.3. Water flow velocity of the sampling sites	25
Fig. 4.4. Water column conductivity of the sampling sites	27
Fig. 4.5. Water column turbidity of the sampling sites	28
Fig. 4.6. BOD of water samples from the sampling sites	29
Fig. 4.7. COD of water samples from the sampling sites	30
Fig. 4.8. DOC and TOC of water samples from the sampling sites	31
Fig. 4.9. Concentration of TP of the sampling sites	33
Fig. 4.10. Concentration of TKN of the sampling sites	34
Fig. 4.11. Concentration of NO_3^- -N of the sampling sites	35
Fig. 4.12. Concentration of TN of the sampling sites	36
Fig. 4.13. Concentration of NH_4^+ -N of the sampling sites	37
Fig. 4.14. DGGE profiles of amplified total 16S rDNA from different non polluted and polluted sample	39
Fig. 4.15. DGGE profiles of amplified total 16S rDNA from different	

non polluted and polluted sample	44
Fig. 4.16. DGGE profiles of amplified total 16S rDNA from different non polluted and polluted sample	45
Fig. 4.17. DGGE profiles of amplified total 16S rDNA from different non polluted and polluted sample	47
Fig. 4.18. DGGE profiles of amplified total 16S rDNA from different non polluted and polluted sample	48
Fig. 4.19. Species richness, EPT richness, total density, EPT density of the benthic macroinvertebrates according to the reference and polluted sites	51
Fig. 4.20. Species richness, EPT richness, total density, EPT density of the benthic macroinvertebrates according to the reference and polluted sites	52
Fig. 4.21. Species richness, EPT richness, total density, EPT density of the benthic macroinvertebrates according to the reference and polluted sites	52
Fig. 4.22. Species richness, EPT richness, total density, EPT density of the benthic macroinvertebrates according to the reference and polluted sites	53
Fig. 4.23. Species richness, EPT richness, total density, EPT density of the benthic macroinvertebrates according to the reference and polluted sites	54
Fig. 4.24. Relative species richness of the benthic macroinvertebrates according to the reference and polluted sites	55
Fig. 4.25. Relative species richness of the benthic macroinvertebrates according to the reference and polluted sites	55
Fig. 4.26. Relative species richness of the benthic macroinvertebrates	

according to the reference and polluted sites	56
Fig. 4.27. Relative species richness of the benthic macroinvertebrates according to the reference and polluted sites	57
Fig. 4.28. Relative species richness of the benthic macroinvertebrates according to the reference and polluted sites	57
Fig. 4.29. Relative species richness of the benthic macroinvertebrates according to the reference and polluted sites	58
Fig. 4.30. Grouping of sampling sites of environmental data by SOM upper panel) and its U-matrix(lower left) and environmental parameter distribution according to the sites(lower right)	60
Fig. 4.31. Grouping of the sampling sites based upon microbial population density profiles(upper panel) and its U-matrix(down panel)	61
Fig. 4.32. Grouping of the sampling sites based upon microbial population density profiles(upper panel) and its U-matrix(down panel)	62
Fig. 4.33. Grouping of the sampling sites based upon microbial population density profiles(upper panel) and its U-matrix(down panel)	63
Fig. 4.34. Grouping of the sampling sites based upon microbial population density profiles(upper panel) and its U-matrix(down panel)	64
Fig. 4.35. Grouping of the sampling sites based upon microbial population density profiles(upper panel) and its U-matrix(down panel)	66
Fig. 4.36. Total population density of according to algae the reference and polluted sites	74

Fig. 4.37 .Dominant species Index of algae according to the reference and polluted sites (Aug 2003 - May 2004) 74

Fig. 4.38. Species diversity Index of algae according to the reference and polluted sites (Aug 2003 - May 2004) 75

Fig. 39. Grouping of the sampling sites based upon algae population density by SOM (upper pannel), its U-matrix(middle pannel) and the genus distribution according to the sites(lower pannel) 78

Fig. 4.40. Fig. 4.40. Grouping of sampling sites based upon benthic micro-invertebrate by SOM(upper pannel), its U-matrix(lower left pannel) and the species distribution(lower right pannel) 81

List of Tables

Table 3.1 An abbreviation of the sampling sites	14
Table 4.1 The results of 16S rDNA sequence analysis for DNA bands from the PCR-DGGE gel	40
Table 4.2 Community structures of the benthic macroinvertebrates in the polluted and reference sites	49
Table 4.3 Species richness and EPT richness the benthic macroinvertebrates according to the reference and polluted sites	50

Abstract

The eventual goal of this study was to develop integrated water quality indices used for the effective wastewater management. As a first step to accomplish this goal, various polluted streams were pattern-recognized by analyzing microbial, algal and invertebrate communities through artificial neural networks (ANNs) techniques. The sampling sites were selected based on different sources of pollution: farming, livestock, domestic and industrial sites. Physico-chemical environmental factors were measured at all the sampling sites. Grouping of collected microbial and benthic macro-invertebrate communities revealed the impact of sources of pollution. Microbial taxa were diverse at the clean sites while microbial communities were tolerant at the polluted sites. SOM results showed that the sampling sites were essentially categorized into a few areas of SOM map: reference site-dominant area, polluted site-dominant area and mixed area of the two different sites. The eubacterial populations and their distribution in the SOM map appeared to be significantly affected by organic substrates and nutrients in the sites. If the identification of eubacterial communities were completed, more specific relations of the microbial communities with environmental and other biological data would be revealed. In macro-invertebrate communities, species richness was high and the taxa were diversely distributed at the clean sites. At the polluted sites, in contrast, a few species tolerant to organic pollution were

dominantly present. The taxa occurring at the intermediate range of pollution were distributed differently depending upon the sources of pollution. For algal community analysis, the population was identified up to a genus level and the data showed a specific distribution according to the sampling sites and dates, to a certain extent.

However, it may be possible to obtain more specific data useful for the community patterning if the population could be identified up to species level. Once the biological and environmental data are integratively processed using a neural network, multilayer perceptron (MLP), a target integrative water quality index (e.g., species richness) will be developed. The index will be quite useful for an ecosystem-wise monitoring of the water quality status in various kinds of water bodies.

I. 서론

지난 20~30년간 고도의 경제 성장, 산업화와 더불어 하천 유역의 토지이용 증대 및 개발 등으로 인해 우리나라의 자연적인 하천과 강은 물리·화학적 성질 등이 변화되어, 하천 생태계의 구조와 기능에 큰 변화를 가져왔다(Joo et al., 1997). 인구증가와 도시화로 인해 생활오수 및 각종 폐수의 양이 날로 늘어나고 있어, 하수처리장이 지속적으로 건설되어 수질정화도도 증가하여 어느 정도 수질도 회복되고 살아나는 지역이 있는가 하면 점점 더 악화되어 심각하게 염려되는 지역도 있다. 현재까지 국내에 설치된 하수처리장에서 처리할 수 있는 생활하수의 총 처리용량(2002년말 현재)은 1일 1천 7백만톤으로 하수도 보급율이 66%이상이며, 상수도로 공급되는 총 정수용량은 1일 2,600만톤을 초과하고 있다.

국내의 하천수질이 계속 나빠지고 있는 커다란 이유 중의 하나는 하수처리과정에서 처리되지 않는 질소와 인의 영양성분이 하천에 흘러들어가서 빈 영양상태의 미생물들에게 영양을 공급하여 유기물을 합성하는 과정에서 발생하는 환경변화이다. 최근 산업발달 및 생활수준의 향상에 따라 방류수역의 수질오염 심화, 환경오염에 대한 시민의식의 향상, 처리수질의 배출허용기준 강화 등으로 과거의 2차 처리공정으로는 방류수역의 수질개선효과가 이루어지지 못하고 있으며, 수자원 부족으로 처리수의 재활용에 대한 필요성이 대두되고 있어 고도처리의 필요성은 날로 늘어가고 있다. 그러므로 최근 10여년간 하천 생태계에 대한 학술적 관심은 크게 증가했으며 특히, 수질 오염의 가속으로 하천을 대상으로 한 일반적인 오염 관련 연구 및 수질과 서식 생물과의 관계를 밝히는 연구도 꾸준히 이루어지고 있는 실정이다(Joo et al., 1997).

또한 광범위하게 출현하는 저서성 대형 무척추동물 군집은 정주성 및 종다양성 등으로 인해 하천의 수질상태를 생태적으로 나타낼 수 있는 좋은 지표가 된다(Hynes., 1968 ; Resh and Rosenberg., 1984; Hellawell.,

1986). 전통적으로 군집자료는 주로 다변량 분석법에 의한 Clustering이나 Ordination 방법 등에 의해 분류되었다(Legendre et al., 1985; Bunn et al., 1986; Ludwig and Reynolds, 1988; Quin et al., 1991; Oh and Chon, 1991; Yun, 1998). 그러나 많은 종으로 구성된 군집은 장소나 시간에 따라 비선형적 양상으로 복잡하게 나타난다. 기존의 통계적 기법은 주로 선형적인 자료를 대상을 하고 있으므로(Legendre and Legendre, 1985) 복잡한 비선형 자료를 그룹 짓는 데는 제한이 따른다. 그러므로 자료가 박잡하거나 비선형일 경우 입력자료를 유형화하는데 인공신경망이 효율적으로 운용될 수 있다(Zurada, 1992; Haykin, 1994). 최근 Chon 등(1996, 2000a)은 인공신경회로망인 Kohonen망을 군집 분류에 적용하여 저서성 대형무척추 동물의 군집 유형화에 인공신경회로망이 효과적으로 이용될 수 있음을 보여주었다. 나아가 군집동태도 인공신경회로망을 통해 단기 예측할 수 있다고 보고 하였다. (Chon et al., 2000b)

그러나 이와같이 소비자인 무척추동물(특히, 수서곤충)의 경우 분포에 관한 상당한 연구가 진행되었으나 수질생태계의 생산자에 해당하는 조류나 분해자인 미생물의 군집 분석에 대한 연구는 미비하다. 더구나 이들 생물군집간의 구조적 및 기능적 관계를 통합적으로 분석을 시도한 연구는 거의 전무하다. 따라서 본 연구에서는 다양한 물질로 오염된 여러 하천에서의 미생물, 무척추동물 및 조류군집구조를 인공신경회로망을 이용하여 시공간적으로 분석하며 또한 이들의 생태학적 상호 관련성을 검토하고자 하였다. 본 연구에서 얻어진 연구결과는 생태계의 통합적 군집구조 해석의 기반 구축에 상당히 기여할 것으로 기대되며 나아가서 단일 이화학적, 생물학적 수질지표의 취약성을 극복할 수 있는 통합적인 이화학적, 생물학적 수질지표개발에 기여할 것으로 판단된다.

II. 문헌연구

2.1. 우리나라의 하천현황

우리나라의 하천은 유로 연장이 짧고 하천의 최상부 부터 교란 요인들이 많아 원형 그대로를 유지하고 있는 하천들은 아주 적은 실정이다. 우역의 토지이용 및 형태에 따라 산지 하천, 농경지 하천, 도시 하천, 공단하천, 등으로 구분할 수 있다(Joo et al., 1997). 우리나라 하천 생태계는 지난 40년간 댐건설 등으로 물리적 환경이 변화고 산업화와 인구 증가에 따른 오염 물질 유입의 증가와 부영양화로 인하여 수질오염이 가속화 되었을 뿐 아니라 생물상이 변하고 있다. 그러나 현재까지 이에 대한 정량적인 평가가 이루어진 적이 없어 하천 생태계의 변화 요인들에 대한 상대적 중요성과 안정성 유지를 위한 방안의 도출이 매우 어려운 실정이다(Joo et al., 1997). 그리고 우리나라 하천수질 또한 대도시 분류 하천은 그동안 하.폐수처리장의 증설로 점차 좋아지고 있으나 처리장이 없는 중.소도시 하천은 계속 악화되고 있다(조주연, 2000). 또한 강이나 하천은 독특한 환경 이질성을 가진다. 작계는 미리미터에서부터 킬로미터까지 다양한 크기에 따라 독특한 성질을 가진다(Hynes 1970, Minshall 1988, Giller 등 1994). 공간적 이질성을 가지는 서식처는 그 수생태계의 군집 구성을 결정짓는 주요한 역할을 한다(Resh 외., 1988). 이러한 서식처-군집간의 관계는 오염되고 도시화된 하천생태계의 모니터링과 수생태계의 안정적 관리 관점에서 크게 부각되고 있다.

2.2. 수계 환경에서의 저서무척추 생물 군집구조의 분석

중국을 포함한 아시아는 현재 공업화가 급속히 진행되어 가는 반면 선진국에 비해 환경관리는 매우 열악한 상태이다. 그러나 오래지 않아 환경보존의 필요성이 국제적으로 더욱 크게 제기되리라 예측된다. 특히 리우환경선언(1992년) 이후, 지구전체의 환경관리라는 측면에서 생태자료 유형화에 대한 범지구화(globalization) 요구되므로, 최근 이러한 생태정보학적 연구가 구미에서 급속히 전개되고 있다.

미국 환경보호청(EPA(Environmental Protection Agency))은 기존의 물리·화학적 환경오염처리 방법을 탈피하여 혁신적이고 영구적이며 아울러 친생태적인 기술의 개발을 적극 유도하고 있다. 오늘날에는 특히 비난분해성 물질의 오염 처리기술을 강조하고 있다. 그러나 생태공학적 측면을 응용한 기술에 대한 연구는 단편적인 것이어서 지속적 생태계 관리(sustainable ecosystem management)를 위한 기술의 종합적 개발은 미흡하다.

생태정보를 발전시키는 연구는 특히 유럽에서 활발히 진행되고 있는데, EURO Project의 하나로써 PAEQUAN(Predicting Aquatic Ecosystem Quality Using Artificial Neural Network)가 불란서의 Paul Sabatieri 대학을 중심으로 수행되고 있다. PAEQUAN은 유럽연합이 유럽전체의 과학발전을 위해 장기, 대규모로 지원하는 프로젝트의 하나인데, 40명 상당의 과학자가 참가하여 수생태계의 질을 인공신경망을 이용하여 예측하는 작업을 하고 있다.

수서 저서성 대형 무척추동물 군집을 대상으로 Chon 등(1996, 2000a)은 비지도 학습 인공신경망인 Kohonen 신경망을 적용하여 군집유형을 효과적으로 추출하였다. 최근에는 생태연구에 인공신경망이 다양하게 접목되어 군집의 시간적 발달과 군집 예측(Chon et al., 2000b),

콩의 성장과 개화시기(Elizondo et al, 1994), 동물군집의 크기 변이(Stankovski et al., 1998), 조류의 번성(Recknagel et al., 1997), 초원의 정착(Tan and Smeins, 1996)에 도입되었다. 대다수 이러한 연구에 도입된 모델은 정시적(static)이라는 한계를 내포하고 있어 회귀신경망과 같은 시간적 흐름이 내포된 신경망이 개발, 사용되었다(Kung, 1993; Giles et al., 1994; Haykin, 1994).

하지만, 국내외의 연구동향은 어류 및 대형 생물에 국한되어있고, 어류보다 민감도 및 특이성에서 우수한 미생물을 이용한 통합적 수질지표 개발연구는 초기 단계이며, 미생물을 이용한 오염수질환경의 모니터링을 위한 통합수질지표개발은 진행되지 않고 있다.

90년대에 생태자료에 대한 인공신경망 적용 연구를 수행하였는데 부분적으로는 국제적 경쟁성을 확보하고 있는 분야가 있다. 특히 국내에서 1996년 SOM을 생태자료에 최초로 적용하여 수행하였는데(Chon et al., 1996), 이 기법은 2000년 이후에 국제적으로 생태 data mining 분야 연구에 활발히 적용하게 된 계기가 되기도 하였다. 기타 생태계 분석에 있어서 Kohonen network이나 Adaptive Resonance Network을 이용한 hybrid network을 적용한 연구도 수행된 바 있다(Chon et al., 2000). 그러나 국내의 경우 외국의 경우와 같은 통합적 수질지표개발과 에너지흐름과정을 유기적으로 조사한 경우는 드물다.

생태계나 군집샘플링에 대한 데이터는, 시간과 지점별로 복잡하고 다양하기 때문에 변수가 많아 분석이 어렵다. 전통적으로 다변량분석은 생태데이터 분석에 사용되었는데, 많은 군집을 분류하는데 사용되어져 왔다(Legendre and Legendre., 1987). 그러나 이러한 방법을 사용하는데 있어서 문제점은 선형적인(linear) 데이터값을 얻는데 한계가 있다(Legendre and Legendre., 1987; Rudwig and Reynolds., 1988; Quin et al., 1991).

한편, 군집의 시간적 흐름분석은 장기간의 생태계 관리 데이터에 있

어서 중요한 요소이다. 최근에는 좀 더 정확하고 비선형적인 데이터 패턴을 보여주는 artificial neural network방법이 데이터 해석에 이용되고 있다.

최근, artificial neural networks는 예전의 방법에서 환경정보와 생태 정보간에있어서 좀 더 자동화된 방법으로 발전되었다(Hecht-Nielsen 1990). Networks는 서로 다른 조건의 factor들을 컴퓨터 과학과 디지털을 바탕으로 하여 효과적으로 패턴을 보는데 주력하고있다(Lohninger and Stancl 1992, Melssen et al. 1993). 생태계에서 이러한 정보를 바탕으로 artificial neural networks는 군집을 그룹화시켜주고(Chon et al., 1996), 복잡한관계의 패턴을 볼 수 있으며(Lek et al, 1996; Huntingford and Cox. 1996; Tuma et al., 1996) 군집이나 개체들이 어떤 방향으로 변화되는지 예측 가능하다(Elizondo et al.,1994; Tan and Smeins 1996).

2.3. 수계 환경에서 미생물군집구조 및 조류의 군집구조 분석

하천의 미생물은 조그마한 환경변화에도 반응하는 민감도와 특이성이 대형 생물보다 뛰어나다. 이러한 미생물의 특이성을 이용하면, 생활 오염 수관리의 통합적 수질지표 생물로 이용 가능하다. 최근 미생물 군집의 구조와 다양성을 조사하는 연구 방법으로 16S rDNA sequencing analysis, DGGE, RFLP, fluorescence *in situ* hybridization, slot-blot membrane hybridization 등 여러 분자생물학적 방법들이 개발되고 있으며, 생태학적인 관계를 규명하기 위하여 사용되고 있다(박외., 2003; 이 외., 1997; 홍외., 2002; Gonzalez et. al., 2003; Koizumi et. al., 2003; Muyzer, G and K.Smalla., 1998). 또한, 미생물 생태의 다양성과 재빠르게 변화되는 군집을 보여주며 분자 생태학적인 방법으로 변화되는 군집을 신속하게 장소별로 보여줄 수 있다(Head et.al., 1998).

DNA microarray 기법은 처음에 의료 및 임상적 응용을 위한 목적으로 개발되었으나 환경에 존재하는 다양한 미생물의 군집구조와 기능을 파악하는 데 시도되고 있다. 특히 토양이나 수환경에 존재하는 오염에 의한 환경의 변화에 민감한 미생물의 존재를 그들의 16S rRNA 또는 기능유전자분석을 통하여 미생물의 양적 및 질적 기능을 파악할 수 있을 것이다. 최근의 미생물 생태학연구의 응용이 되는 기법중의 하나는 토양 미생물 군집의 유전체로부터 유전체적, 진화 및 기능에 관한 정보를 얻는데 이용이 되고 있다(예, metagenome 분석법). 계통분류법, DNA microarray, PCR-DGGE, t-RFLP, 기능유전체학 및 실시간대의 군집활동성평가에 기초한 민감한 분석법들은 여러 환경에서의 미생물 군집구조 및 기능 연구를 위한 많은 유용한 데이터를 제공하고 있다.

비교적 최근에는 체사피크만(Chesapeake Bay)의 자유서식 및 입자부착 세균 군집의 해석을 5S rRNA 및 t-RNA의 band profiles과 back

propagation ANNs(BPANNs) 방법을 이용해 시도 되어졌다(Noble et. al., 1997). 또한, BPANNs은 해양 다모류와 hemichordates와 관련된 미생물의 군집 분석에 이용이 되었는데 전통적인 linear discriminant analysis 분석(LDA)에 비해 상대적으로 정확한 분류 분석을 할 수 있었다(Noble et. al., 2000).

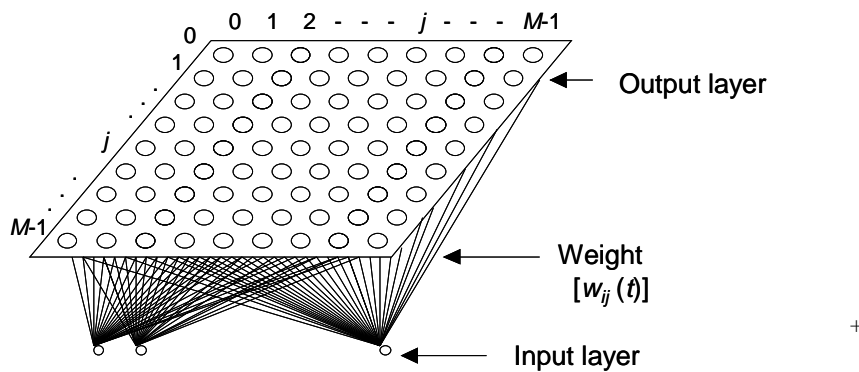
조류의 경우 국내의 주요 수계에서 조류의 군집에 대한 연구로는 한강 수계에서 정 등(1965)에 의한 “한강의 Microflora에 관한 연구”를 하였으며 최근에는 Lee and Yoon(1996), 이와 장(1997) 및 김(1998)에 의한 연구가 있으며 금강(Shim and Yang, 1982; 정 등, 1985; 김 등, 1996; 오, 1998; Mun et al., 2001), 낙동강(김과 이, 1996; 신과 조, 1999)등에서 조류군집 다양성에 대한 연구는 수행한 것이 있으나 생태자료를 인공신경회로망으로 분석한보고는 전무하다. 그러나 최근에 오 등(2004)이 동중국해(EAST-China sea)를 대상으로 동식물 플랑크톤의 군집구조를 인공신경회로망(SOM)으로 해석하고자 시도하였다.

2.4. 수리분석을 통한 효율적 통합수질지표 모델 개발 방법 확립

2.4.1 Self-organizing mapping(SOM)을 이용한 군집 유형화

복잡한 생태 자료의 분류를 위해서는 비지도학습 인공신경회로망(non-supervised neural network)의 방법중 가장 널리 사용되는 Kohonen network을 이용한 self-organizing map(Kohonen 1989)이 이용될 수 있다(Chon1996).

코흐넨 신경망은 M^2 의 출력뉴런으로 이루어진 출력층과 N 의 입력뉴런으로 이루어진 입력층으로 구성되며, 외부로부터 받은 벡터형 입력패턴은 자기조직적인 최적화 과정을 거쳐 유형화하게 된다. 출력뉴런 j 와 입력뉴런 i 는 연결계수(weight) W_{ji} 로 서로 연결이 되어 있으며, 연결계수는 일련의 계산 반복과정을 거쳐 적응적으로 변화하게 되는데 이 과정을 학습이라한다(Kwak., 2003)



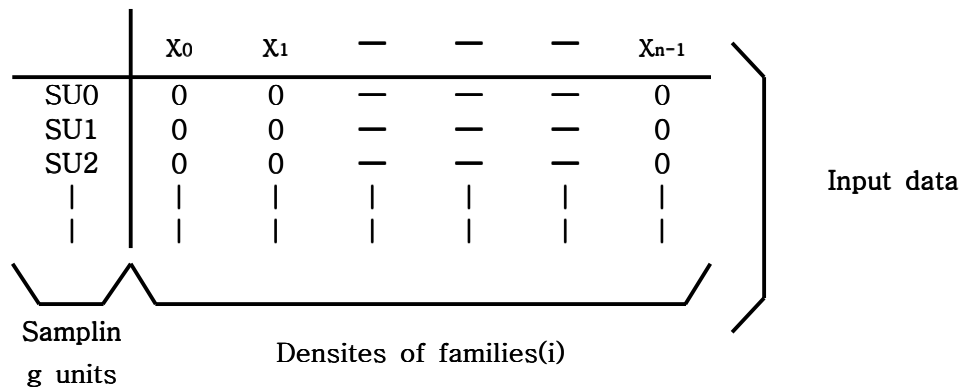


Fig. 2.1. Schematic diagram of the Kohonen network(Adapted from Chon et al., 1996; Kwak et al, 2000)

인공신경망을 적용하면 자료유형화에 대한 여러 가지 부수적 장점을 가진다. 기존의 통계분석의 경우 자료가 추가될 경우 처음부터 다시 자료를 처리하여야하는 번거로움이 요구되는 반면, 인공신경망은 적절한 시기에 훈련을 시켜 처리한 후 필요할 때 새로운 자료를 재인(recognition) 할 수 있는 장점이 있다. 나아가 주어진 자료에 대해 융통성을 가지고 적응적으로 학습할 수 있으므로 대상이 되는 생태계에 선별적으로 적용시킬 수 있다. 이를테면 수영장에 학습된 모델은 수영장에 적합한 분류체계를 가지며, 낙동강에 학습된 모델은 낙동강에 적합한 분류체계를 가질 수 있게 된다. 앞서 인공신경망 계산법은 분산성 정보 통제(distributive control of information)기능, 연합학습능력과 적응성 등이 있어서 noise가 있거나 결구가 있는 자료에 대해서도 융통성 있게 적용될 수 있다.

2.4.2. 다층퍼셉트론을 이용한 군집과 환경과의 관계

다층 퍼셉트론(Multi-layer perceptron)은 목표 값을 설정해 주어 그 값에 가까운 출력 값을 내도록 학습시키는 지도학습알고리즘의 하나로 복잡한 자료의 연관 유형성을 파악하는데 뛰어나다. 다층 퍼셉트론은 입력층, 은닉층, 출력 층으로 구성되어 있다. 은닉층은 학습과정에서 입력과 출력사이의 관계를 결정지어주는 역할을 한다. 각 층과 층사이의 노드는 연결강도로 이어져 있는데, 학습을 하는 동안 추출된 정보가 이 연결강도에 점차적으로 담기게 된다. 출력 층에서는 각 입력 유형(pattern)에 대한 출력이 나오고 다시 이는 모본을 나타내는 목표값(target)에 가깝게 나오도록 정보를 은닉층으로 역전파하여 연결강도를 조정하도록 하며, 결과적으로 오차-목표값(error- target)과 실제 출력값 사이의 차이가 줄어들도록 한다.

예를 들면 입력층에는 서식환경(예, 유속, 하상구성, 유기물량 등)을, 출력층에는 이에 대응되는 각종 분류군(저서성 대형무척추동물, 미생물, 조류 등의 주요 지표군)을 입력시키도록 한다. 이로써 주어진 서식처 환경에 따라 생물의 서식 연관성을 유형화 할 수 있다. 이 후 별도의 새로운 자료를 주어 이에 해당되는 환경 여건 또는 조건에 따라 어느 정도로 생물이 서식하거나 지수를 나타내는지 예측할 수 있을 것이다.

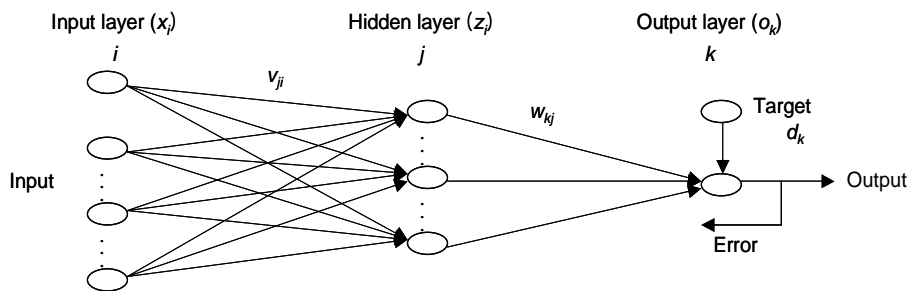


Fig. 2.2. Multi layer perceptron(Adapted from Chon et al., 1996)

2.4.3. 통합수질지표모델개발

위의 수리 모델을 이용하여 생물지수에 밀접한 영향을 주는 환경인자와 생물인자를 찾을 수 있으며, 이 결과를 바탕으로 통합수질지표에 이용될 수 있는 여러 인자들을 선별할 수 있다. 즉 환경인자와 분류군간의 자료를 종합적으로 이용하여 통합수질지표를 개발할 수 있는 모델을 구성할 수 있을 것이다.

그림 2.3는 통합수질지표 개발을 위해 제수될 수 있는 예비 모델이다. 모델에서는 환경인자, 생산자, 소비자, 분해자를 나타낼 수 있는 변량을 입력자료로 한다. 이를테면 환경인자(BOD 등), 클로로필a(조류량 등), 저서생물(Oligochaeta 등)과 미생물(mi-a 등) 등이 입력변수가 될 수 있다.

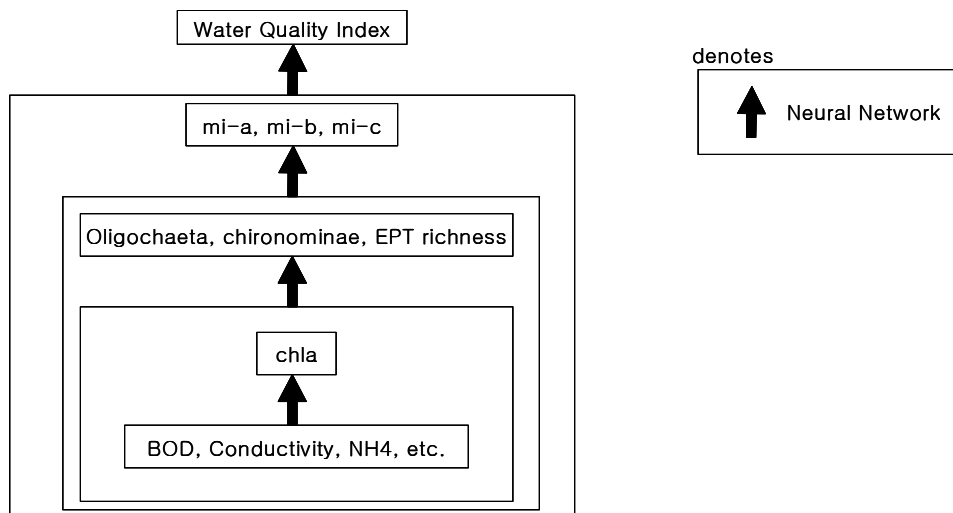


Fig. 2.3. Pre-modeling for development of water quality index

Ⅲ. 실험 재료 및 방법

3.1. 조사지점

산업화 사회에서 오염의 증가와 오염원의 증가로 인하여 생활 주변에 산재해 있는 대표적 오염의 종류가 증가되었다. 따라서 본 연구에서는 초기 계획을 다소 바꾸어 계분과 비료를 다량 사용하고 있는 미나리경작지 주변을 대표적 경작지 오염지역으로 추가하여 조사하고자 하였다. 오염원의 종류는 사회적으로 중요시되고 있는 가정하수(유기물), 산업폐수, 축산오수, 농업(경작지)오수를 선정하였다. 농업오수의 경우 일반적인 경작지인 논, 밭에서 유입되는 오염원과 계분과 비료를 다량 사용하는 미나리밭을 추가하여 조사하였다. 오염의 종류 및 정도를 비교할 수 있는 대조군으로, 중요 오염원이 유입되는 하천의 상류(일부 지점은 제외)를 선택하였다. 최종 결정된 조사지점은 아래와 같다. 총 6개 지역, 15곳의 조사지점을 선정하였는데 2003년 12월부터는 비슷한 경작지오수인 2곳과 상류지역 1곳을 제외한 5개 지역, 12곳을 조사지점으로 선정하였다. 조사 시기는 2003년 2월부터 2004년 5월까지 계절적 특징을 보기위하여 3개월마다 조사하였다.

Table 3.1. An abbreviation of the sampling sites

Reference sites	Upstream of Kumkokchun	KK
	Upstream of Ilkwangchun	AK
	Upstream of Toham Mt.	TA
	Upstream of Onchonchun	OC
Domestic polluted sites	Midstream of Daechonchun	DC
	Midstream of Onchonchun	OC
Livestock polluted sites	Midstream of Kumgokchun	KK
	Downstream of Toham Mt.	TA
Farming polluted sites	Downstream of Chulmachun	CM
	Downstream of Ilkwangchun	AK
Industry polluted sites	Downstream of Juksungchun	JS
	Downstream of Hakjangchun	HJ



Fig. 3.1. Map of the sampling sites

3.2. 이화학적 환경요인 조사

본 연구에서 생활 오·폐수 관리를 위한 이화학·생물학적 통합수질 지표 개발을 위하여, 아래와 같은 조사방법과 조사항목으로 연구를 수행하고 하였다. 오염원의 종류를 다양하게 선정하여 하천에 서식하는 조류(생산자), 저서성 대형무척추동물(소비자)과 biofilm을 형성하는 미생물(분해자)의 군집구조를 조사하였다. 조사 시기는 오염지의 오염도와 계절별로 각 분류군의 동태를 파악하기 위해 계절별로 수행하고자 하였다.

생물조사와 병행하여 각 조사장소에서 기초적인 이화학적 조사를 수행하였다. 기온, 수온, pH, 전도도(conductivity) 및 DO는 수표면 하 20cm 되는 시료수를 대상으로 전기적 측정법(Harris Environmental Test Center, Philip Harris Ltd.)으로 조사하였고 또한 서식처 기능을 하는 하상구성비도 정량화하여 조사하였다. BOD, 탁도, 수심, 유속은 3 반복으로 측정하였다. BOD의 경우 시료수를 5일간 보관 후 측정하였는데 자세한 사항은 Standard Methods(APHA 등, 1985)에 따랐다. 탁도는 spectro-photometric법(LaMotte Inc, 2020)을 사용하고, 유속계(Model 2100-STDX)를 사용하여 유속을 측정하였다.

COD는 BOD보다 유기물질의 이론치에 대해 95~100%를 산화시키므로 재현성이 우수하다는 장점을 가지고 있어, 조사지점의 샘플에서 유기물질의 농도를 측정하기 위하여 COD를 측정하였다. COD의 측정은 Standard Methods(APHA 등, 1985)에 의하여 12곳의 수질분석을 하였다.

3.3. 무기영양염류 농도 측정

하천 수 내 오염 정도를 파악하기 위해 무기영양염류의 농도를 측정하였다. 각 조사지점에서 하천수시료를 채취하여 ammonium (NH_4^+) 농도, nitrate (NO_3^-)와 nitrite (NO_2^-) 농도, phosphate (PO_4^{3-}) 농도를 측정하였다. 이들 농도는 Standard Methods(APHA 등, 1985)로 측정하였다.

하천으로 유입되는 유기물량을 추정하기 위하여 물속의 total organic carbon(TOC)과 dissolved organic carbon(DOC) 량을 각 조사장소에서 측정하였다. TOC와 DOC량은 연소/비분산 적외선 가스 분석법에 기초를 둔 TOC-5000을 이용하여 측정하였다. DOC는 시료를 GFC filter로 여과한 후 측정하였다.

3.4. 미생물 군집분석

본 연구에서는 미생물의 군집을 보관, 처리하는 과정 중에 자료의 변형 및 손상을 배제하고자 시료에서 직접DNA를 추출하여 그 군집유형을 분석하고자 하였다. 하천의 오염정도에 따라, 미생물군집의 구조를 분석하기 위하여 각 조사지점의 하천저니 샘플로부터 추출한 총 DNA중 16S rDNA를 touchdown-PCR을 수행하여 증폭하였다. 각 지점 별 시료에서 total DNA를 추출은 FastDNA Spin Kit (Bio101, USA)를 이용하였으며, DNA Purification Kit (NucleoGen, Korea)을 변형하여 정제한 후, 1.0% 아가로스 겔에서 전기영동으로 확인하여 -20°C 에 보관하였다. 하천의 오염정도에 따라, 미생물군집의 구조를 분석하기 위하여 샘플로부터 추출한 총 DNA중 16S rDNA를 touchdown-PCR을 수행하여 증폭하였다.

PCR의 주형으로 환경시료에서 직접 추출한 DNA를 이용하였으며,

16S rDNA 유전자를 증폭하기 위하여 진정세균에 특이적으로 부착하는 프라이머인 27F(5'-AGAGTTTGATCMTGGCTCAG-3')와 1492R(5'-GGYTACCTTGTTACGACTT-3')를 사용하였다(한석균, 2000;McCaig et.al. 2001).PCR에 이용된 primer는 16S rDNA의 V3영역의 염기서열을 증폭하기 위하여 40bp의 GC-Clamp가 포함된 GC-341F(5'-CGC CCG CCG CGC GCG GCG GGC GGG GCG GGG GCA CGG GGG GCC TAC GGG AGG CAG CAG-3')와 518R(5'-ATT ACC GCG GCT GCT GCT GG-3')을 Bioneer Inc.(Daejeon, Korea)에서 주문·제작 사용하였다(한석균, 2000; Hanson.et.al. 1999). PCR반응은 100ng의 주형 DNA를 이용하였으며, 반응조건은 95℃에서 5분간 초기 열처리 후, 95℃에서 30℃ 동안 변성시키고, annealing 온도는 초기에 65℃에서 시작하여 매 2cycle마다 1℃씩 감소되도록 설정하고, 55℃가 되면 15cycle을 더 수행하도록 하여 30초간 반응시키고 신장을 위하여 72℃에서 45초 반응 후 최종으로 72℃에서 10분간 처리하고 반응을 마쳤다. PCR 산물은 1.0%의 아가로스 겔에서 전기영동을 수행하여 확인하였다.

Touchdown-PCR을 수행하여 얻은 PCR 산물은 BioRad Dcode System(BioRad Laboratories, USA)으로 DGGE를 수행하였다. Denaturing gradient gel은 30%에서 60%까지 농도구배가 연속적으로 형성되도록 하였다. Touchdown-PCR을 통해 얻은 산물 20 μ l를 loading하여 1 \times TAE 완충용액에서 60℃, 70V로 14시간 전기영동하였다. 전기영동이 끝난 겔은 EtBr을 사용하여 염색 후 Scientific Image System (Kodak, USA)로 관찰·분석하였다. 그리고 각 시료별로 나타난 image를 digital 값으로 전환한 다음 이 값들을 excel file로 저장하였다.

그리고 PCR-DGGE 기법을 이용한 오염하천 미생물의 군집구조 분석은 그림 1에 제시된 바와 같이 수행하였고, DGGE로부터 분리되어진 Denaturing gradient gel상에서 위치가 다른 밴드로부터 DNA 단편을 회수하기 위하여 먼저 각각의 밴드를 자른 뒤 3차 증류수로 세척 후, TE

완충용액 25 μ l를 첨가하여, 원심분리(14,000 \times 1min)하고 -70 $^{\circ}$ C에서 5분, 50 $^{\circ}$ C에서 5분을 세 번 반복한 후, 마지막 원심분리(14,000 \times 1min)를 하여 상등액을 취하였다. 각 밴드에서 회수한 DNA에 대하여 341F와 518R을 가지고 touchdown-PCR을 수행하였다. 그리고 PCR product를 가지고 cloning을 실시하였고 이들 band의 염기서열 분석은 direct sequencing 방법으로 Takara Korea, Macrogen. Inc 및 Toyobo. Inc등에 의뢰하여 수행하였다. 이로부터 얻어진 sequencing data들을 NCBI BLAST search를 통해 가장 유사도가 높은 미생물 종을 밝혀내고 발표된 관련 문헌을 통하여 그 특성들을 파악하였다(Sarah et.al., 1999).

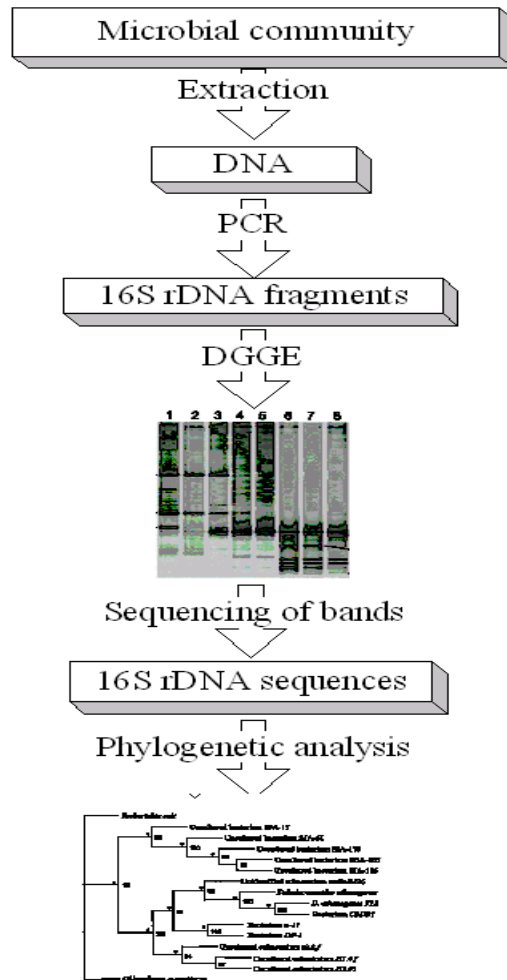


Fig. 3.2. Procedure for the microbial community analysis using PCR-DGGE technique

3.5. 부착조류 조사

부착조류의 채집은 하상의 편평한 돌의 상부를 5cm*5cm를 구획하여 부드러운 솔로 수세한 후, 현장의 물을 이용하여 폴리에틸렌 용기 (100 ml)에 넣어 Lugol's iodine 용액(5-7%)으로 고정하여 실험실로 운반하였다. 채집, 고정된 시료의 동정, 분류는 농축된 시료로부터 표본을 제작하여 광학현미경(Nikon, 1000배 이하)하에서 실시하였으며 분류하였다.

시료를 적당량 취해 Sedwick-Rafter(S-R) chamber 에 올려놓고 커버 글라스로 덮은 후, 광학현미경 (Axioplan, Zeiss, Germany)을 이용하여 고배율 (x400, X1000)하에서 계수, 동정하여 ml단위로 환산하였다. 조류의 분류동정은 한양대학교 생물학과 한명수 교수님 연구팀에 의뢰하여 실시하였다.

3.6. 저서성 대형무척추동물 조사

야외조사지 내 미소생태계의 군집조사는 Corer 채집기(직경 10 cm, 길이 15 cm)를 이용하여 3-5 반복 정량 채집하였다. 채집된 저서성 대형무척추동물은 formalin 7%에 고정시켰다.

채집된 생물을 실험실에서 현미경(Olympus SZH10)하에 동정(분류)하였다. 일반적인 수서곤충 및 저서생물의 분류는 尹(1988)과 Brigham 등(1982), Merritt와 Cummins(1996), Pennak(1978) 등을 참조하였고, Chironomidae(갈따구과)는 Merritt와 Wiederholm(1983)의 검색표를 따랐으며, Oligochaeta는 Brigham 등(1982), Brinkhurst(1986)에 의해 분류하였다. 저서성 대형 무척추동물은 부산대학교 생물학과 전태수 교수님의 연구팀에 의뢰하여 실시하였다.

3.7. SOM을 이용한 생물군집의 통합적 유형화

우선은 각각의 군집(미생물, 저서생물, 부착조류)에 대한 분석을 하였다. 저서성 무척추동물의 경우 중요 분류군(예; 파리류, 하루살이류, 날도래류, 지렁이류)에 따라 종 수와 출현개체군으로 나누어 밀도를 나타내고 이를 자연로그로 변환하였다. 이후 0.01 과 0.99 사이 범위에서 종 수와 개체수 각각에 대해 정규화 하였다. 그리고 SOM을 이용함으로써 군집의 각각 유형을 판별(오염 상태 등)할 수 있다.

본 연구에서는 오염종류에 따라 채집되는 군집을 집중적으로 유형화하고자 하였다. 이로써 수질이나 생태계 상황에 따라 분류되는 군집 특성이 어떤 점에서 일치하고 어떤 점에서 달라지는 지를 평가할 수 있다. 아울러 중요 분류군간의 연계성도 유형화할 수 있다. 특히 통합적 수질 지표 개발을 위해 저서성 대형무척추동물, 미생물 및 조류 등의 군집을 동시에 입력하여 분류군간의 군집유형을 종합적으로 검토하고자 하였다. 나아가 각 분류군에서 제시된 수질과의 연관성, 공통성, 상보성을 파악하여 분류군과 수질지수를 종합적으로 체계화 하고자 하였다. 또한 위의 SOM을 통한 분류군과 생물지수의 mapping과 생물-환경 및 생물-생물간의 관련성을 검토하여 수질지수에 관한 정보의 객관성을 확보하고 통합수질지수 체계를 세우고자 하였다.

IV. 결과 및 고찰

본 연구에서는 계절별로 2003년 겨울(11월), 2004년 봄(2월), 2004년 여름(5월), 2004년 가을(8월) 조사가 수행되었고 이화학적 환경요인의 분석결과를 제시하였다. 이화학적 환경요인들은 미소생태계의 구현과 미소생태계(sediments 위 및 내부)의 에너지 흐름 분석, 미소 오수생태계 모형 설계 및 초보적 구현을 위한 기초가 되는 자료로 필수적인 요소이다.

4.1. 물리적 환경요인

4.1.1. 수온

각 분류군의 서식처 특성을 반영해주는 물리적 환경요인인 수온, 수심, 유속을 2003년 겨울(11월), 2004년 봄(2월), 2004년 여름(5월), 2004년 가을(8월)에 측정하였다. 수온은 봄 조사 시 3 - 5℃, 겨울 조사 시에는 3 - 7.5 ℃, 여름조사시 18-28 ℃의 분포를 보여 각 계절의 특성을 잘 반영하였다(그림4.1). 각 조사지점간에 차이는 조사시기가 오전, 오후로 다양하게 이루어졌기 때문이다.

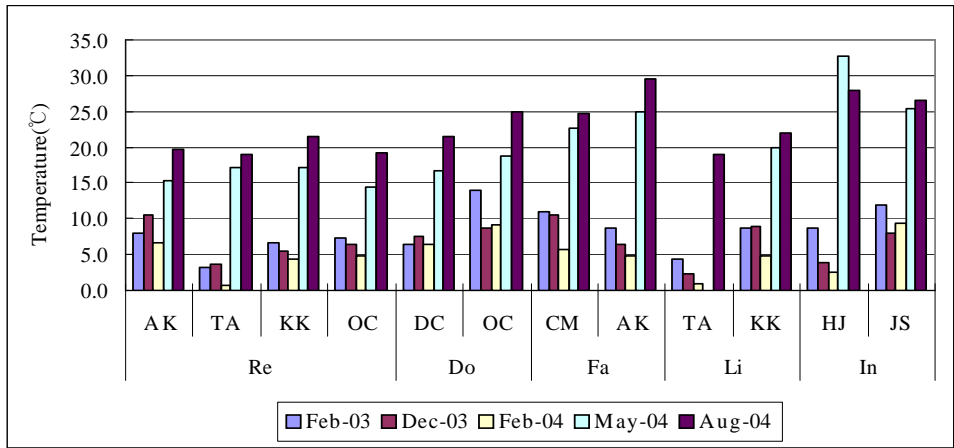


Fig. 4.1. Water column temperature of the sampling sites (Feb., 2003 - Aug., 2004)

4.1.2. 수심

수심은 2003년 봄 조사시는 전체적으로 6.8 - 17 cm로 나타났는데, 2003년 겨울 조사시는 8.75 - 23.0 cm로 다소 높게 나타났고, 2004년 봄 조사시도 7.0 - 25.5cm로 높게 나타났다.

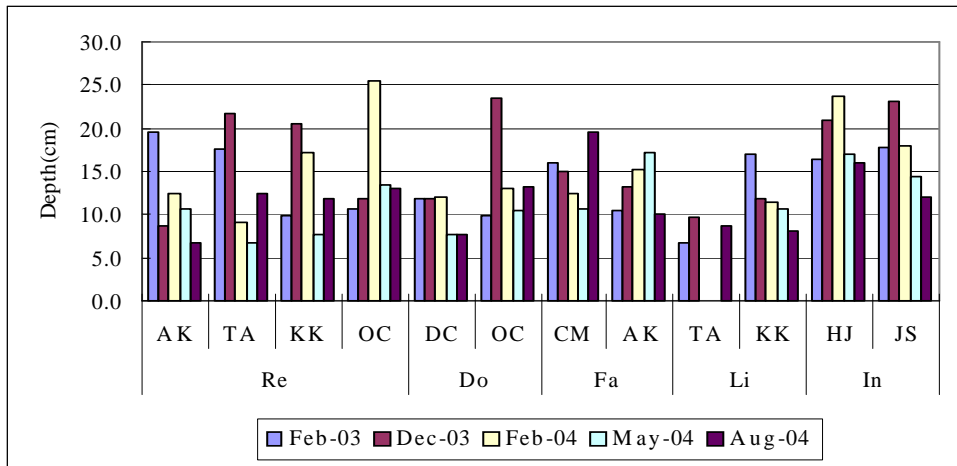


Fig. 4.2. Water column depth of the sampling sites (Feb., 2003 - Aug., 2004)

4.1.3. 유속

평균유속의 경우 2003년 봄 조사시 0 - 99.4 cm/s이었다. 2003년 겨울 조사시는 0 - 55.3 cm/s로 봄에 비해 평균유속이 전체적으로 낮게 측정되었다. 반면, 2004년 봄에는 0 - 118 cm/s로 다양한 범위를 나타내었고 2004년 여름과 가을조사시에는 6-12cm로 서로 비슷하게 나타났다. 전체적으로 겨울 조사가 봄에 비해 평균유속은 느리게 나타났다. 금곡천 상류는 간헐적으로 물이 흘러 고인 곳이 많아 유속이 낮게 나타났으며, 경작지오염지역인 철마천중류에서 2004년 8월에 1.62m/s로 유속이 갑자기 높아졌다. 잦은 강우로 인해 갑작스런 유입 때문에 유속이 높아진 것으로 사료된다.

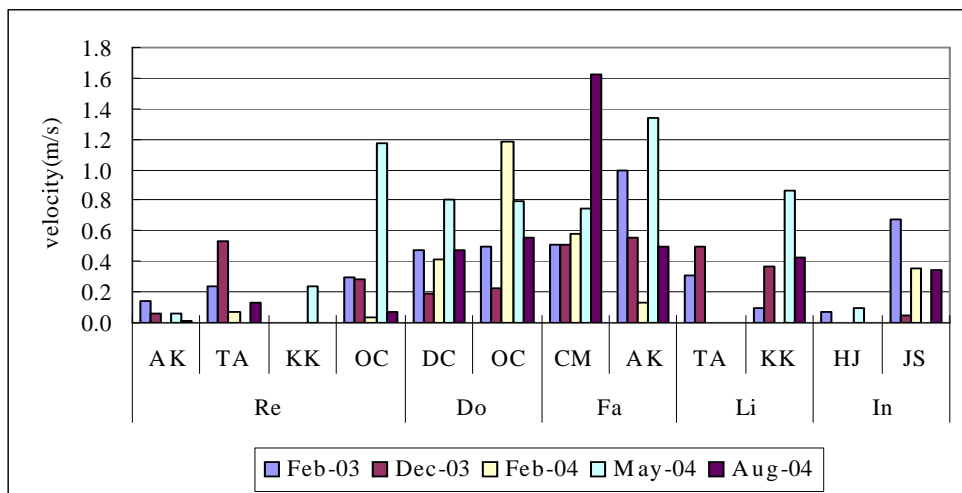


Fig. 4.3. Water flow velocity of the sampling sites (Feb., 2003 - Aug., 2004)

4.2. 화학적 환경요인의 분석

4.2.1. 전기전도도

전기전도도는 전체적으로 62.4 - 1488 μ s의 범위로 넓게 조사되어 다양한 오염범위를 나타내었다(그림 4.4). 대조 조사지의 경우 전체조사기간을 통해 62.4 - 262 μ s로 나타나, 금곡천 상류(262 μ s)를 제외하고는 다른 오염지역에 비해 낮은 측정치를 보였다. 반면, 유기물오염지역인 온천천중류는 2003년 2월, 2003년 12월, 2004년 2월은 600-800 μ s로 높은 수치를 보였으나 2004년 5월과 8월에는 100 μ s 이하로 낮게 나타났다. 일광천 중류 경우에는 조사기간내에 오염지역중 가장 낮은 전기전도도를 나타내었다. 산업폐수 오염지인 학장천 하류와 죽성천 하류의 경우에는 2003년 봄에는 699 μ s, 2003년 겨울에는 750 μ s, 2004년 봄에는 1445 μ s로 나타났고 이중 2004년 조사치인 1445 μ s는 전체 조사지점및 조사기간에서 가장 높은 수치를 나타내었다. 죽성천 하류는 전도도가 조사기간을 통해 전반적으로 가장 높게 나타났는데, 2003년 봄에는 1259 μ s, 2003년 겨울에는 1260 μ s, 2004년 봄에는 1100 μ s으로 측정되었다. 또한 대체적으로 대조조사지와 뚜렷한 차이를 보였는데 그중 학장천과 죽성천은 대조지(reference sites; 비오염지)와 확실한 차이를 보였다.

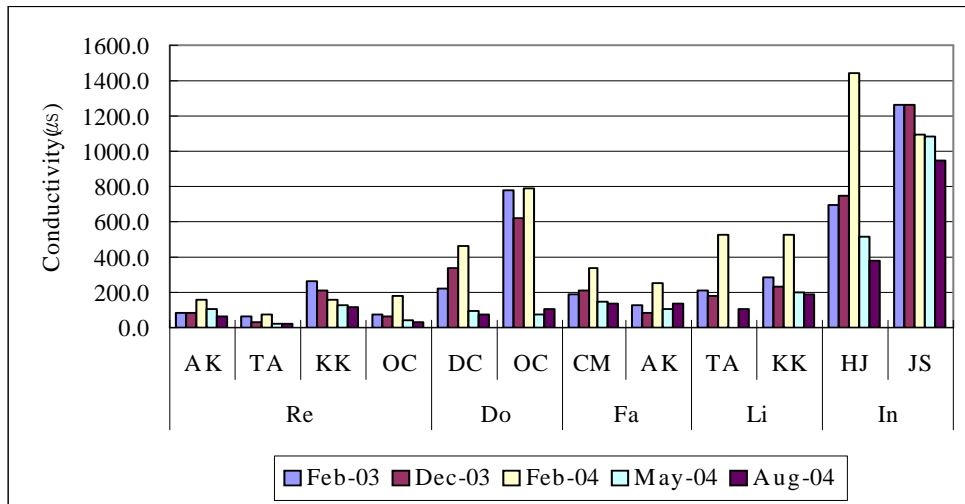


Fig. 4.4. Water column conductivity of the sampling sites (Feb., 2003 - Aug., 2004)

4.2.2. 탁도

2003년 봄에 측정된 탁도는 전체적으로 1.46 - 217.67 NTU의 범위를 보여 다양한 오염구배를 나타내었다(그림 4.5). 대조 조사지의 경우 1.46 - 2.16 NTU로 낮았으며, 큰 변이를 보이지 않았다. 2003년 겨울 조사에서도 유사한 경향을 보였다. 유기물 오염지역인 대천천 중류와 온천천 중류는 5.79 NTU와 22.17 NTU로 비교적 높았다. 그러나 하수관로공사가 시작된 겨울에는 공사로 인해 대천천 중류의 탁도가 온천천 중류에 비해 높게 나타났다. 철마천 중류는 2003년 봄에 217.67 NTU로 매우 높게 나타났는데, 조사기간에 인근 농경지(무논, 미나리밭)로부터 유입된 탁류에 기인하였다. 2003년 겨울에는 5 NTU로 낮아졌다가 2004년 봄에는 공사로 인하여 다시 81 NTU로 높아졌다. 토함산 축사의 경우 8.3 NTU로 나타났는데 이 지점은 유량이 적고, 경사가 급한 곳이어서, 물에 실려 내려오는 토사에 의한 영향이 있었다. 상류지역에 축사시설이 들어서면서 유수지에 토사의 침적이 눈에 띄었다. 2004년 봄에는 얼음이 얼

어 측정이 불가능하였고, 2004년 8월의 경우는 탁도측정장치의 고장으로 인하여 측정하지 못하였다.

산업폐수 오염지역에서는 점차로 탁도가 증가하였다. 학장천 하류와 죽성천 하류는 2003년 봄 조사시에 8.02 NTU와 13.23 NTU로 나타났는데, 2003년 겨울에는 13.6 NTU와 25 NTU로 더 높게 나타났다. 2004년 봄에는 21.6NTU, 35.7NTU로 더욱 증가하였고 2004년 5월의 경우 죽성천하류에서 73NTU로 갑자기 높아졌다. 이 두 지역에서는 산업폐수뿐만 아니라 생활오수의 영향도 컸다.

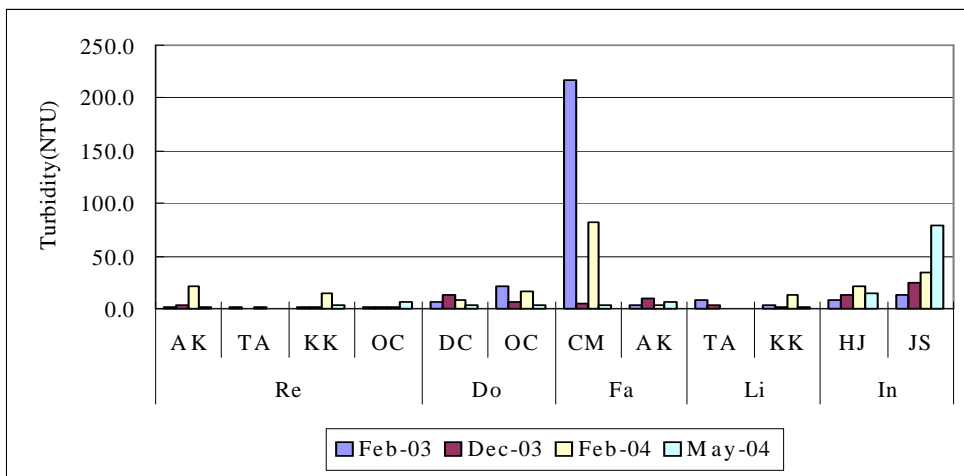


Fig. 4.5. Water column turbidity of the sampling sites (Feb., 2003 - May., 2004)

4.2.3. BOD₅

전체적으로 BOD₅도 넓은 범위에서 나타났다. 2003년 봄에 0.1 - 117 mg/L, 2003년 겨울에는 0.45 - 102 mg/L, 2004년 봄에는 0.6 - 90mg/L, 2004년 여름에는 의 범위를 나타냈다. 대조 조사지에서는 5 mg/L 보다 낮게 나타났다.

유기물 오염지역인 온천천 중류에서 BOD₅는 2003년 봄과 2003년 겨울에 각각 117 mg/L, 102 mg/L로 높게 나타났다. 산업폐수 오염지역의 경우에도 2003년 겨울과 2004년 봄에 40 mg/L 이상 높게 나타났다. 2004년 봄 조사에 있어서는 대조구에서는 0.6 mg/L에서 2.5 mg/L범위로 나타났으나, 생활하수 유기물 오염지역인 대천천 중류와 온천천 중류는 각각 19.0 mg/L, 67.2 mg/L로 높게 나타났다. 반면 경작지인 철마천 중류와 일광천 하류는 10.8 mg/L, 5.2 mg/L로 이보다 낮게 나타났으며, 축산폐수 오염지역인 토함산 측사와 금곡천 측사지점에서 각각 5.7 mg/L, 6.6 mg/L으로 나타나 상대적으로 낮았다. 반면 산업폐수 오염지역인 학장천 하류와 죽성천 하류의 경우 42.4 mg/L와 90.0 mg/L으로 가장 높게 나타났다.

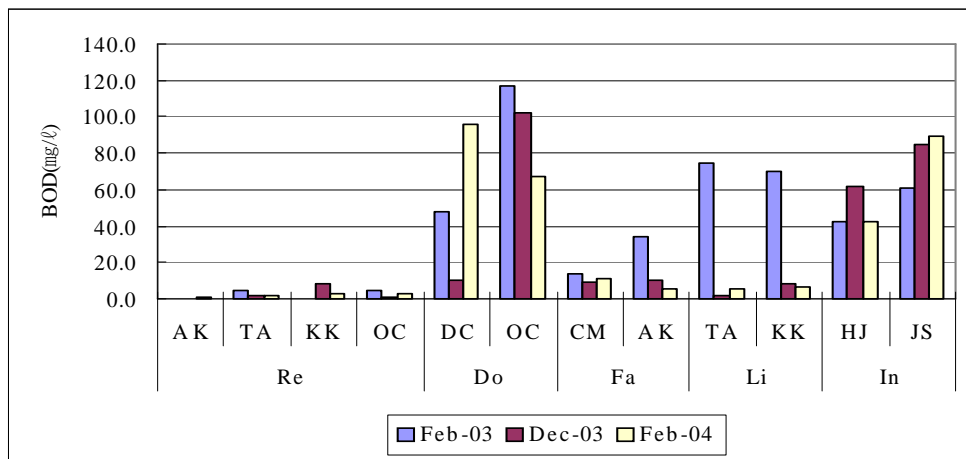


Fig. 4.6. BOD of water samples from the sampling sites(Feb., 2003 - Feb., 2004)

4.2.4. COD

수중의 유기물질을 화학적 산화제를 사용하여 화학적으로 분해하는데 소요되는 산화제의 양을 산소 상당량으로 알아보기 위하여 화학적 산소 요구량인 COD를 측정하였다.

2004년 2월을 제외한 나머지 4계절에서는 상류지역의 COD값이 모두 나왔으며 경작지 오염지역인 일광천 중류지역의 2004년 5월 조사에서 갑자기 높은 수치를 보였는데 이것은 갑작스런 오염물질의 유입으로 추측이 되며 산업폐수 오염지역인 학장과 죽성에서 높은 수치를 보였다. 아마도 가정하수의 유입으로 인한 유기물 오염도 있겠지만 공장폐수에 대해서 COD가 더 민감하기 때문에 다른 오염지역에 비해 더 높게 나타났고 BOD수치와 차이가 나는 것으로 사료된다.

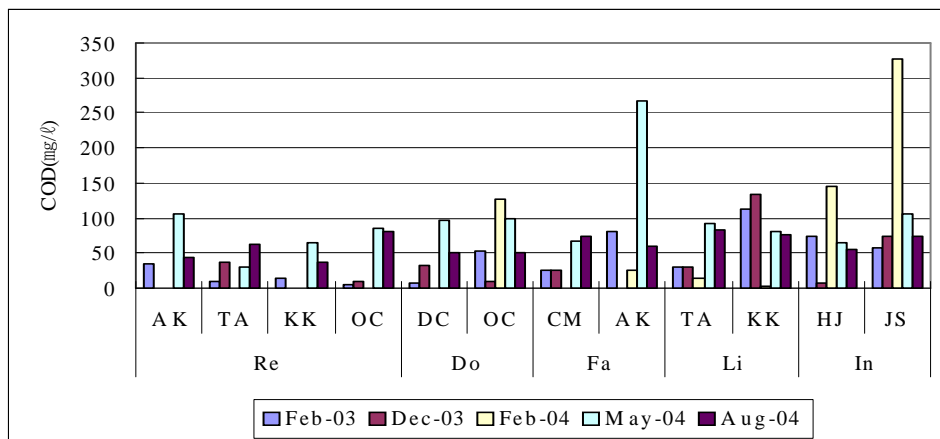


Fig. 4.7. COD of water samples from the sampling sites (Feb., 2003 - Aug., 2004)

4.2.5. 총유기탄소량(TOC)과 용존유기탄소량(DOC)

하천에 유입되는 유기물량의 조사를 위해 총유기탄소량(TOC)과 용존유기탄소량(DOC)을 측정하였다. 2003년도 봄의 경우 전체적으로 DOC와 TOC가 각각 1 - 36.5 mg/L, 8.5 - 45.8 mg/L 의 범위로 나타났다(그림 4.8). 상류지점의 경우 다른 오염지역에 비해 DOC와 TOC가 낮게 나타났다. 유기물 오염지역, 미나리밭 오염지역, 산업폐수 오염지역이 다른 오염원에 비해 DOC와 TOC가 높게 나타났는데, 특히 온천천 중류와 죽성천 하류에서 각각 DOC 34.2mg/L, 36.5 mg/L, TOC 43.5mg/L, 45.8mg/L로 가장 높았다. 그리고 2003년 2월이후인 2003년 12월, 2004년 2월,5월,8월은 DOC, TOC측정 기기장치 고장으로 인하여 측정하지 못하였다.

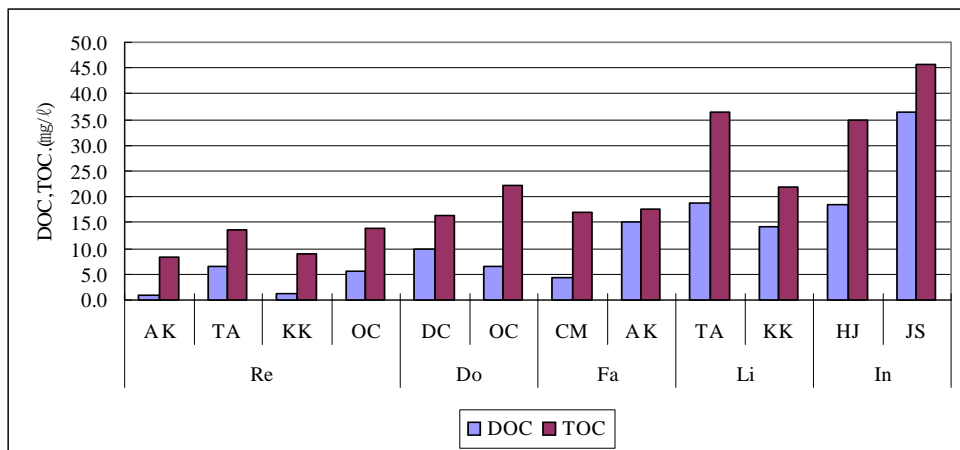


Fig. 4.8. DOC and TOC of water samples from the sampling sites (Feb., 2003)

4.2.6. 총인(TP)

오염원의 종류에 따른 특성을 조사하기 위해 총인(TP)의 양을 측정하였다. 전체적으로 총인의 양은 0 - 2.7 mg/L로 다양한 분포를 보였다(그림 4.9). 산업폐수 오염지인 학장천 하류와 죽성천 하류가 2004년 8월의 경우 각각 2.84mg/L, 1.14mg/L로 가장 높았으며 오염지역별로 살펴보면 산업폐수 오염지역인 학장천 중류와 죽성천 중류, 유기물 오염지역인 온천천 중류의 총인의 농도는 타 지역에 비해 다소 높게 나타났으며 죽성천하류의 경우는 일년동안 거의 비슷한 수치를 보였으나 죽성천하류는 2004년 8월의 경우 급격하게 높아짐을 알 수 있다. 이는 여름의 계절적특성에 의해 인구밀집 지역의 가정하수 내에 포함되어있는 합성세제 및 음식물에 주로 기인하는 것으로 사료된다. 그리고 춘천상류의 경우 2003년 12월부터 샘플링 장소의 변경으로 인해 2003년도 2월시료만 분석이 되었으나 2월의 경우 불검출로 나타났으며 미나리밭 오염지역의 경우 2003년 2월 시료에서 철마천 하류는 0.05mg/L로 낮은 수치를 보이는 반면 일광천 하류의 경우 산업폐수오염지역인 학장천 하류와 비슷한 수치를 보였다.

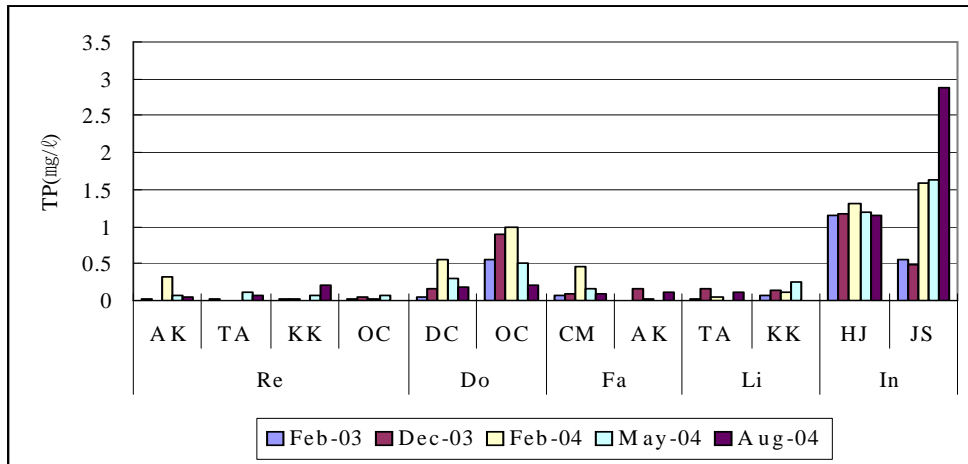


Fig. 4.9. Concentration of total phosphate (TP) of the sampling sites (Feb., 2003 - Aug., 2004)

4.2.7. 총유기질소(TKN)

총유기질소(TKN)는 지점별 오염현황은 일광천 중류지역에서는 2003년 12월과 2004년 2월에서는 불검출로 나타났으나 2004년 5월과 8월에는 각각 26.89mg/L, 47.06mg/L로 높게 나타났으며, 2003년 2월의 경우 일광천 하류에서 TKN수치가 가장 높았다. 오염원에 따른 오염은 산업폐수오염지역인 학장천 하류와 죽성천하류는 대체적으로 높게 나타났으며 상류지역은 일광천 상류와 토함산 상류지역에서 각각 2003년 12월, 2004년 2월에서 불검출로 나타났다. 경작지오염지역인 일광천 중류와 일광천 하류가 다른 지역에 비해 높게 나타난 것은 이는 비료사용으로 인해 하천수 내 유기물 함량이 타지역보다 높아서 유기질소 성분이 많이 함유된 것으로 사료된다.

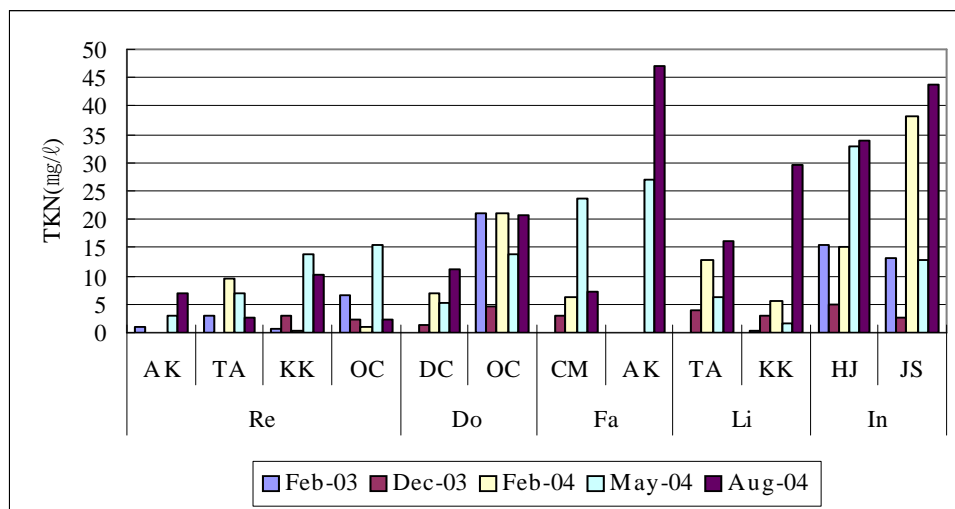


Fig. 4.10. Concentration of total kjeldahl nitrogen(TKN) of the sampling sites (Feb., 2003 - Aug., 2004)

4.2.8. 질산성 질소(NO_3^- -N)

NO_3^- -N는 전 지역에 걸쳐 고르게 존재하는 것으로 나타났다. 2003년 12월조사시 전 지점의 평균은 8.25 mg/L로 나타났으며, 가장 높은 지역은 축산폐수오염지역인 금곡천축사 지점에서 14.91mg/L로 나타났으며, 그외 지역은 5 ~ 6 mg/L의 오염현황을 보이고 있다. 그리고 계절별로 보면 봄이나 겨울에 비해 여름이나 가을이 낮게 나타나는데 이것은 무기 질소인 질산성 질소의 함유량이 높다는 것을 알 수 있으며 계절적 특성에 의한 강우량과도 연관이 있는 것으로 보인다. 또한 2003년 12월의 경우나 전체적인 NO_3^- -N의 양을 보면 금곡천 축사가 높은 수치를 나타내고 있는 것을 볼 수 있는데 이것은 축사에서 흘러나오는 분뇨 함유된 단백질과 소변에 함유된 요소에 의해 암모니아가 아질산성 질소와 질산성 질소로 바뀌게 됨으로써 높은 수치를 나타내는 것으로 사료된다.

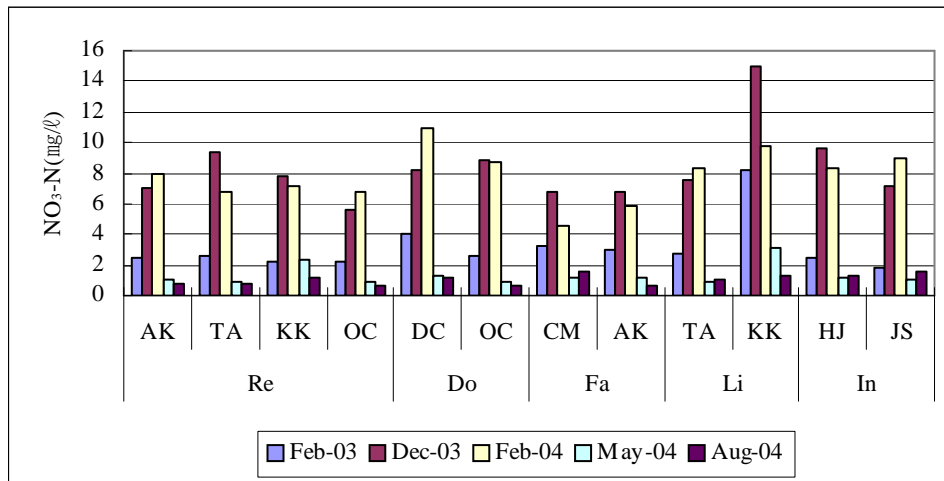


Fig. 4.11. Concentration of NO_3^- -N of the sampling sites (Feb., 2003 - Aug., 2004)

4.2.9. 총질소(TN)

총질소(total nitrogen; TN)의 경우 전체적으로 2003년 봄(2월)보다 2004년 봄(2월)이 5.8 - 29.6 mg/L으로 더 높게 나타냈다(그림 4.12). 특히 유기물 오염지역인 온천천 중류, 산업폐수 오염지역인 죽성천 하류에서 가장 높았다. 또한 TKN도 일광천 하류에서 높은 수치를 보였는데 총 질소에서도 일광천하류가 높게 나타났다. 오염지역별로 현황을 보면 산업폐수 오염지역인 학장천하류와 죽성천 하류가 높게 나타나고, 유기물 오염지역인 온천천 중류에서 높게 나타나는 것을 알 수 있다. 또한 전반적으로 계절적으로 보면 2004년 8월이 대체적으로 높게 나타난다. 그 외 축산폐수 오염지역인 토함산과 금곡천 축사가 다른 지점에 비해 높은 값을 보였다. 이는 하천에서 흘러나온 유기질소성분인 TKN과 암모니아성질소의 높은 것에 원인이 있는 것으로 사료된다.

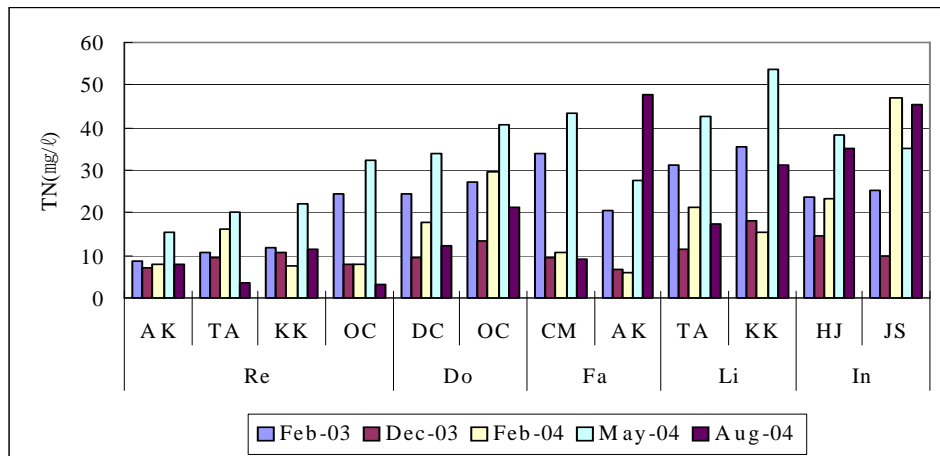


Fig. 4.12. Concentration of total nitrogen(TN) of the sampling sites (Feb., 2003 - Aug., 2004)

4.2.10. 암모니아성 질소(NH₄⁺-N)

암모니아성 질소 NH₄⁺-N는 온천천 상류를 제외한 reference 지역에 서는 거의 불검출이었고, 유기물 오염지인 온천천 중류, 산업폐수 오염지 역인 학장천과 죽성천의 경우 2003년 2월, 2003년 12월, 2004년 2월은 계 절에 관계없이 높게 나타났다. 또한 산업폐수 오염지역의 경우 암모니아 뿐만 아니라 모든 경우의 환경 시료 조사에서 높게 나타났다. 이는 산업 폐수 지역이 2003년 2월 조사때 보다 2004년 12월이 훨씬 오염물 유입 이 많은 것에 기인한 것으로 사료되었으나 2004년 5월 조사와 2004년 8 월 조사때에는 2004년 2월에 비하여 감소된 것을 나타났다 8월의 경우 잦은 비로 인하여 줄어든 것으로 사료되고 있으나 구체적으로 오염물유 입이 감소되었는지에 대해서는 판단하기 힘든 상태이다.

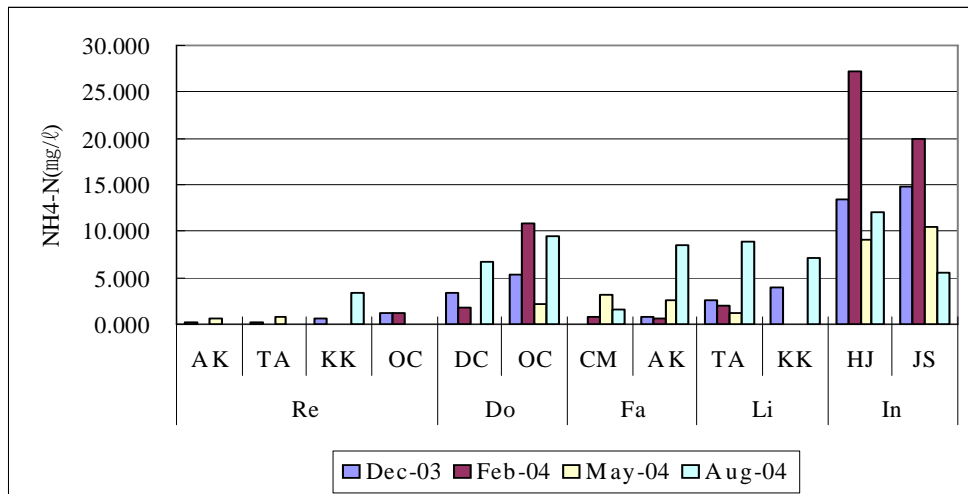


Fig. 4.13. Concentration of NH₄⁺-N of the sampling sites (Feb., 2003 - Aug., 2004)

4.3. 미소 생태계 (sediments 위 및 내부)의 군집구조 분석

오염원의 종류를 다양하게 선정하여 하천에 서식하는 조류(생산자), 저서성 대형무척추동물(소비자)과 biofilm을 형성하는 미생물(분해자)의 군집구조를 조사하였다.

4.3.1. 미생물 군집구조분석

2003년 2월(봄), 2003년 5월(여름), 2003년 11월(겨울), 2004년 2월(봄), 2004년 5월(여름) 채집한 샘플을 각 지점별로 미생물(진정세균계)의 군집 구조를 분석을 하였다. 2004년 8월(가을) 시료는 현재 분석진행 중이다.

오염하천의 저니 미생물 군집을 조사하기 위하여 직접 저니에서 추출한 DNA를 이용하여 primer로 GC 341F와 518R을 사용하여 touchdown-PCR을 수행하여 얻은 증폭산물을 denaturing gradient gel에 loading 한 결과를 그림 4.25~4.29에 나타내었다. 2003년 2월의 경우 청정지역이 다양성이 높은 군집을 보여주는 DGGE profile을 볼 수 있었으며, 금곡상류지역이 band수가 가장 많았다(그림 4.14). 그리고 이들 band의 profile은 서로 상이한 유형을 보였다. 오염지역에 큰 관계없이 유사한 우점종 profile을 보였다. 또한 유기물 오염지와 산업폐수 오염지역인 대천천중류, 남산동, 죽성천, 학장천에서는 band수도 적었으며 다양한 profile을 볼 수 없었다. 이는 상류지역(비오염지역)에 비하여, 다양한 유기물질이 유입되는 중류이후의 지점에서 음식점 업소오수 및 생활오수의 유입으로 인한 비슷한 유기물질이 유입되기 때문인 것으로 사료된다.

또한, DGGE 겔 내의 intensity가 강한 밴드 87개를 선별하였고 84개를 분석하였다.

M 1 2 3 4 5 M M M 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 M

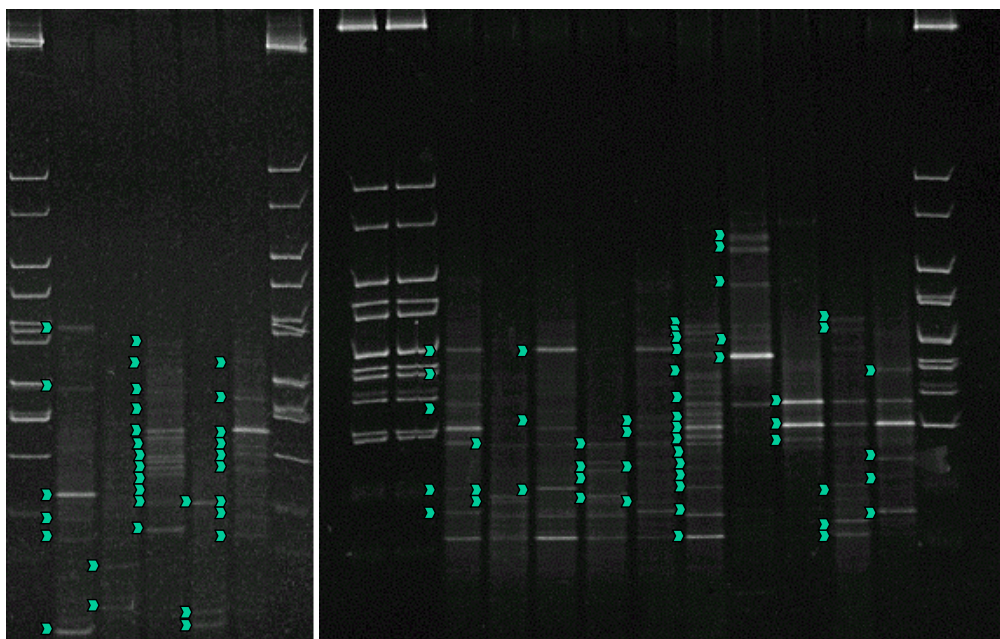


Fig. 4.14. DGGE profiles of amplified total 16S rDNA from different non polluted and polluted sample (Feb., 2003). Upstream of chunchonchun(1), Upstream of Toham(2), Upstream of Onchonchun(3), Upstream of Ilkwangchun(4), Upstream of Kumkokchun(5), Downstream of Chulmachun (near parsley-growing site)(6), Downstream of Ilkwangchun (near parsley-growing site)(7), Upstream of Chulmachun (near parsley-growing site)(8), Upstream of Ilkwangchun (near parsley-growing site)(9), downstream of Toham(10), Livestock of Kumkokchun(11), Midstream of Daechonchun(12), Midstream of Onchonchun(13), Downstream of Juksungchun(14), Downstream of Hakjangchun(15); M, DNA marker

Table. 4.1. The results of 16S rDNA sequence analysis for DNA bands from the PCR-DGGE gel (Feb, 2003)

Band	Taxon of the highest similarity	Similarity (%)	sampling sites	band intensity
1	<i>Bacillus alcalophilus</i>	100	CCU	15.62
2	Endosymbiont of <i>Acanthamoeba</i> sp.	100	CCU	6.038
3	<i>Bacillus alcalophilus</i>	97	CCU	56.89
4	<i>Bacillus</i> sp.	96	CCU	8.53
5	<i>Bacillus</i> sp.	98	CCU	5.91
6	<i>Bacillus</i> sp.	99	CCU	30.12
7	<i>Bacillus cereus</i> sp.	97	TAU	4.57
8	<i>Bacillus mycoides</i> sp.	90	TAU	6.57
9	Endosymbiont of <i>Acanthamoeba</i> sp.	98	OCU	9.83
10	<i>Bacillus</i> sp.	100	OCU	9.74
11	Denitrifying bacterium sp.	100	OCU	28.19
12	Denitrifying bacterium sp.	97	OCU	25.13
13	<i>Sinorhizobium xinjiangensis</i> sp.	98	OCU	15.56
14	<i>Arthrobacter sulfureus</i> strain sp.	96	OCU	22.99
15	<i>Kaistella koreensis</i> strain sp.	97	OCU	23.96
16	<i>Lactobacillus</i> sp.	100	OCU	20.91
17	<i>Bradyrhizobium japonicum</i> sp.	95	OCU	16.36
18	<i>Acinetobacter haemolyticus</i> sp.	98	OCU	10.69
19	<i>Wolinella succinogenes</i> sp.	97	OCU	19.05

20	<i>Bacillus cereus</i> sp.	100	OC	4.32
21	<i>Exiguobacterium</i> sp.	100	AK	1.8
22	<i>Exiguobacterium</i> sp.	100	AK	20.03
23	<i>Bacillus</i> sp.	100	AK	10.39
24	<i>Bacillus</i> sp.	100	KK	17.48
25	<i>Staphylococcus chromogenes</i> sp.	97	KK	62.61
26	<i>Clostridium</i> sp.	98	KK	16.13
27	Forest soil bacterium sp.	100	KK	16.24
28	<i>Bacillus gelatini</i> partial sp.	96	KK	13.96
29	<i>Helicobacter</i> sp.	94	KK	10.42
30	<i>Exiguobacterium</i> sp.	98	KK	12.66
31	<i>Ruminococcus palustris</i> sp.	95	KK	11.47
32	Marine bacterium sp.	95	KK	6.08
33	<i>Lactobacillus rhamnosus</i>	96	CM ¹	15.93
34	Elbe River snow isolate	92	CM ¹	6
35	<i>Staphylococcus aureus</i> subsp	95	CM ¹	10.9
36	<i>Clostridium</i> sp.	100	CM ¹	23.74
37	<i>Chelatococcus asaccharovorans</i>	97	AK	5.65

38	<i>Bradyrhizobium</i> sp.	98	AK	11.89
39	<i>Trojanella thessalonices</i> sp.	95	AK	7.19
40	<i>Listeria monocytogenes</i> strain EGD	96	AK	9.72
41	<i>Trojanella thessalonices</i> sp.	94	CM ²	39.8
42	<i>Bacillus mycoides</i> sp.	94	CM ²	22.69
43	<i>Bacillus mycoides</i> sp.	94	CM ²	46.81
44	<i>Bacillus mycoides</i> sp.	95	AK ³	10.24
45	<i>Bacillus mycoides</i> sp.	96	AK ³	11.38
46	<i>Bacillus</i> sp.	100	AK ³	18.41
47	<i>Bacillus</i> sp.	98	AK ³	15.17
48	Denitrifying bacterium sp.	99	TA ⁴	21.21
49	<i>Stappia</i> sp.	99	TA ⁴	4.61
50	<i>Microccous</i> sp.	94	TA ⁴	3.9
51	Denitrifying bacterium sp.	98	TA ⁴	15.44
52	<i>Mesorhizobium</i> sp.	96	KK ⁵	11.58

CM¹; Downstream of Chulmachun (near parsley-growing site)

CM²; Upstream of Chulmachun (near parsley-growing site)

AK³; Downstream of Ilkwangchun (near parsley-growing site)

TA⁴; downstream of Toham

KK⁵; Livestock of Kumkokchun

2003년도 2월의 DGGE결과 토함상류와 범어사 상류의 경우에는 비슷한 profiles를 나타내고 있는 반면 일광상류와 금곡상류는 서로다른 양상을 보이고 있으며 금곡측사와 토함측사의 경우 band intensity값은 차이가 있으나 band profile은 비슷하게 보이고 있다. 이것은 축산폐수 오염지역이라는 같은 오염원 때문인 것으로 사료된다. 또한, DGGE 겔 내의 intensity가 강한 밴드 25개를 선별하였고 분석 중에 있다.

2003년도 6월의 DGGE결과 토함상류와 범어사 상류의 경우에는 비슷한 profiles를 나타내고 있으며 2003년도 2월의 DGGE profiles과도 상당히 일치하는것을 알수 있었다. 반면 그 오염물질이 유사한 금곡측사와 토함측사의 경우는 경향이 서로 다르게 나타났으며 상류지역보다 하류지역에서 band수가 상대적으로 더 많은 경향이였다(Fig. 4.15).

M M M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 M 13 14 15 M

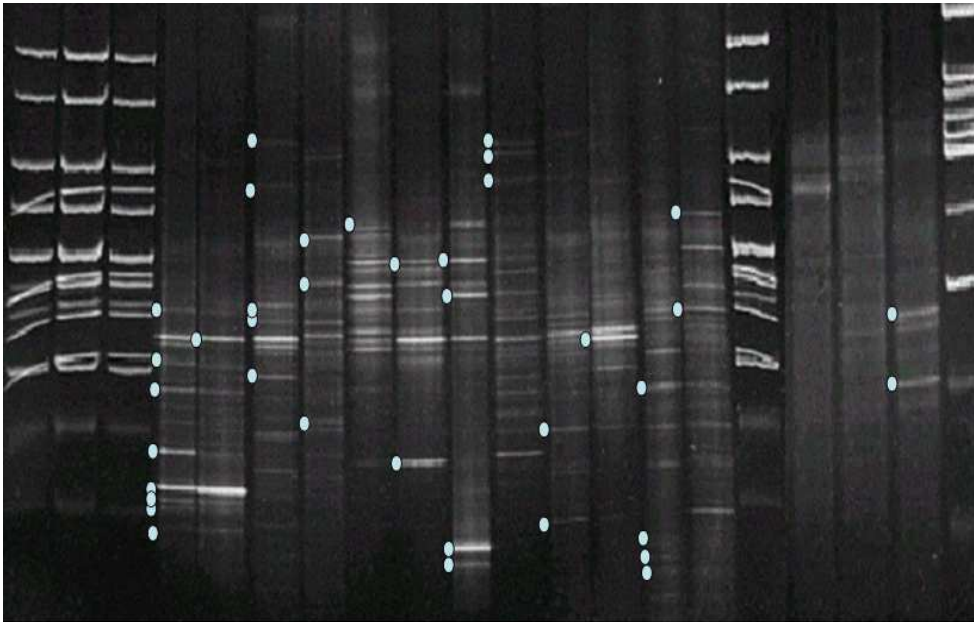


Fig. 4.15. DGGE profiles of amplified total 16S rDNA from different non polluted and polluted sample (Jun., 2003). Upstream of Toham(1), Upstream of Onchonchun(2), Upstream of Ilkwangshun(3), Upstream of Kumkokchun(4), Downstream of Chulmachun(near parsley-growing site)(5), Downstream of Ilkwangshun(near parsley-growing site)(6), Downstream of Toham(7), Livestock of Kumkokchun(8), Midstream of Daechonchun(9), Midstream of Onchonchun(10), Downstream of Juksungchun(11), Downstream of Hakjangchun(12), Upstream of chunchonchun(13), Upstream of Chulmachun(near parsley-growing site)(14), Upstream of Ilkwangshun(near parsley-growing site)(15); M, DNA marker

2003년 12월의 경우에는 대천천, 남산동, 철마중, 일광중, 토함축사, 금곡축사에서 한 종이 공통적으로 나타났다(화살표로 표시). 그리고 band profile도 유사한 오염지 별로 비슷하게 나타났다(그림 4.16). 한편 2003년 6월에 비해서 지역별로 서로 상이한 profile을 나타내었다.

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 M M M

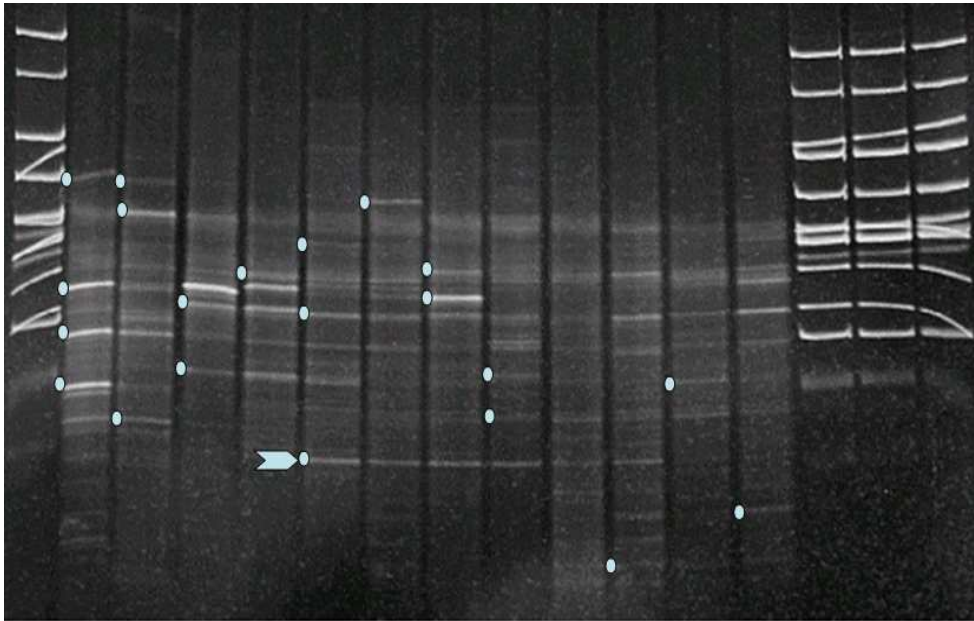


Fig. 4.16. DGGE profiles of amplified total 16S rDNA from different non polluted and polluted sample (Dec., 2003). Upstream of Toham(1), Upstream of Onchonchun(2), Upstream of Ilkwangshun(3), Upstream of Kumkokchun(4), Downstream of Chulmachun(near parsley-growing site)(5), Downstream of Ilkwangshun(near parsley-growing site)(6), Downstream of Toham(7), Livestock of Kumkokchun(8), Midstream of Daechonchun(9), Midstream of Onchonchun(10), Downstream of Juksungchun(11), Downstream of Hakjangchun(12); M, DNA marker

2004년 2월의 경우에는 경작지 오염지인 철마천과 일광천이 상당히 유사한 profile을 보였고, 금곡축사와 토함축사도 서로 비슷한 profile을 보이고 있다. 아마도 오염지내의 오염물질의 유사성으로 인해 미생물 Pattern도 비슷하게 나온 것으로 판단된다. 그리고 상류의 경우에는 서로 다른 profile을 보이고 있는데 이는 지역에 따른 미생물 군집의 분포가 다양함을 나타냄을 의미하는 것으로 판단된다. 또한 유사오염지인 대천천과 남산동은 서로 유사한 profile을 나타내고 있어서 생활오수 오염물질이 군집구조 형성에 선택압력으로 작용하는 것으로 추측되고 있다.

M M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 M M

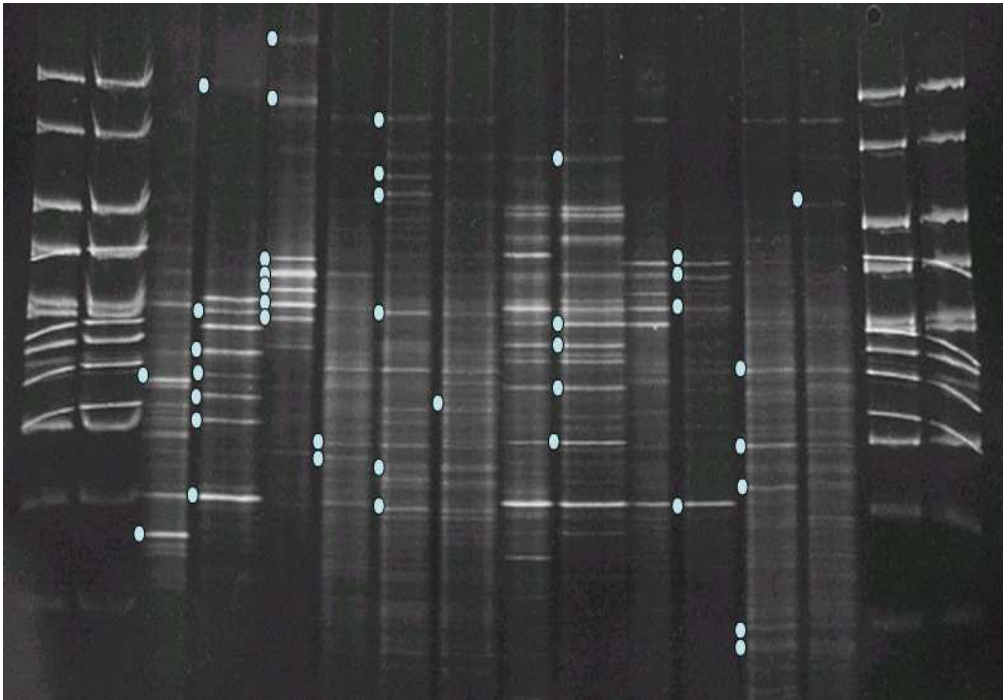


Fig. 4.17. DGGE profiles of amplified total 16S rDNA from different non polluted and polluted sample (Feb., 2004). Upstream of Toham(1), Upstream of Onchonchun(2), Upstream of Ilkwangshun(3), Upstream of Kumkokchun(4), Downstream of Chulmachun(near parsley-growing site)(5), Downstream of Ilkwangshun(near parsley-growing site)(6), Downstream of Toham(7), Livestock of Kumkokchun(8), Midstream of Daechonchun(9), Midstream of Onchonchun(10), Downstream of Juksungchun(11), Downstream of Hakjangchun(12); M, DNA marker

2004년 6월의 경우에는 일광상류를 제외한 나머지 대조조사지 지역에서 비슷한 경향을 보였으며, 경작지 오염지인 철마천과 일광천이 비슷한 경향을 보였다. 그 외 다른 지역은 서로다른 pattern을 보이고 있다.

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 M M M

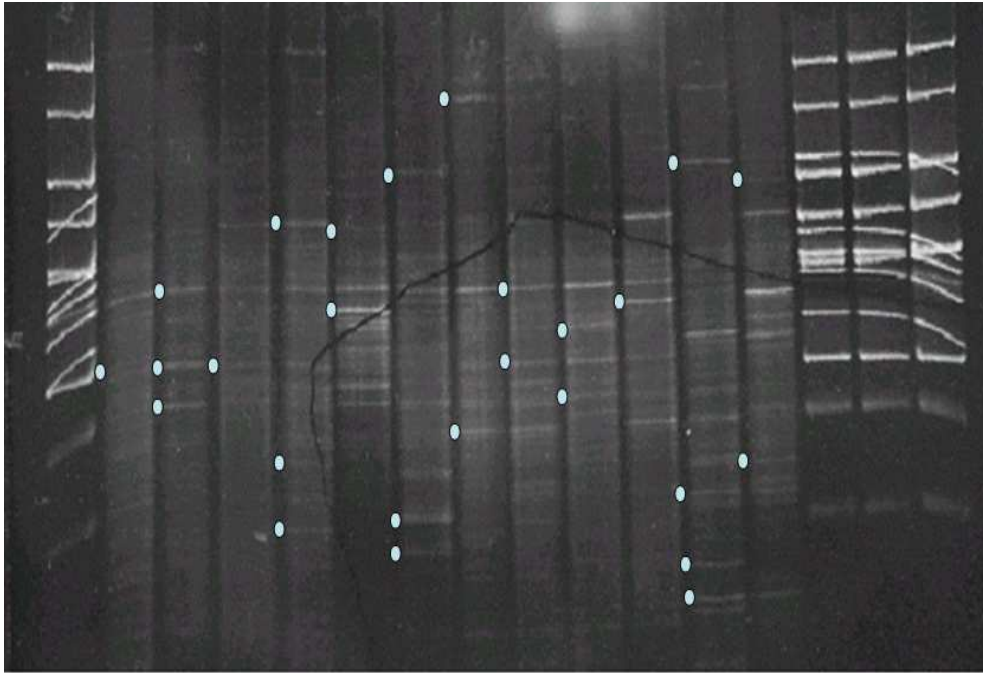


Fig. 4.18. DGGE profiles of amplified total 16S rDNA from different non polluted and polluted sample (Jun., 2004). Upstream of Toham(1), Upstream of Onchonchun(2), Upstream of Ilkwangshun(3), Upstream of Kumkokchun(4), Downstream of Chulmachun(near parsley-growing site)(5), Downstream of Ilkwangshun(near parsley-growing site)(6), Downstream of Toham(7), Livestock of Kumkokchun(8), Midstream of Daechonchun(9), Midstream of Onchonchun(10), Downstream of Juksungchun(11), Downstream of Hakjangchun(12); M, DNA marker

4.3.2. 저서성 대형무척추동물 군집구조

전체적으로 총 4문 7강 14목 46과 71종이 채집되었다. 각 조사지점 별로 종풍부도는 2 - 23 으로 다양하게 나타났다. 오염원의 종류에 따른 군집구성을 보면 대조조사지에서 4문 6강 11목 31과 48종으로 가장 높았고, 산업폐수 오염지역이 3문 4강 8목 15과 15종으로 가장 낮았다 (표 4.2). 산업폐수 오염지역의 경우 플라나리아류와 거머리류가 출현하지 않아 4강으로 다른 지역에 비해 낮게 나타났다. 2003년 3월 대조조사지인 온천천에서 종풍부도가 23으로 가장 높았고, 2003년 3월 산업폐수 오염지역인 학장천, 2003년 6월 대조조사지인 토함산과 2004년 6월 유기물 오염지역인 대천천이 종풍부도 2로 가장 낮았다.

EPT 풍부도의 경우도 유사한 경향을 보였는데, 역시 온천천 2003년 3월이 14로 가장 높았다. EPT 풍부도의 경우 유기물과 산업폐수 오염지역에서 가장 낮게 나타났다.

Table 4.2 Community structures of the benthic macroinvertebrates in the polluted and reference sites.

Pollution	Phylum	Class	Order	Family	Species
Re	4	6	11	31	48
Do	4	6	10	17	18
Fa	4	6	10	22	30
Li	4	6	13	20	25
In	3	4	8	15	15

본 연구에서는 통합적인 수질지수를 구하고자 하는데, 일차적으로 저서성 대형무척추동물에 대해 수질지수를 기초적으로 조사하였다. 이를 위해 종풍부도와 깨끗한 하천의 오염정도를 잘 반영하는 EPT(하루살이,

강도래, 날도래의 종 수) 풍부도 값을 구했다. 위의 지수와 같이 많이 사용되는 BMWP(Biological Monitoring of Working Party) 등의 지수는 3차년도에 연구에서 추가로 조사할 예정이다.

종풍부도의 경우 전체적으로 오염원의 종류에 따라 11 - 39, EPT 풍부도의 경우 0 - 24로 나타났다 (표4.3). 종풍부도는 대조조사지 온천천에서 39종으로 가장 높았다. 반면 산업폐수 지역이 11종으로 가장 낮았다. EPT 풍부도의 경우 대조조사지 온천천에서 24종으로 역시 가장 높았고, 산업폐수 오염지역인 학장천에서 0종으로 가장 낮게 나타났다.

Table 4.3. Species richness and EPT richness the benthic macroinvertebrates according to the reference and polluted sites

Pollution	Stream	Species richness	EPT richness
Re	AK	20	9
	KK	19	10
	OC	39	24
	TA	27	16
Do	DC	15	2
	OC	13	1
Fa	AK	25	11
	CM	21	6
Li	KK	22	7
	TA	16	5
In	HJ	11	0
	JS	11	2

각 조사지점 별로 종풍부도는 2 - 23 으로 다양하게 나타났다. 2003년 3월 대조조사지인 온천천에서 종풍부도가 23으로 가장 높았고, 2003년 3월 산업폐수 오염지역인 학장천, 2003년 6월 대조조사지인 토함산과 2004년 6월 유기물 오염지역인 대천천이 종풍부도 2로 가장 낮았다. EPT 풍부도의 경우도 유사한 경향을 보였는데, 역시 온천천 2003년 3월 조사에서 14로 가장 높았다. EPT 풍부도의 경우 유기물과 산업폐수 오염지역에서 가장 낮게 나타났다.

2003년 3월 자료의 경우 대조조사지인 온천천 상류에서 종풍부도와 EPT 풍부도가 높게 나타났고, 산업폐수 오염지역과 축산폐수 오염지역인 토함산에서 가장 낮았다 (Fig. 4.19). 그러나 총밀도의 경우 유기물 오염지역인 대천천과 산업폐수 오염지역인 학장천에서 높게 나타났다.

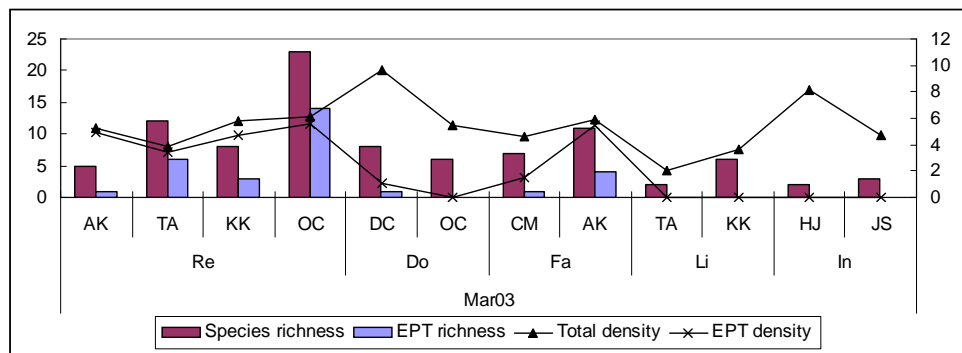


Fig. 4.19. Species richness, EPT richness, total density, EPT density of the benthic macroinvertebrates according to the reference and polluted sites (Mar., 2003)

2003년 3월 자료의 경우 대조조사지인 온천천 상류에서 종풍부도와 EPT 풍부도가 높게 나타났고, 산업폐수 오염지역과 축산폐수 오염지역인 토함산에서 가장 낮았다 (그림 4.20). 그러나 총밀도의 경우 유기물 오염지역인 대천천과 산업폐수 오염지역인 학장천에서 높게 나타났다.

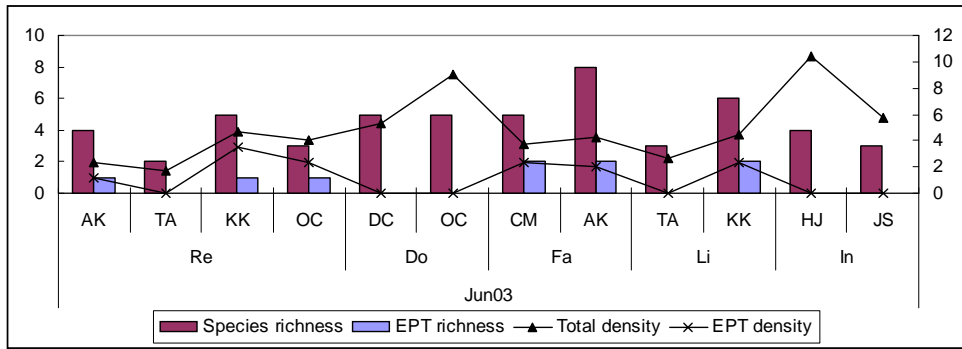


Fig. 4.20. Species richness, EPT richness, total density, EPT density of the benthic macroinvertebrates according to the reference and polluted sites (Jun., 2003)

2003년 12월의 경우 대조조사지인 온천천에서 종풍부도 17, EPT 풍부도 10으로 높게 나타났고, 유기물 오염지역과 산업폐수 오염지역에서는 EPT가 1이하로 아주 낮게 출현하였다 (Fig. 4.21).

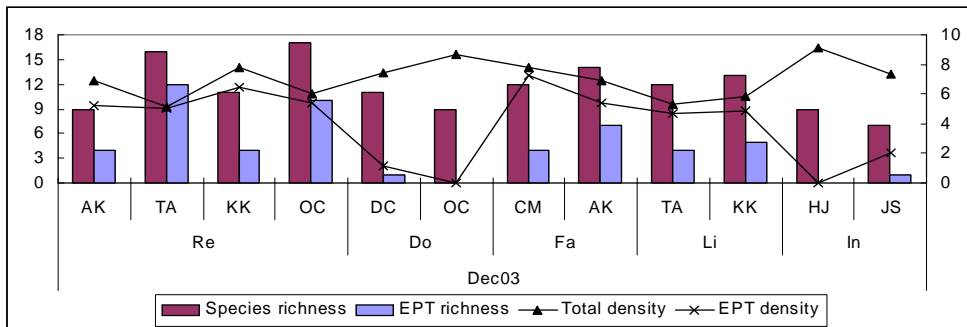


Fig. 4.21. Species richness, EPT richness, total density, EPT density of the benthic macroinvertebrates according to the reference and polluted sites (Dec., 2003)

2004년 2월의 경우 위의 2003년 12월과 유사한 경향을 보였으나, 축산폐수 오염지역의 종풍부도가 감소하였다 (Fig. 4.22).

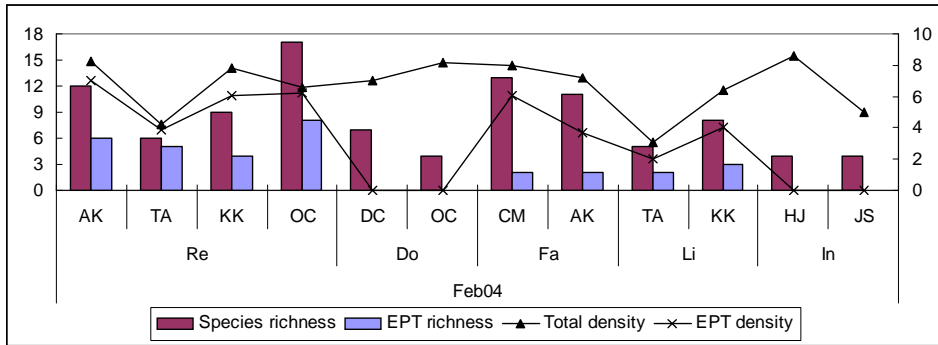


Fig. 4.22. Species richness, EPT richness, total density, EPT density of the benthic macroinvertebrates according to the reference and polluted sites (Feb., 2004)

2004년 6월의 경우 대조조사지인 일광천과 금곡천의 종풍부도가 11로 가장 높게 나타났고, 유기물 오염지역인 대천천이 2종만 출현하여 가장 낮았다 (그림 4.23). 총밀도는 산업폐수 오염지역인 학장천이 가장 높았다. EPT 풍부도의 경우 대조조사지 금곡천과 경작지 오염지역인 철마천이 높게 나타났다.

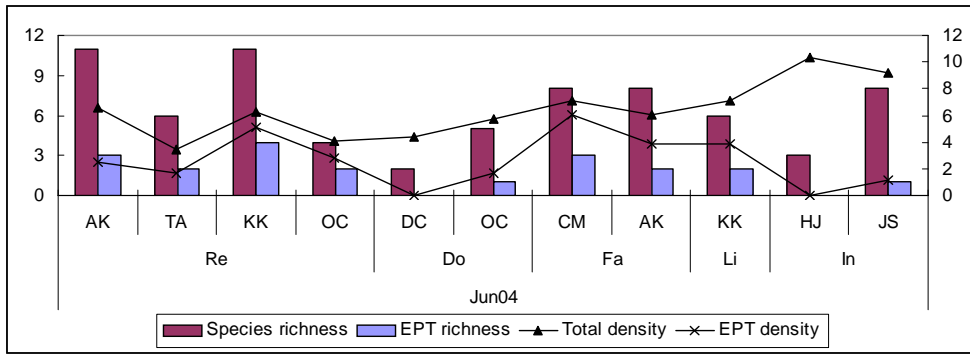


Fig. 4.23. Species richness, EPT richness, total density, EPT density of the benthic macroinvertebrates according to the reference and polluted sites (Jun., 2004)

전체적으로 종풍부도의 경우 대조조사지와 경작지 오염지역이 높게 나타났고, 유기물 오염지역과 산업폐수 오염지역에서 낮게 나타났다. EPT풍부도의 경우 대조조사지와 유기물, 산업폐수 오염지역에서 차이가 나타났다. 대조조사지의 경우 9 - 27, 경작지 오염지역은 6 - 11, 축산폐수 오염지역은 5 - 7로 나타났다. 유기물, 산업폐수 오염지역은 0 - 2 로 가장 낮게 나타났다.

군집구조의 경우 대조조사지와 오염지역에서 차이를 보였다. 대조조사지의 경우 다양한 생물군이 출현하는 경향을 보였으나, 유기물 오염지역과 산업폐수 오염지역의 경우 빈모류가 80%이상 우점하여 나타났다.

그림 4.19는 조사기간 동안 채집된 저서성 대형 무척추동물의 전체적인 출현 경향이다. 군집구조의 경우 본 연구에서 조사한 대조조사지와 오염지역에서 교란정도에 따른 차이를 보였다. 대조조사지의 경우 전반적으로 다양한 생물군이 출현하는 경향을 보였으나, 유기물이나 산업폐수 오염지역의 경우 종풍부도가 감소하였으며 빈모류가 80%이상 우점하여 나타났다(그림 4.24). 경작지 오염지역의 경우 하루살이류와 복족류의 상대풍부도가 높았고, 축산폐수 오염지역에서는 날도래류와 깔따구류가

상대적으로 많이 출현하였다.

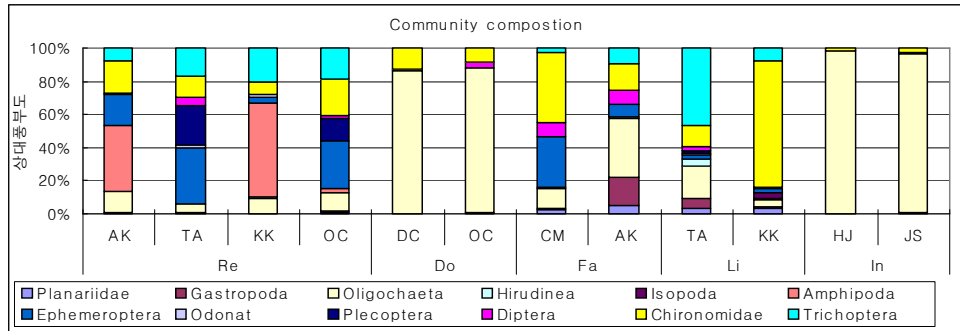


Fig. 4.24. Relative species richness of the benthic macroinvertebrates according to the reference and polluted sites

2003년 3월 채집에서는 대조조사지인 온천천에서 강도래, 날도래, 하루살이류를 포함하여 다양한 분류군이 골고루 출현하였다(그림 4.25). 대조조사지인 일광천과 금곡천의 경우 옆새우류가 20%이상 나타났다. 유기물 오염지역, 축산폐수 오염지역인 토함산과 산업폐수 오염지역의 경우 빈모류가 75%이상의 높은 비율로 나타났다.

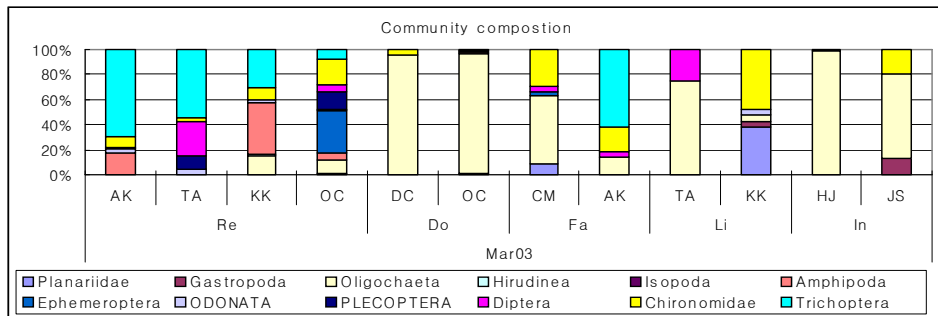


Fig. 4.25. Relative species richness of the benthic macroinvertebrates according to the reference and polluted sites (Mar., 2003)

2003년 6월 채집의 경우 강우 영향으로 인하여 전반적으로 출현 분류군이 줄어들었다. 대조조사지의 경우 날도래류, 옆새우류와 파리류의 상대풍부도가 높았고, 축산폐수 오염지역의 경우 플라나리아류와 깔따구류의 상대풍부도가 높게 나타났다. 유기물 오염지역인 대천천의 경우 깔따구류와 빈모류가 40%이상으로 출현하였다. 나머지 경작지, 유기물과 산업폐수 오염지역의 경우 빈모류가 50% 이상으로 상대풍부도가 높았다 (Fig. 4.26).

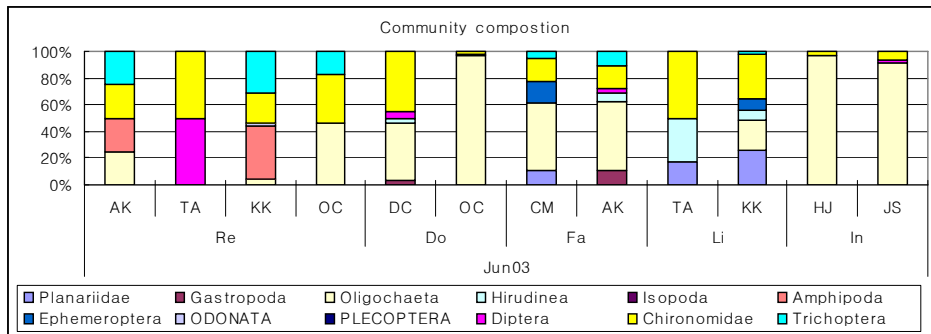


Fig. 4.26. Relative species richness of the benthic macroinvertebrates according to the reference and polluted sites (Jun., 2003)

2003년 12월 채집의 경우 3월 자료와 유사하게 다양한 분류군이 출현하였다. 특히 대조조사지 토함산의 경우 청정하천에서 출현하는 강도래류의 상대풍부도가 40%로 높았다(Fig. 4.27). 유기물 오염지역인 대천천의 경우 깔따구류가 60%로 빈모류보다 더 높은 풍부도를 보였다.

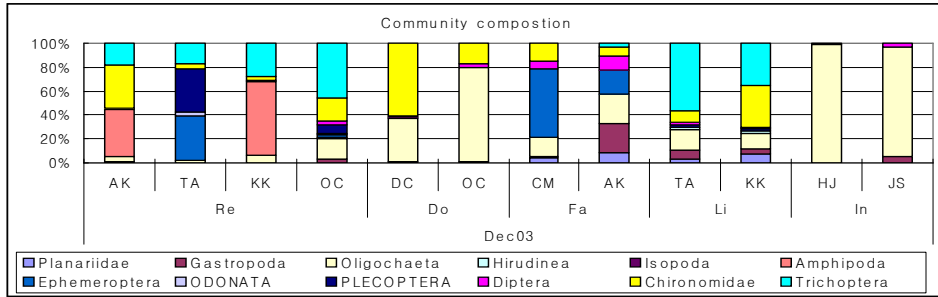


Fig. 4.27. Relative species richness of the benthic macroinvertebrates according to the reference and polluted sites (Dec., 2003)

2004년 2월의 경우 대조조사지에서 하루살이류와 옆새우류의 상대풍부도가 높게 나타났다. 경작지 오염지역인 철마천과 축산폐수 오염지역인 금곡천의 경우 깔따구류의 풍부도가 60%이상으로 높게 나타났다 (Fig. 4.28).

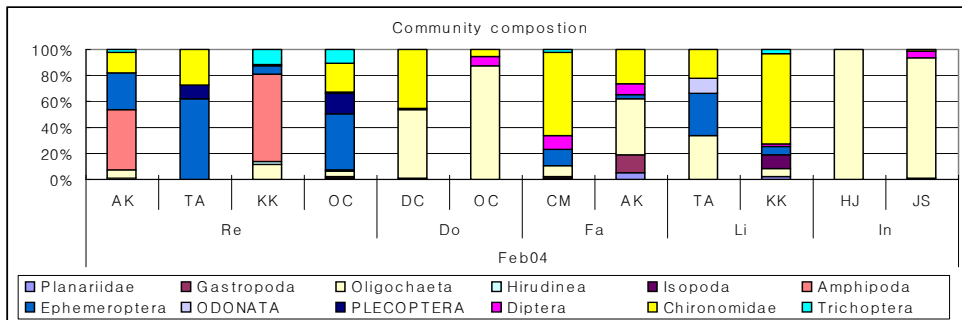


Fig. 4.28. Relative species richness of the benthic macroinvertebrates according to the reference and polluted sites (Feb., 2004)

2004년 6월의 경우 전체적으로 깔따구류와 빈모류의 상대풍부도가 높게 나타났다. 유기물 오염지역의 경우 깔따구류가 우점하고, 산업폐수 오염지역에서는 빈모류가 우점하여 나타났다 (Fig. 4.29).

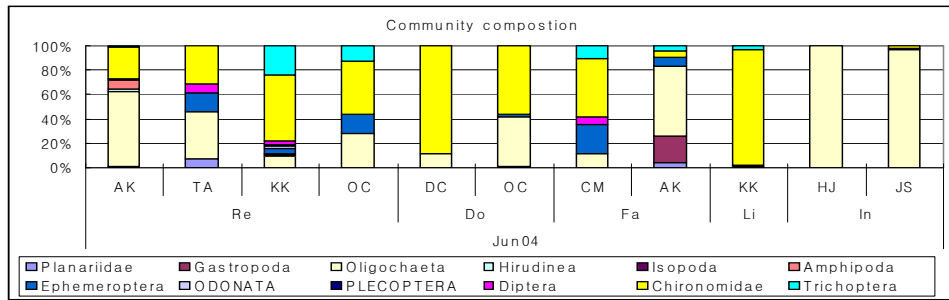


Fig. 4.29. Relative species richness of the benthic macroinvertebrates according to the reference and polluted sites (Jun., 2004)

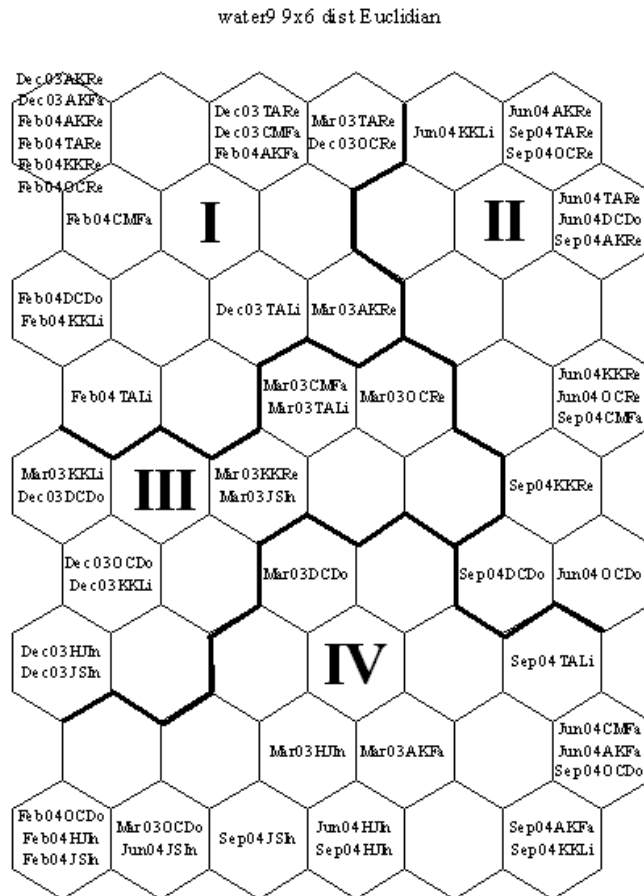
4.3.3. SOM을 이용한 주요 환경 요인의 그룹핑

본 연구에서는 저서성 대형무척추동물-저생조류-미생물 등의 주요 군집과 환경자료를 복합적인 유형성을 검토하기 위해 일차적으로 SOM (Self-Organizing Mapping)을 이용하여 통합적인 학습을 수행하였다.

환경요인이 전체적으로 어떤 유형성을 나타내는지를 SOM으로 조사하였다. 대조조사지는 다른 오염지역들과 구별되어 그룹I, II에 주로 묶여져서 나타났다(그림 4.30). 각 그룹은 U-matrix를 기준으로 나누었다(그림 4.30). 산업폐수 오염지역이 주로 묶여져서 나타났으며(그룹 IV), 다른 오염지역의 경우 흩어져서 나타났다. 오염의 영향과 아울러 계절적 변동 유형도 볼 수 있었다. 계절적 영향은 오염의 영향이 약한 지점에서 주로 나타났는데, 전체적으로 지도의 왼쪽은 겨울이, 지도의 오른쪽은 여름과 가을로 나뉘어져 나타났다.

SOM에서 묶여진 장소에 따라 환경요인의 구배를 보면, 그룹I의 경우 DO(용존산소량)와 NO_3^- -N의 값이 높게 나타남을 볼 수 있다. NO_3^- -N

의 경우 대조조사지에서 높게 나타났는데 이것은 빗물에 다량의 질산염을 포함하고 있거나, 수중에 풍부한 용존산소로 질산화가 진행될 수 있는 가능성이 큰 것으로 여겨지는데 앞으로 더 조사해 볼 필요가 있다고 여겨진다. 산업폐수로 오염된 그룹IV는 COD, TP, TKN, TN, TOC와 전도도가 높게 나타나 오염이 많이 진행된 지역의 환경교란 양상을 전형적으로 반영하였다. 전반적으로 환경요인에 의한 그룹핑은 오염상황이 극단적인 대조조사지와 산업폐수 오염지역에서 구배가 뚜렷하게 나타났고, 나머지 지역의 경우 계절에 따른 변동을 보여주었다.



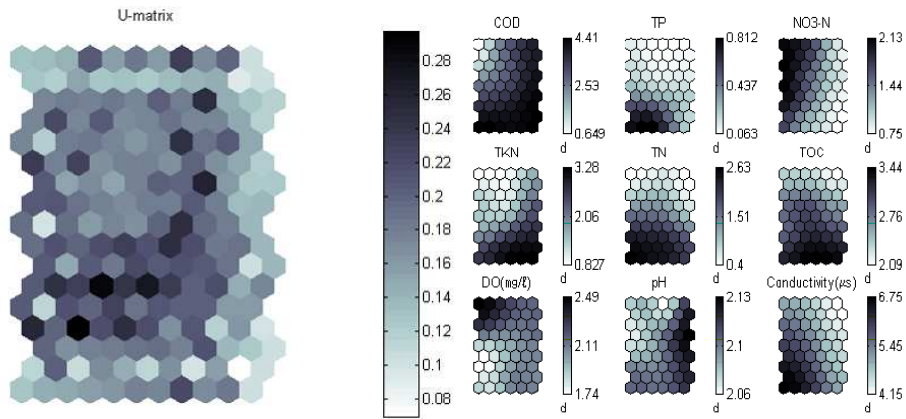


Fig. 4.30. Grouping of sampling sites of environmental data by SOM (upper pannel) and its U-matrix(lower left) and environmental parameter distribution according to the sites(lower right)

4.3.4. 군집자료를 이용한 그룹핑

4.3.4.1. 미생물 군집 그룹핑

미생물 군집의 경우에도 유형화를 수행하였다. 각 밴드의 동정이 현재 진행 중이므로 본 연구에서는 각 밴드의 출현에 대한 경향성을 조사하였다. 2003년 3월 자료의 경우 오염원에 대한 그룹이 뚜렷하게 나타났다. 그룹I에서는 대조조사지가, 그룹II의 경우 주로 축산폐수 오염지역이, 그룹III에서는 산업폐수 오염지역이 묶여졌다. 대조조사지의 경우 금곡천과 일광천이 그룹Ia, 토함산과 온천천이 그룹 Ib로 나뉘어져 대조조사지 간의 차이도 보여주었다.

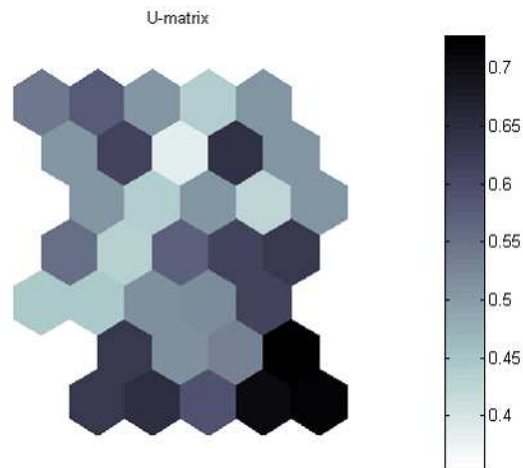
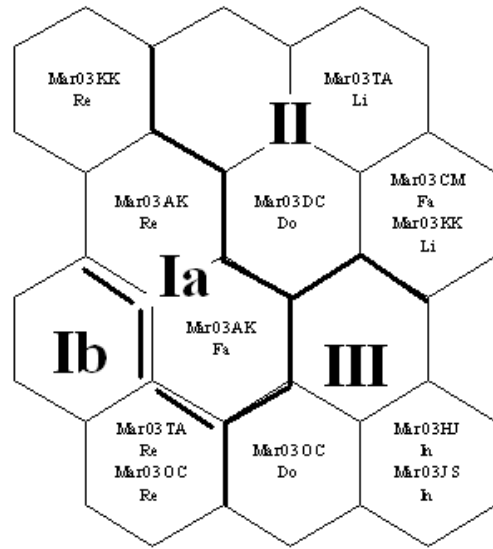


Fig. 4.31. Grouping of the sampling sites based upon microbial population density profiles(upper pannel) and its U-matrix(down pannel) (Mar., 2003)

2003년 6월 자료의 경우 그룹I에서 대조조사지가, 그룹 III은 유기물과 경작지 오염지역이, 그룹IV는 축산폐수와 산업폐수오염지역이 묶여졌다. 2003년 3월 조사에 비해 오염원의 종류에 따른 그룹이 뚜렷하지 않은데 이는 강우에 의한 영향이 반영된 것으로 보여진다.

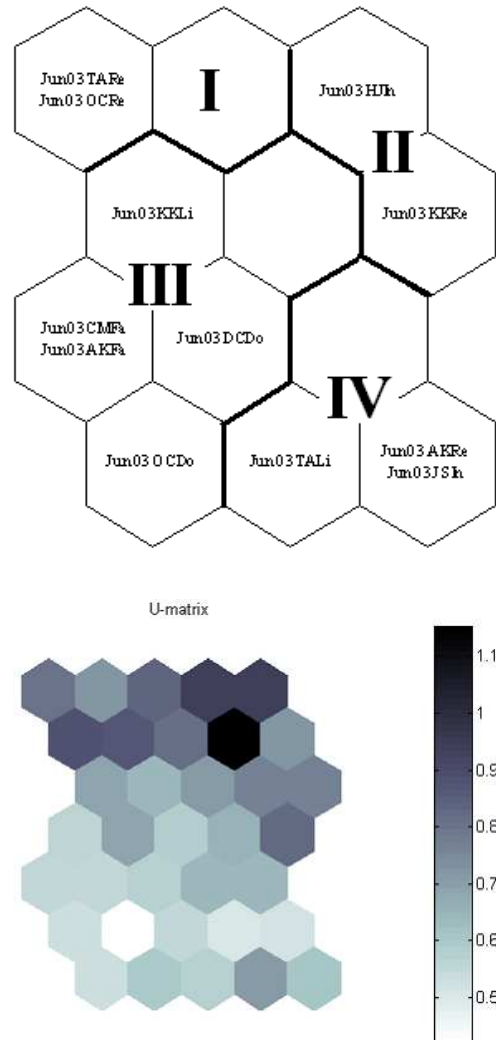


Fig. 4.32. Grouping of the sampling sites based upon microbial population density profiles(upper pannel) and its U-matrix(down pannel) (June., 2003)

2003년 12월 자료에서도 2003년 3월 자료와 유사한 그룹을 형성하였다. 그룹I과 II는 대조조사지, 그룹III은 축산폐수와 산업폐수 오염지역이, 그룹IV는 경작지 오염지역이 나뉘어졌다. 2003년 3월과 달리 대조조사지인 일광천과 토함산이 같이 묶여져서 나타났다.

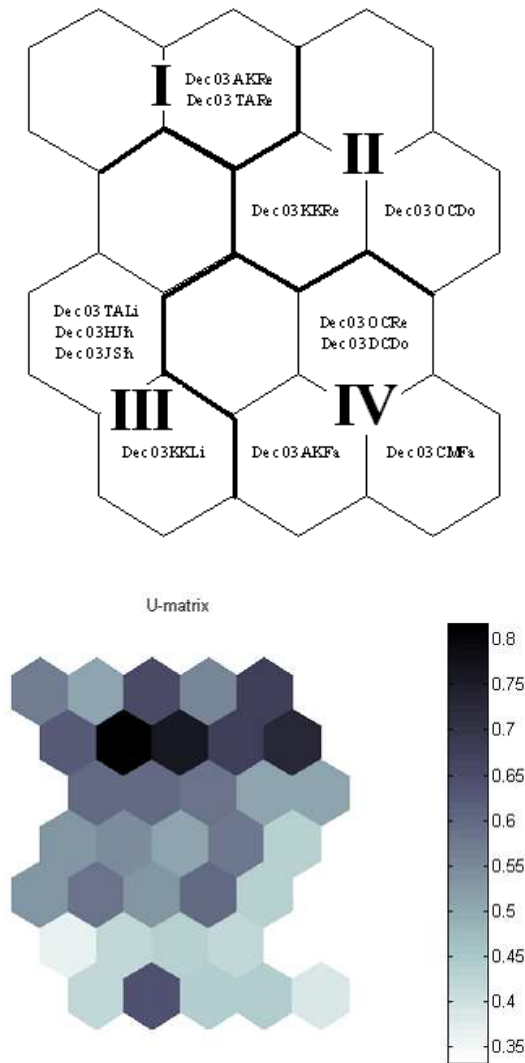


Fig. 4.33. Grouping of the sampling sites based upon microbial population density profiles(upper pannel) and its U-matrix(down pannel) (Dec., 2003)

2004년 2월의 경우 위의 그룹과 유사하나, 유기물 오염지역이 그룹III에서 뚜렷하게 나뉘어졌다. 대조조사지의 경우 2003년 3월과 유사하게 그룹을 형성하였다.

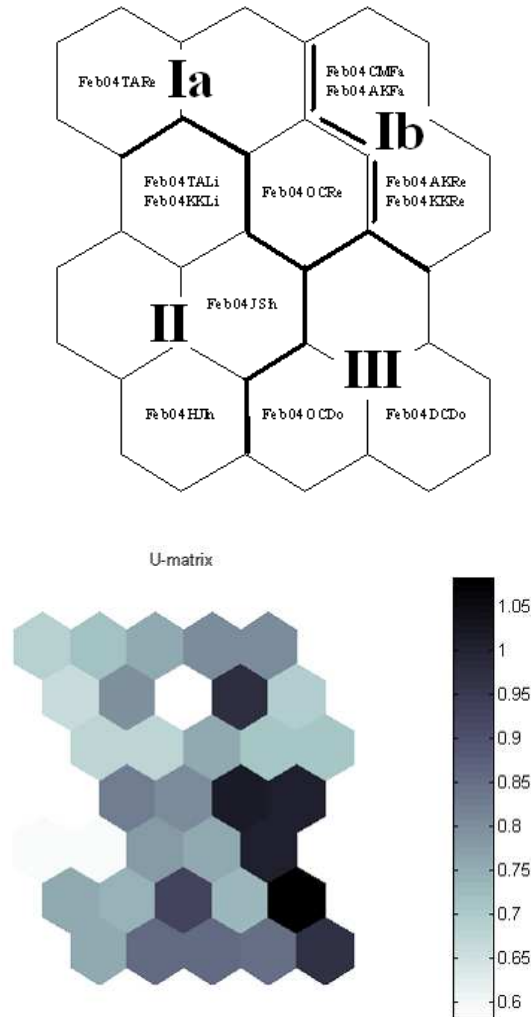


Fig. 4.34. Grouping of the sampling sites based upon microbial population density profiles(upper pannel) and its U-matrix(down pannel) (Feb., 2004)

2004년 6월 자료의 경우 2003년 6월과 유사하게 오염원의 종류에 따른 그룹이 뚜렷하게 나타나지는 않았다. 그러나 경작지 오염의 경우 그룹II에서, 산업폐수 오염지역은 그룹III에서 묶여졌다.

미생물의 군집 Pattern(DGGE profiles)에 따른 오염지역의 grouping을 SOM을 이용하여 분석한 결과 전반적으로 저서생물의 경우와 유사하게 계절적인 특이성을 보여주고 있다. 현재 진행중인 미생물 동정이 완료되어 모든 계절을 통합하여 해석할 경우 보다 일관성 있는 결과를 얻을 수 있을 것으로 사료된다. 그리고 저서생물 및 조류와의 통합적 해석이 가능하여 보다 복합적인 생물지표의 개발이 가능할 것으로 판단된다. 통합수질 지표 개발을 위한 모델의 선정에 크게 기여할 것으로 판단된다.

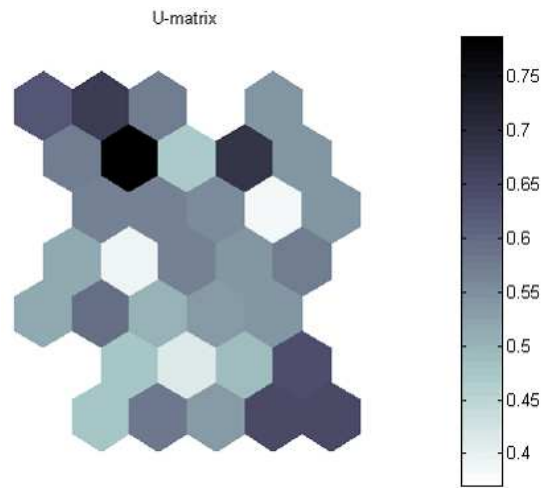
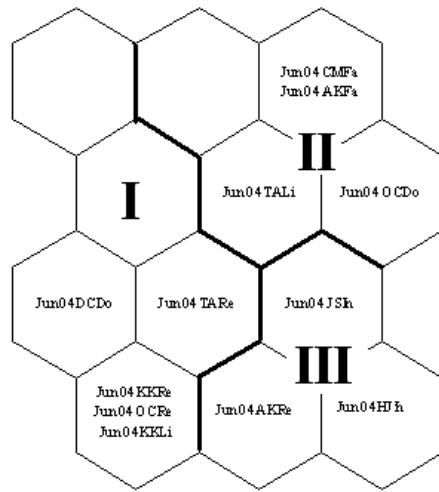


Fig. 4.35. Grouping of the sampling sites based upon microbial population density profiles(upper pannel) and its U-matrix(down pannel) (June., 2004)

4.3.4.2. 조류군집의 분석 및 그룹핑

남산동(OCD₀)

2003년 8월 산정된 총 개체 수는 311×10^4 cells/1였으며, 우점종 으로는 규조류인 *Navicula* spp.와 *Nitzschia* spp.가 관찰되었다. 이 지점에서 출현종과 생물량을 근거로 한 군집 분석지수의 결과를 보면, 우점도 지수가 거의 1에 가까운 0.998로 관찰되었으며, 종 다양성 지수 또한 0.273으로 낮게 관찰되었다.

2003년 12월 산정된 총 개체 수는 144×10^6 cells/1였으며, 우점종 으로는 2003년 8월과 마찬가지로 규조류인 *Navicula* spp.와 *Nitzschia* spp.가 관찰되었다. 우점도 지수와 종 다양성 지수는 각각 0.946, 0.138로 관찰되었다.

2004년 2월 산정된 총 개체 수는 110×10^3 cells/1로 기록되었으며, 우점종 으로는 규조류인 *Gomphonema* spp.와 *Navicula* spp.가 관찰되었다. 우점도 지수와 종 다양성 지수는 각각 1, 0.285로 관찰되었다.

2004년 6월에 산정된 총 개체 수는 105×10^5 cells/1였으며, 우점종 으로는 남조류인 *Pseudoanabaena* spp.와 규조류인 *Navicula* spp.가 관찰되었다. 우점도 지수와 종 다양성 지수는 각각 0.791과 0.599로 산출되었다.

이 지점은 조사 기간 동안 거의 규조류가 우점 하였으며, 특히 호오염종인 *Navicula* spp.와 *Nitzschia* spp.가 우점 하였다. 따라서 수괴가 유기물에 의해 굉장히 오염되었음을 알 수 있다.

대천천(DCD₀)

2003년 8월에 산정된 총 개체 수는 327×10^4 cells/1였으며, 제1, 2우점종 으로는 규조류인 *Navicula* spp.와 *Nitzshia* spp.가 관찰되었다. 이 지점에서 출현종과 생물량을 근거로 한 군집 분석지수의 결과를 살펴보면, 우점도 지수와 종 다양성 지수가 각각 0.526, 0.367로 관찰되었다.

2003년 12월에 산정된 총 개체 수는 437×10^4 cells/1였으며 출현종은 거의 규조류가 관찰되었다. 우점종 으로는 *Navicula spp.*와 *Nitzshia spp.*가 관찰되었으며, 우점도 지수와 종 다양성 지수는 각각 0.949와 0.28로 기록되었다.

2004년 2월에 산정된 총 개체 수는 630×10^4 cells/1였으며, 우점종은 규조류인 *Navicula spp.*와 남조류인 *Oscillatoria spp.*가 관찰되었다. 우점도 지수와 종 다양성 지수는 각각 0.969, 0.141로 기록되었다.

2004년 6월에 산정된 총 개체 수는 123×10^6 cells/1였으며, 출현 종으로는 규조류가 총 개체수의 65%로 가장 많이 관찰되었으며, 남조류는 34%가 관찰되었다. 제 1, 2 우점 종으로는 규조류인 *Achnanthes spp.*와 남조류인 *Pseudoanabaena spp.*가 관찰되었다. 우점도 지수와 종 다양성 지수는 0.966, 0.356으로 관찰되었다.

이 지점 역시 조사기간 동안 거의 규조류가 우점 하였으며, 남산동과 마찬가지로 호오염종인 *Navicula spp.*가 우점 하였다. 또한 수 환경 변화에 광범위하게 적응하는 *Oscillatoria spp.*가 우점 하였고, 조사기간 내 내 우점도 지수가 거의 1에 가깝게 산출된 결과로 미루어 보면, 수괴가 평장히 오염되었음을 알 수 있다.

일광 상, 중류(AKFa)

2003년 8월에 산정된 총 개체수는 각각 435×10^4 cells/1와 220×10^3 cells/1로 산출되었다. 분류군별로는 규조류와 녹조류가 출현하였고 제 1, 2우점 종으로는 일광 상류에서는 *Navicula spp.*와 *Gomphonema spp.*, 일광 중류에서는 녹조류인 *Scenedesmus ecornis*와 규조류인 *Navicula spp.*가 관찰되었다. 우점도 지수와 종 다양성 지수는 각각 일광 상류에서는 0.912, 0.373이었으며, 일광 중류에서는 0.863, 0.419로 산출되었다.

2003년 12월에 산정된 총 개체 수는 각각 150×10^3 cells/1, $419 \times$

10^5 cells/l로 상류보다 중류에서 더 높게 관찰되었다. 우점 종으로는 일광 상류에서는 *Navicula* spp.였으며, 일광 중류에서는 *Scenedesmus* spp.와 *Gomphonema* spp.가 관찰되었다.

2004년 2월에 산정된 총 개체 수는 각각 560×10^3 cells/l, 200×10^6 cells/l로 산출되었다. 분류군별로는 규조류와 녹조류가 주를 이루었고, 우점종으로는 일광 상류에서는 *Gomphonema* spp., *Navicula* spp., 일광 중류에서는 녹조류인 *Dictyosphaerium* spp.와 규조류인 *Gomphonema* spp.가 관찰되었다. 우점도 지수와 종 다양성 지수는 각각 일광 상류에서는 0.910, 0.336이었으며, 일광 중류에서는 0.923, 0.380으로 산출되었다.

2004년 6월에 산정된 총 개체수는 일광 상류는 280×10^3 cells/l, 일광 하류는 200×10^3 cells/l로 관찰되었다. 분류군별로는 규조류와 녹조류가 주를 이루었고, 우점 종으로는 일광 상류에서는 규조류인 *Achnanthes* spp.와 *Cymbella* spp., 일광 하류에서는 녹조류인 *Chroococcus* spp.와 규조류인 *Stephanodiscus* spp.가 각각 관찰되었다. 우점도 지수와 종 다양성 지수는 각각 0.643, 0.622와 0.750, 0.555로 산출되었다.

일광 상류와 중류는 대부분 규조류인 *Navicula* spp.나 *Gomphonema* spp.가 우점을 이루었고 우점도 지수 또한 높았다. 그러나 일광 하류에 와서는 종 조성이 녹조류인 *Chroococcus* spp.나 규조류인 *Stephanodiscus* spp.로 바뀌었음을 알 수 있었다. 이로 미루어 볼때 일광 하류보다는 일광 상, 중류에서 수위가 좀 더 오염됨을 알 수 있었다.

금곡 상류(KKRe)

2003년 8월에는 생물량이 없었고 2003년 12월에는 총 개체수가 50×10^3 cells/l로 다른 지점보다 극히 낮았다. 출현종은 대부분이 규조류로 *Cymbella* spp.와 *Gomphonema* spp.가 우점을 이루었고 우점도 지수와 종 다양성 지수는 0.800, 0.458로 관찰되었다.

2004년 2월 산출된 총 개체 수는 510×10^3 cells/l였으며, *Gomphonema*

spp.와 *Navicula* spp.가 우점을 이루었다. 우점도 지수와 종 다양성 지수는 각각 0.941과 0.391로 관찰되었다.

2004년 6월에는 총 개체수가 392×10^5 cells/l였으며, 남조류인 *Pseudoanabaena* spp.와 규조류인 *Nitzshia* spp.가 우점을 이루었다.

다른 지점과 마찬가지로 규조류가 대부분을 이루었고, 우점도 지수 또한 높고 종 출현 역시 단조로웠다.

금곡 축사(KKLi)

2003년 8월에 산정된 총 개체수는 166×10^4 cells/l이었고, 분류군별로 녹조류와 규조류가 출현하였다. 제 1, 2우점 종으로는 *Navicula* spp.와 *Nitzshia* spp.가 관찰되었다. 우점도 지수와 종 다양성 지수는 각각 0.855와 0.501로 산출되었다.

2003년 12월 총 개체 수는 203×10^6 cells/l, 제 1, 2우점 종으로는 녹조류인 *Scenedesmus* spp.와 규조류인 *Melosira* spp.가 관찰되었다. 우점도 지수와 종 다양성 지수는 각각 0.991과 0.147로 산출되었다.

2004년 2월 총 개체 수는 232×10^5 cells/l, 제 1, 2우점 종으로는 규조류인 *Gomphonema* spp.와 *Pinnularia* spp.가 관찰되었다. 우점도 지수와 종 다양성 지수는 각각 0.849과 0.395로 산출되었다.

이 지점에서는 대부분 호오염종인 규조류가 우점 하였고, 우점도 지수 또한 높게 관찰되었다.

학장동(HJIn)

2003년 8월에 산정된 총 개체 수는 153×10^5 cells/l이었고, 분류군별로 녹조류와 규조류가 출현하였다. 제 1, 2우점 종으로는 *Gomphonema* spp.와 *Navicula* spp.가 관찰되었고 우점도 지수와 종 다양성 지수는 각각 0.884와 0.373로 산출되었다.

2003년 12월 총 개체 수는 118×10^5 cells/l, 제 1, 2우점 종으로는

*Gomphonema spp.*와 *Navicula spp.*가 관찰되었고, 우점도 지수와 종 다양성 지수는 각각 0.922과 0.386으로 산출되었다.

2004년 2월 총 개체 수는 546×10^4 cells/l, 제 1, 2우점 종으로는 규조류인 *Navicula spp.*와 *Cymbella spp.*가 관찰되었다. 우점도 지수와 종 다양성 지수는 각각 0.963과 0.251로 산출되었다.

2004년 6월 출현한 총 개체 수는 416×10^6 cells/l였고, 분류군별로 녹조류 1종, 남조류 2종, 규조류 9종, 와편모조류 1종이 각각 출현하였다. 제 1, 2우점 종으로는 남조류인 *Synechocystis spp.*와 규조류인 *Navicula spp.*가 관찰되었고, 우점도 지수와 종 다양성 지수는 각각 0.812, 0.465로 산출되었다.

죽성(JSIn)

2003년 8월에 산정된 총 개체 수는 108×10^4 cells/l이었고, 분류군별로 녹조류와 규조류가 출현하였다. 제 1, 2우점 종으로는 *Nitzshia spp.*와 *Navicula spp.*가 관찰되었고 우점도 지수와 종 다양성 지수는 각각 0.916과 0.267로 산출되었다.

2003년 12월 총 개체수는 130×10^3 cells/l, 제 1, 2우점 종으로는 *Nitzshia spp.*와 *Navicula spp.*가 관찰되었고, 우점도 지수와 종 다양성 지수는 각각 0.846과 0.360으로 산출되었다.

2004년 2월 총 개체 수는 120×10^4 cells/l, 제 1, 2우점 종으로는 규조류인 *Navicula spp.*와 녹조류인 *Closterium spp.*가 관찰되었다. 우점도 지수와 종 다양성 지수는 각각 0.750과 0.586으로 산출되었다.

2004년 6월 출현한 총 개체 수는 314×10^5 cells/l였고, 분류군별로 녹조류 1종, 남조류 1종, 규조류 11종, 와편모조류 2종이 각각 출현하였다. 제 1, 2우점 종으로는 남조류인 *Pseudoanabaena spp.*와 규조류인 *Achnanthes spp.*가 관찰되었고, 우점도 지수와 종 다양성 지수는 각각 0.611, 0.798로 산출되었다.

토함측사, 토함상류(TALi, TARE)

2003년 8월에 산정된 총 개체 수는 각각 670×10^3 cells/l, 270×10^3 cells/l으로 관찰되었고, *Gomphonema* spp., *Nitzshia* spp.와 *Navicula* spp.가 각각 우점 하였다. 우점도 지수와 종 다양성 지수는 각각 토함 측사에서 0.611, 0.654와 토함 상류에서는 0.962, 0.136으로 기록되었다.

2003년 12월에 산정된 총 개체 수는 각각 485×10^5 cells/l, 140×10^3 cells/l으로 관찰되었고, *Gomphonema* spp.와 *Navicula* spp.가 각각 우점 하였다. 우점도 지수와 종 다양성 지수는 토함 측사에서 0.727, 0.606으로 기록되었다.

2004년 2월에 산정된 총 개체수는 각각 277×10^5 cells/l, 102×10^4 cells/l으로 관찰되었고, *Gomphonema* spp.와 *Navicula* spp.가 각각 우점하였다. 우점도 지수와 종 다양성 지수는 각각 토함측사에서 0.979, 0.156과 토함 상류에서는 0.911, 0.368로 기록되었다.

2004년 6월에 산정된 총 개체 수는 각각 139×10^5 cells/l, 830×10^4 cells/l으로 관찰되었다. 분류군별로 살펴보면, 토함 측사에서는 녹조류 2종, 규조류 7종이 출현하였고, 토함 상류에서는 남조류 2종, 규조류 7종이 출현하였다. 토함 측사에서는 규조류 중 *Achnanthes* spp.와 *Navicula* spp.가 우점하였고, 토함 상류에서는 남조류인 *Microcystis* sp.와 규조류인 *Navicula* spp.가 각각 우점하는 현상을 보였다. 각 지점의 우점도 지수와 종 다양성 지수는 토함 측사에서는 0.747, 0.574, 토함 상류에서는 0.612, 0.746으로 산출되었다.

철마(CMFa)

2003년 8월 출현한 총 개체 수는 철마 미, 위에서는 805×10^4 cells./l, 철마 미, 아에서는 180×10^3 cells/l였고, 각각 *Gomphonema* spp.와 *Navicula* spp.가 우점 하였다.

2003년 12월 총 개체 수는 203×10^6 cells/l였고, 이 중 85%가 규조류로

출현한 가운데, *Melosira* spp.와 *Navicula* spp.가 우점하는 현상이 관찰되었다. 우점도 지수와 종 다양성 지수는 각각 0.602와 0.717로 기록되었다.

2004년 2월 총 개체 수는 349×10^4 cells/l였고, 2003년 12월과 마찬가지로 규조류인 *Melosira* spp.와 *Navicula* spp.가 우점하였다. 우점도 지수와 종 다양성 지수는 각각 0.553과 0.748로 관찰되었다.

2004년 6월 출현한 총 개체 수는 265×10^5 cells/l였고, 분류군별 출현종으로는 녹조류 2종, 남조류 1종, 규조류 11종, 와편모조류 2종이 관찰되었다. 이 중 규조류인 *Achnanthes* spp.와 녹조류인 *Scenedesmus* spp.가 우점하였고, 이를 토대로 산출된 우점도 지수와 종 다양성 지수는 0.505와 0.909로 관찰되었다.

범어사(TARe)

2003년 12월에 산정된 총 개체수는 각각 750×10^3 cells/l으로 관찰되었고, *Gomphonema* spp. *Navicula* spp.가 각각 우점하였다. 우점도 지수와 종 다양성 지수는 각각 0.986과 0.311으로 기록되었다.

2004년 2월에는 대부분 규조류인 *Gomphonema* spp.와 *Navicula* spp.가 우점하였고, 2004년 6월에는 총 개체수가 390×10^4 cells/l로 규조류인 *Achnanthes* spp.와 *Cyclotella* spp.가 우점하였다. 이 때 우점도 지수와 종 다양성 지수는 0.769와 0.518로 관찰되었다.

조류의 총 밀도 분포, 속 우점도 및 속 다양성 분포

본 연구에서 분석된 조류의 총 밀도 분포는 그림 4.36에 제시된 바와 같다. 대조지(비오염지)에 비해 오염지(생활오수오염, 농업지역 및 축산폐수 오염)에서 수배 재지 수심 배 높게 나타났다. 이들 조류는 대부분 오염지에 적응된 속으로 보인다. 그리고 속의 우점도와 속 다양성 지수는 서로 대조는 보이고 있는데 철마(2004년 5월)가 가장 높은 속 다양성

지수를 보였다(그림 4.37 및 4.38). 이는 환경조건(온도, 빛, 영양염류 N, P등)이 다양한 속의 조류가 성장하기에 적합한 것에 기인하는 것으로 판단된다.

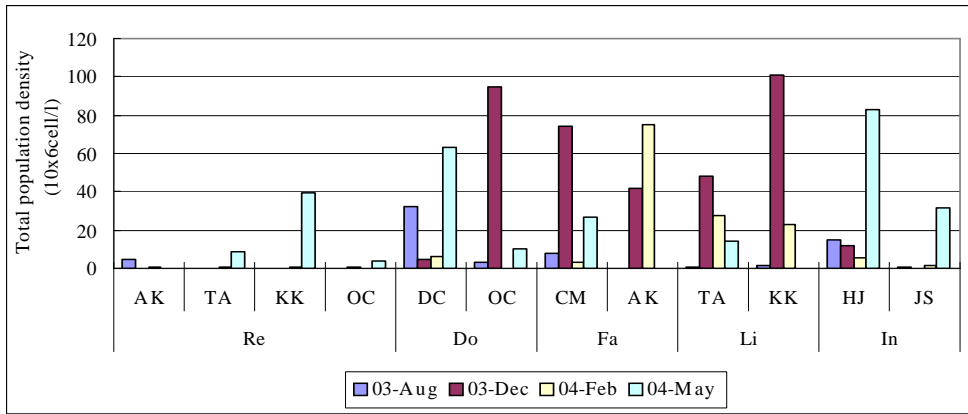


Fig. 4.36. Total population density of according to algae the reference and polluted sites (Aug., 2003 - May, 2004)

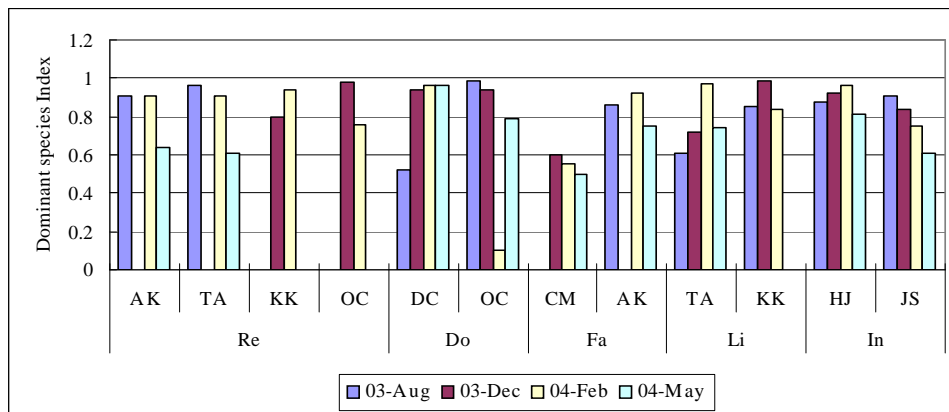


Fig. 4.37. Dominant species Index of algae according to the reference and polluted sites (Aug., 2003 - May, 2004)

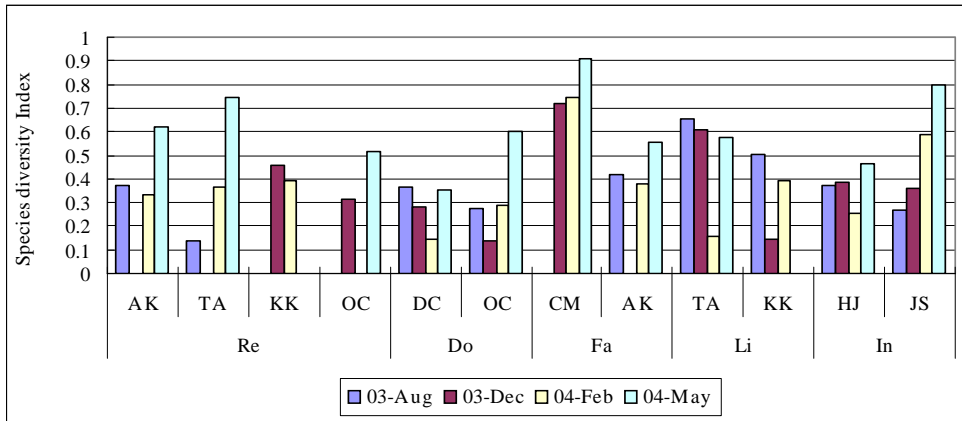
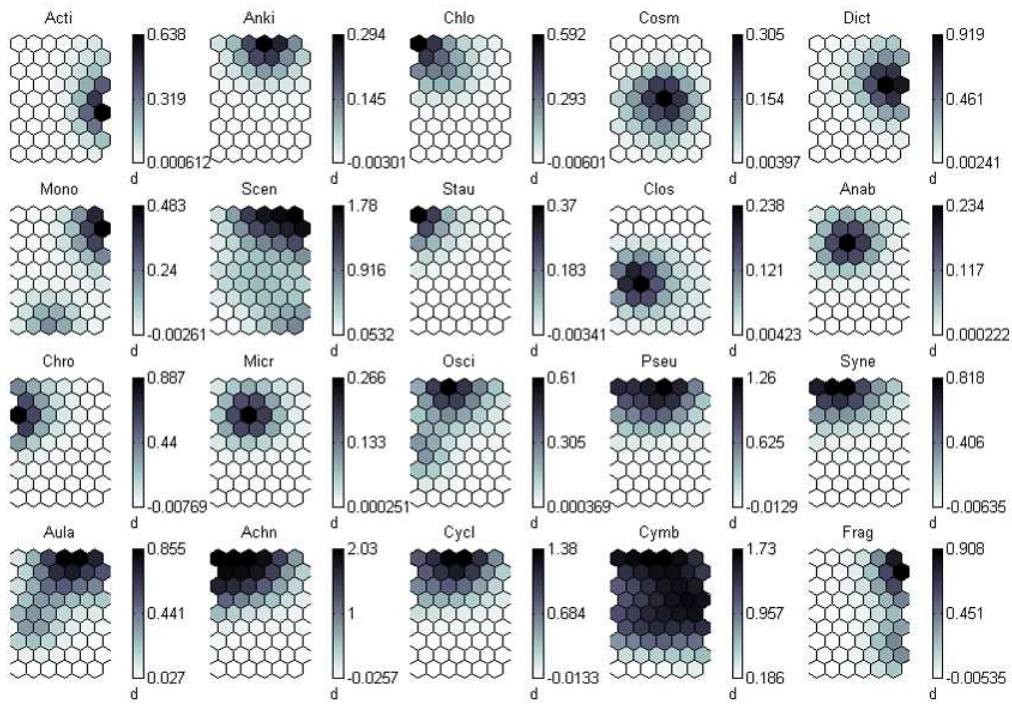
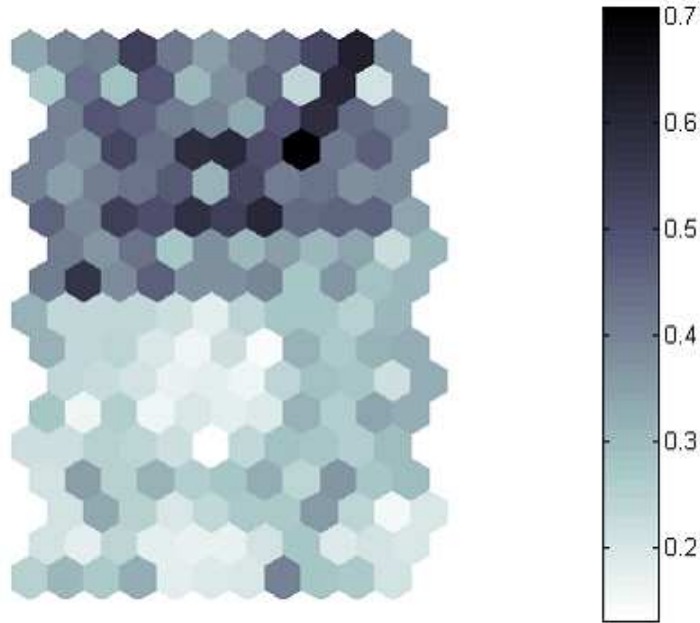


Fig. 4.38. Species diversity Index of algae according to the reference and polluted sites (Aug., 2003 - May, 2004)

조류에 의한 SOM의 경우도 전반적으로 오염원에 따른 유형화를 나타내었다. 그러나 저서성 대형무척추동물 군집에 비해 오염원의 종류에 따라 뚜렷한 그룹을 보이지는 않았다. 조류의 경우 주로 그룹 I, II와 III에서 오염이 진행된 지역이 함께 묶여져 나타났다(그림 4.39). 그룹 IV에서는 대조조사지가 묶여졌다. 계절적인 구배도 비교적 약하게 나타났으며, 강우의 영향이 있는 2004년 6월 자료가 지도의 위쪽에 묶여졌다.

조사지점에 따른 조류 종의 출현을 검토하였다(그림 4.39). 우점종의 경우 *Cymbella* sp., *Gomphonema* sp., *Navicula* sp.와 *Nitzschia* sp.가 대부분의 지점에서 나타났다. 오염에 따라 나타나는 조류의 종류도 다양했는데 축산폐수 오염지역이 묶인 그룹III에서는 *Dictyosphaerium* sp.와 *Bacillariophyceae* sp.가 우점하여 나타났다. 그러나 조류의 경우 현재 분류가 진행중이므로 분류가 진행됨에 따라 보다 더 세밀하게 검토하고자 한다.

U-matrix



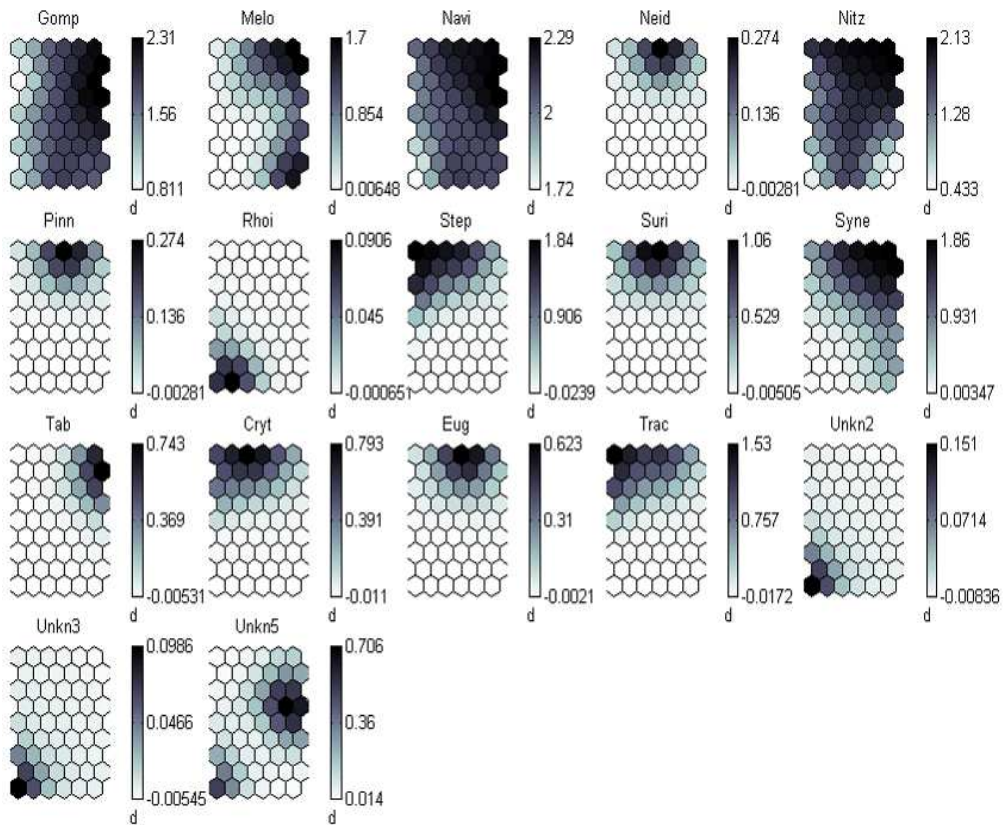


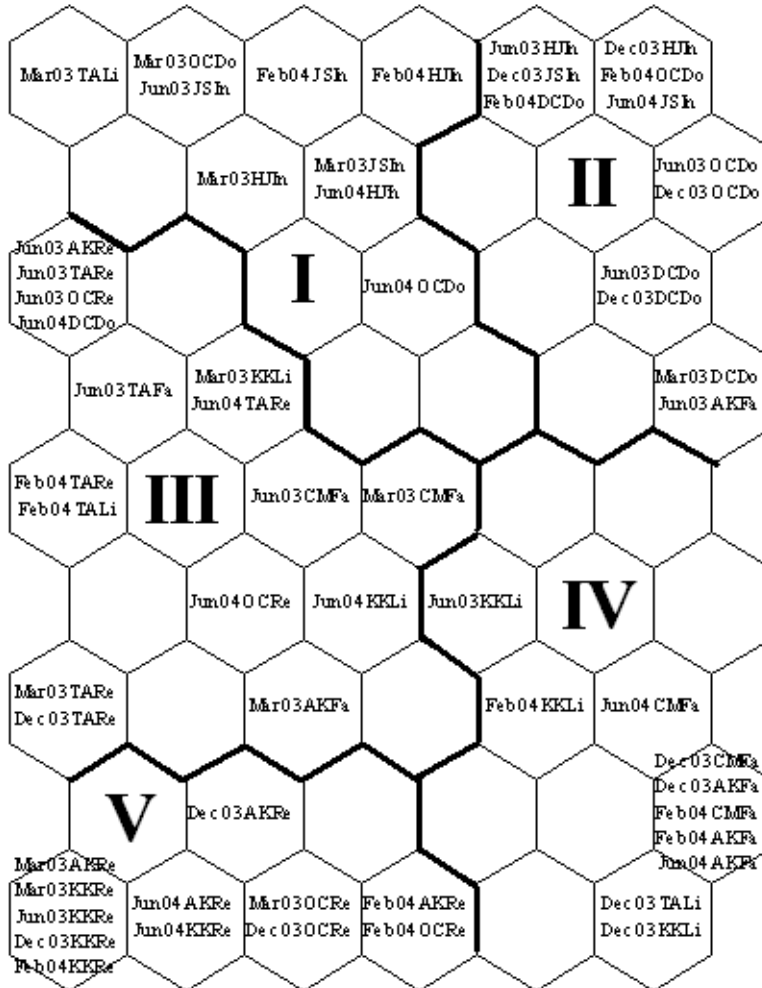
Fig. 4.39. Grouping of the sampling sites based upon algae population density by SOM (upper panel), its U-matrix(middle panel) and the genus distribution according to the sites(lower panel)

4.3.4.3. 저서생물 그룹핑

주요 저서생물 자료를 이용한 조사지점의 그룹핑에서도 대조 조사지와 다른 오염지역들이 나뉘어졌다(그림 4.40). 대조조사지의 경우 그룹 II와 V에 묶여져서 나타났다. 그룹III에서는 2003년 6월 지점이 함께 묶여졌는데, 이때는 집중강우 후 조사가 진행되어 전체적으로 생물량이 제한되어 나타나는 경향성을 보였다. 그룹IV에서는 경작지와 축산폐수 오염지역이 묶여져서 나타났고, 유기물 오염지역은 그룹II에서, 산업폐수 오염지역은 그룹I에서 묶이어서 출현하였다. 저서생물 자료의 경우 강우 영향이 있었던 2003년 6월 자료를 포함하여 대부분 오염종류에 따라 따로 따로 그룹을 형성하였다. 이로써 환경자료에 따른 그룹핑(그림 4.40)에 비해 저서성 대형무척추동물에 따른 그룹핑이 보다 민감하게 오염종류에 따른 유형성을 보임을 알 수 있었다.

SOM에서 유형화된 주요 저서생물의 구배를 볼 수 있었는데, 대조조사지가 모인 그룹 V에서는 청정 하천에 주로 나타나는 하루살이류, 강도래류, 날도래류, 옆새우류가 높게 나타났다. 유기물 오염지역이 모인 그룹II에서는 빈모류(Oligochaeta), Chironomidae, 복족류(Gastropoda)가 높은 밀도로 출현하였다. 경작지와 축산폐수 오염지역의 경우 플라나리아, 복족류, 하루살이류와 갈따구류의 밀도가 높았다.

benthos12 9x6 dist Euclidian



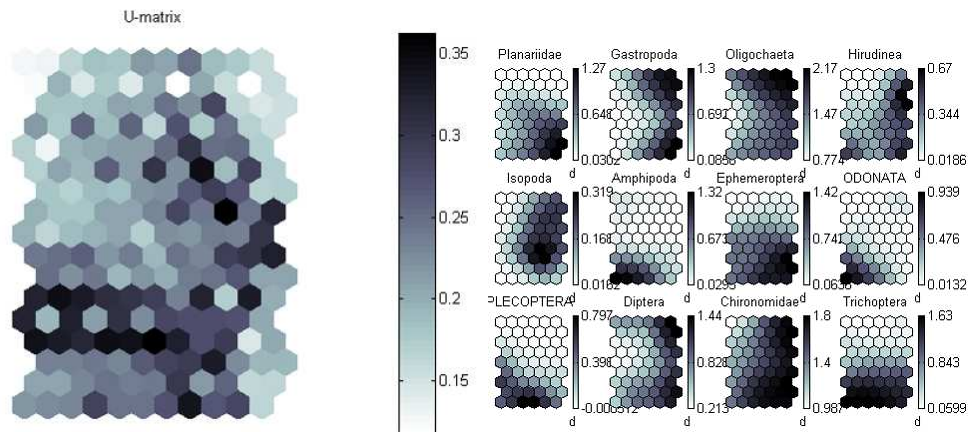


Fig. 4.40. Grouping of sampling sites based upon benthic micro-invertebrate by SOM(upper panel), its U-matrix(lower left panel) and the species distribution(lower right panel)

V. 결론

본 연구에서는 미생물(진정세균), 조류 및 대형저서 생물의 군집분석을 통하여 하천의 오염 유형 및 정도가 하천의 생태계에 미치는 영향을 정성, 정량적으로 파악할 수 있었으며 나아가서 하천의 통합수질 지표 개발과 관련하여 다음과 같은 결론을 얻을 수 있었다.

1. 전반적으로 환경요인을 입력 변수로 하여 SOM으로 분석한 결과 오염종류별로 조사지점 그룹이 형성되었다.
2. 저서 군집을 입력변수로 하여 SOM 으로 분석한 결과 청정지역과 오염지역은 분명히 구분되었고, 특히 오염지의 경우 경작지나 유기물-산업폐수 오염지역의 구분이 이루어지고 생물의 군집구조가 다를 수 있었다.
3. 조류의 경우 지역과 시료 채취 시기에 따른 속 분포의 특이성이 관찰되고 있으나 종까지 분류가 이루어질 경우 보다 객관적인 자료의 제시가 가능할 것으로 보인다.
4. 미생물의 동정이 완전히 이루어질 경우 오염지역에 따른 미생물 군집의 grouping이 완전히 이루어지고 나아가서 저서생물 및 조류 자료와 통합하여 grouping 할 경우 이들 군집간의 상호 관련성을 객관적으로 확인할 수 있을 것으로 사료된다.
5. 위의 자료를 다층 퍼셉트론(multilayer perceptron, MLP) 통하여 분석할 경우, 다양한 환경인자 및 생물인자를 이용할하여 목표 통합지수(e.g., species richness 등)를 도출할 수 있을 것으로 본다.

VI. 참고문헌

APHA, AWWA and WPCF. 1985. Standard methods for the examination of water and waste water(16th. ed). *APHA, Washington, DC.* p. 1134

Brigham, A. R., W. U. Brigham and A. Gnilka(eds). 1982. Aquatic insects and oligochaetes of North and South California. *Midwest Aquatic Enterprise, Mahomet.* p. 837

Brinkhurst, R. O. 1986. Guide to the freshwater aquatic microdrile Oligocahetes of North America. Canadian Special Publication of Fisheries and Aquatic Sciences 84, *Dept. of Fisheries and Ocean, Canada.* p. 259

Bunn, S. E., D. H. Edward and N. R. Loneragan. 1986. Spatial and temporal variation in the macroinvertebrate fauna of streams of the northen jarrah forest, Western Australia: community structure. *Freshwater Biology.* 16:67-91.

Chon, T.-S., I. S. Kwak and Y. S. Park. 2000a. Pattern recognition of long-term ecological data in community macroinvertebrates and chironomids in a polluted stream. *Korean Journal of Ecology.* 23:89-100.

Chon, T.-S., Y. S. Park and E. Y. Cha. 2000b. Patterning of community changes in benthic macroinvertebrates collected from urbanized streams for the short time prediction by temporal artificial

neural networks. In: Artificial Neural Networks in Ecology and Evolution (Lek S. and J. F. Guegan eds). *Springer-Verlag, Berlin*.

Chon, T.-S., Y.S. Park and J. H. Park. 2000a. Determining temporal pattern of community dynamics by using unsupervised learning algorithms. *Ecol. Model.* 132:151-166.

Chon, T. S., Y. S. Park, J. H. Park. 2000b. Determining temporal pattern of community dynamics by using unsupervised learning algorithms. *Ecol. Model.* 132:151-166.

Chon, T. -S., Y. S. Park, K. H. Moon and E. Y. Cha. 1996. Patternizing communities by using an artificial neural network. *Ecol. Model.* 90:69-78.

Elizondo, D.A., McClendon, R. W. and Hoongenboom, G., 1994. Neural network models for predicting flowering and physiological maturity of soybean. *Transactions of the ASAE*, 37:981-988.

Elizondo, D. A., R. W. McCendon and G. Hppngenboom. 1994. Neural network models for predicting flowring and physiological maturity of soybean *Transactions of the ASAW* 37:981-988.

Gea-Jae Joo , Kim Hyun-Woo and Ha Kyong. 1997. The development of stream ecology and current status in Korea, *Korean J. Ecol.* 20(1):69-78.

Giles, C. L., Kuhn, G. M. and Williams, R. J. 1994. Dynamic recurrent

neural networks: theory and applications. IEEE Transactions on Neural Networks. *Macmilian College Publishing Company, New York.*

Gonzalez, J. M., A. Ortiz-Martinez, M. A. Gonzalez-delValle, L.Laiz, and C.Saiz-Jimenez. 2003. An efficient strategy for screening large cloned libraries of amplified 16S rDNA sequences from complex environmental communities. *J. Microbiol. Meth.* 55:459-463.

Hanson, J. R., Corinne E. Ackerman, and Kate M. Scow. 1999. Biodegradation of Methyl tert-Butyl Ether by a Bacterial Pure Culture. *Appl. Environ. Microbiol.* 65:4788-4792.

Haykin, S., 1994. Neural networks. *Macmikkian college publishing company, New York.*

Head, I. M., J. R. Saunders, and R. W. Pickup. 1988. Microbial evolution, diversity, and ecology: an decade of ribosomal RNA analysis of uncultived microorganisms. *Microb. Ecol.* 35:1-21.

Hecht-Nielsen, R. 1990. Neurocomputing. *Addison-Wesley, New York.* p. 433.

Hellawell, J. M. 1986. Biological Indicators of Freshwater Pollution and Environmental Management. *Elsevier, London.* p. 546

Huntingford, C. and P. M. Cox. 1996. Use of statistical and neural network techniques to detect how stomatal conductance responds to changes in the local environment. *Ecological Modelling* 97:217-246.

Hynes, H. B. N. and M. J. Coleman. 1968. A simple method of assessing the annual production of stream benthos. *Limnol. Oceanogr.* 13:569–573.

Kohonen, T. 1989. Self-organization and Associative Memory. *Springer-Verlag, Berlin.* p. 312

Koizumi, Y., Y. Kozima, and M. Fukui. 2003. Characterization of depth-related microbial community structure in lake sediment by Denaturing Gradient Gel Electrophoresis of amplified 16S rDNA and reversely transcribed 16S rRNA fragments. *FEMS Microbiol Ecol.* 46:147–157.

Kung, S. Y. 1993. Digital Neural Networks. *Prentice Hall, Englewood Cliffs, New Jersey.* p. 444.

Kwak, Inn Sil, Guang chun Liu, Tae Soo Chon and Young Seuk Park. 2000. Community patterning of benthic macroinvertebrates in streams of south korea by utilizing an artificial neural network. *Korean J. Limnol.* 33(3):230–243.

Kwak, Inn Sil, Jwa Kwan Kim and Tae Soo Chon. 2003. Community patterning of benthic macroinvertebrates in urbanized streams by utilizing an artificial neural network. *Korean J. Limnol.* 36(1):29–37.

Legendre, P. and L. Legendre. 1987. Developments in numerical ecology. *Springer-Verlag, Berlin.* p. 585.

Legendre, P., S. Dallot and L. Legendre. 1985. Succession of species within a community: chronological clustering, with applications to marine and freshwater zooplankton. *Am. Nat.* 125:257–288.

Lek, S., M. Deacoste, P. Baran, I. Dimopoulos, J. Lauga and S. Aulagnier. 1996. Application of neural networks to modelling nonlinear relationships in ecology. *Ecological Modelling* 90:39-52.

Lohninger, H. and F. Stancl. 1992. Comparibg the performance of neural networks to well-established methods of multivariate data. *Fresenius J. Anal. Chem.* 344:186-189.

Ludwig, J. A. and J. F. Reynolds. 1988. Statistical Ecology. Aprimer of Methods and Computing. *John Wiley and Sons, New York.* p. 337.

McCaig, A. E., L. anne Glover, and James I. Prosser. 2001. Numerical Analysis of Grassland Bacterial Community Structure under Different Land Management Regimens by Using 16S Ribosomal DNA Sequence Data and Denaturing Fradient Gel Electrophoresis Banding Patterns. *Appl and Environ. Microbiol.* 67(10):4554-4559.

Melssen. W. J., J. R. M. Smits, G. H. Rolf and G. Kateman. 1993. Two-dimensional mapping of IR spectra using a parallel implemented self-organising feature map. *Chemom. Intell. Lab. Syst.* 18:195-204.

Merritt, R. W. and K. W. Cummins. 1996. An Introduction to the Aquatic Insects of North America. *Hunt Publishing Company, Dubugue.* p. 722.

Muyzer, G. and K. Smalla. 1998. Application of DGGE and TGGE in microbial ecology. *Antonie van Leeuwenhoek* 73:127-141.

Noble, P. A., J. S. Almeida and C. R. Lovell. 2000. Application of

neural computing methods for interpreting phospholipid fatty acid profiles of neural microbial communities. *Appl Environ Microbiol.* 66: 694-699.

Noble, P. A., K. D. Bidle and M. Fletcher. 1997. Neural microbial community compositions compared by a back-propagating neural network and cluster analysis of 5S rRNA. *Appl. Environ. Microbiol.* 68:235-244.

Oh, Y. N. and T. S. Chon. 1991. A study on the benthic macroinvertebrates in the middle reaches of paenae stream, a tributary of yje Nakdong River, Korea. I. Community analysis and biological assessment of eater quality. *Korean Journal of Ecology.* 14: 345-360.

Pennak, R. W. 1978. Fresh-water Invertebrates of the United States. *John Wiley & Sons, Inc., New York.* p. 803.

Quinn, M. A., S. E. Halbert and L. Williams III. 1991. Spatial and temporal changes in aphid (Homoptera Aphididae) species assemblages collected with suction traps in Idaho. *J. Econ. Entomol.* 84:1710-1716.

Recknagel, F., M. French, P. Harkonen and K.-I. Yabunaka. 1997. Artificial neural network approach for modelling and prediction of algal blooms. *Ecological Modelling* 96:11-28.

Resh, V. H. and D. M. Rosenberg. 1984. The ecology of aquatic insects. *Praeger publishers.* p. 625.

Rudwig, J. A. and J. F. Reynolds. 1988. Statistical Ecology: A primer

of methods and computing. *John Wiley and Sons. New York.* p. 337

Sarah J. Macnaughton, John R. Stephen, Albert D. Venosa, Gregory A. Davis, Yun-Juan Chand, and David C. White. 1999. Microbial population changes during bioremediation of an experimental oil spill. *65(8):3566-3574.*

Stankovski, V., M. Debeljak, I. Bratko and M. Adamic. 1998. Modelling the population dynamics of red deer(*Cervus elaphus L.*) with regard to forest development. *Ecological Modelling* 108: 143-153.

Tan, S. S. and F. E. Smeins. 1996. Predicting grassland community changes with an artificial neural network model. *Ecological Modelling* 84:91-97.

Tuma. A., H. -D. Haasis and O. Rentz. 1996. A comparison of fussy expert systems, neural network and neuro-fussy approaches controlling energy and material flows. *Ecological Modelling* 85: 93-98.

Widerholm, T. 1983. Chironomidae of the Holartic Region. Keys and Diagnoses (Part 1. Larvae). *Ent. Scand. Suppl* 19:457.

Yoon, B. J. 1998. Comparative analysis on communities of Chironomidae(Diptera) and Other Benthic Macroinvertebrates in Polluted Urban Streams of the suyong river, south korea, with an application to water quality assessment. *Ph. D. Dissertation, Pusan National University.* p.257.

Yun, I. B. 1988. Illusrated Encyclopedia of Fauna and Flora of Korea. *Ministry of Education(Aquatic insects), Seoul.* 30:840.

Zurada, J. M., 1992. Introduction to artificial neural systems. *West Publishing Company, New York.*

고소라, 박성주, 안치용, 최애란, 이정숙, 김희식, 윤병대, 오희목. DGGE를 이용한 대청호 수화 발생시기의 세균군집 분석. 2004. *The Korean Journal of Microbiology.* 40(3):205-210.

박정아, 허건영, 이정숙, 오윤정, 김보연, 민태익, 김치경, 안종석. 2003. 김치의 저온 발효 중 미생물 변화 양상. *한국미생물학회지.* 39:45-50.

이동훈, 김상중. 1997. 수계 생태계에서 세균 군집 구조의 분자생물학적 분석. *한국미생물학회지.* 33:55-65.

조주연, 소하천에서의 수질개선 시스템에 관한연구. 2000. 서울산업대학교 석사학위논문.

한석균. 2000. 소양호의 세균 다양성과 군집 구조의 계통유전학적 분석. *이학박사학위논문.* 단국대학교.

홍선희, 전선옥, 안태석, 안태영. 2002. 봄철 cyanobacteria가 우점한 천호지에서 세균군집구조의 변화. *한국미생물학회지.* 38:287-292.

http://www.water.or.kr/korwater/util/kwk_utl_drainage_condition.html?menu=mn4_1_1