

工學碩士 學位論文

복합 미생물제제를 이용한 해양준설토의
친환경처리에 대한 기초연구

Fundamental Research on Ecofriendly Treatment of Dredged
Marine Sediments using BM-S-1



2012年 8月

韓國海洋大學校 海事産業大學院

土木環境工學科

宋 하 나

本 論文을 宋하나의 工學碩士 學位論文으로 認准함.

委員長 理學博士 高 星 撤



委 員 工學博士 張 在 秀



委 員 工學博士 金 仁 洙



韓國海洋大學校 海事産業大學院

土 木 環 境 工 學 科

宋 하나

목 차

목차	1
List of Table	3
List of Figures	4
Abstract	5
1. 서론	6
2. 문헌고찰	7
2.1 해양준설토의 발생현황	7
2.2 해양준설토 처리	10
2.3 생물학적 질소인 고도처리	12
2.3.1 생물학적 질소 처리	12
2.3.2 생물학적 인 처리	19
2.4 복합미생물제제(BM-S-1)의 특징	21
3. 실험	25
3.1 실험장치	25
3.2 시료	28
3.3 운전방법	29
3.4 분석방법	32
3.4.1 반응기 내 미생물 관찰	32
3.4.2 PCR-DGGE 기법에 의한 RCM 시스템 내의미생물 군집 분석	33
3.4.3 시험항목 및 측정방법	35
4. 결과 및 고찰	36
4.1 미생물제제 동정	36
4.2 처리효율 평가	39
4.2.1 유기물 제거효율 평가	39
4.2.2 질소 제거효율 평가	41

4.2.3 인 제거효율 평가	42
4.3 Lab scale 반응기의 미생물 분포 특성	43
4.3.1 Rarefraction curve 분석	43
4.3.2 Species richness 분석	44
4.3.3 Phylum composition 분석	45
4.3.4 Genus composition 분석	46
4.3.5 Species composition 분석	47
4.3.6 미생물 군집 분석	48
5. 결론	51
참고 문헌	52



List of Table

Table 3.1	Characterization of marine spoil	28
Table 3.2	Operation condition of Lab scale test equipment	30
Table 3.3	HRT of Lab scale test equipment	31
Table 3.4	List of primers used in the PCR-DGGE system	34
Table 3.5	PCR condition used in study	34
Table 3.6	Analytical Method	35
Table 4.1	Identification of microorganisms in BM by pyrosequencing	36
Table 4.2	Biochemical characteristic of yeasts in BM	37
Table 4.3	Potential functions of some of the dominant communities	38



List of Figure

Fig 2.1 Pump equipment for marine dredged soil treatment	10
Fig 2.2 Floathing Bioreactor from Germany	11
Fig 2.3 The nitrogen cycle	17
Fig 2.4 A biochemical model describing an enhanced P removal in the activated sludge	20
Fig 3.1 Schematic diagram of Lab scale test equipment for biological testing dredged marine sediments	26
Fig 3.2 Picture of Lab scale test equipment	27
Fig 4.1 Variation of COD & MLSS concentration in Lab scale test equipment	39
Fig 4.2 Variation of COD & BOD Space loading concentration in Lab scale test equipment	40
Fig 4.3 Variation of T-N concentration in Lab scale test equipment	41
Fig 4.4 Variation of T-P concentration in Lab scale test equipment	42
Fig 4.5 Rarefaction curve based on all taxa from marine dredged sediments treated by BM	43
Fig 4.6 Species richness based on OUTs from marine dredged sediments treated by BM	44
Fig 4.7 Phylum composition from marine dredged sediments treated by BM	45
Fig 4.8 Genus composition from marine dredged sediments treated by BM	46
Fig 4.9 Species composition from marine dredged sediments treated by BM	47
Fig 4.10 Cluster analysis from marine dredged sediments treated by BM	48
Fig 4.11 Microbial community analysis from marine dredged sediments treated by BM	49

Fundamental Research on Ecofriendly Treatment of Dredged Marine Sediments using BM-S-1

Song Ha Na

Department of Civil and Environment Engineering,
Graduate School of
Korea Maritime University

Abstract

Most harbor areas in the country have been polluted by incoming wastewater from various sources, and this makes formation of deep contaminated sediment layers on the seafloor. The contaminated sediments should be digged out to keep harbors safe and navigable to increasingly large ships. The dredge wastewater generated during the dredging operation, however, contaminates the marine environment again.

This study investigated potential of mixed effective microorganisms, BM-S-1, for treating organic fine materials (less than 10 μm) contained in the dredge wastewater. This study also evaluated economic feasibility of the environment-friendly dredging using BM-S-1, and after deriving optimum design parameters, provided a design basis for the biological treatment process using BM-S-1.

1. 서론

항만과 연안 해역 준설로 인하여 해양준설토의 발생량은 매년 증가하고 있으나, 준설직후 대부분 외해 투기로 처리하거나 투기장에 장기간 방치되고 있는 상황이다. 이 때문에 대규모 부지확보 및 주변 환경오염이 발생하는 등 사회적 문제점이 제기되고 있다.(한국해양연구원, 2003)

이렇게 매년 늘어나는 준설토의 처리를 위해 우리나라는 폐기물 해양배출제도를 1988년에 도입, 연안에서 떨어진 3개 해역(서해 1곳, 동해 2곳)을 해양 투기지역으로 지정하여 2006년까지 10개의 투기장에 준설토사 뿐 아니라 분뇨, 폐수, 수산가공 잔여물 등 거의 대부분 물질에 대하여 해양투기를 허용하였으나 1993년 폐기물 해양투기를 규제하는 런던협약에 가입함으로써 1996년 개정의정서가 채택됨에 따라 폐기물의 해양투기가 점점 어려워지고 있다.

이렇게 해양투기가 점점 어려워짐에 따라 준설토 처리의 또 다른 방법으로 건설재로 재활용이 가능한 자갈과 모래를 걸러내고 남는 폐수를 화학적으로 응집·침전시켜 상등수를 배출하도록 하였다. 그러나 이렇게 배출되는 상등수에 포함되어 있는 직경 10 μm 미만의 Silt나 Clay와 같은 미세준설토에는 유기물질이 30 % 정도 함유되어 있어 이러한 유기물질을 처리하지 않고 매립할 경우 매립지 주변에 대한 2차 오염문제가 발생하게 된다. 그리고 일정한 시간이 지나면 응집·침전 후 매립된 준설토가 재현탁되는 등의 문제 또한 발생하게 된다. 그러므로 이러한 미세준설토를 포함한 준설폐수에 대한 처리대책으로 화학적 방법이 아닌 환경친화적이며 2차 오염이 발생하지 않는 생물학적 처리방법의 공정 개발이 시급하다.

본 연구에서는 미세준설토를 포함한 준설폐수를 대상으로 복합미생물을 이용하여 유기물질을 처리하는 환경친화적 처리방법에 대한 처리효율

을 확인하였다. 또한 이렇게 생물학적 처리를 마친 미세준설토는 다량의 유용한 복합 미생물이 포함되어 있으므로 토양계량제 또는 다른 슬러지 처리에도 이용 가능할 것으로 판단된다.

본 연구의 결과는 점점 강화되고 있는 환경규제와 해양오염방지법에 의한 준설토의 해양투기금지로부터 2차 처리비용을 절감하여 경제적인 처리가 가능하므로 우리나라 해양산업의 발전에 기여할 것으로 기대된다.



2. 문헌고찰

2.1 해양준설토의 발생현황

준설토는 발생위치에 따라 항만, 저수지, 하천준설토로 나누어지며 한국해양연구원(2007)의 자료에 근거하여 2000년 ~ 2006년도의 7년간 매년 발생한 항만준설토는 2000년 25,125,900 m³ 에서 2001년에는 30,057,699 m³ , 2002년에는 62,198,900 m³ , 2003년에는 49,240,100 m³ , 2004년에는 65,292,400 m³ , 2005 ~ 2006년에는 47,827,400m³ 의 준설토량을 보여주고 있다. 현재는 이렇게 발생하는 준설토의 80.97 %는 준설토 투기장에, 8.99 %는 외해투기로 처리되고 있지만 '96런던의정서에서 폐기물의 해양투기를 규제하고 있으며 준설토물질은 제22차 런던협약 당사국 회의에서 '준설토물 평가용 특정 지침서'에 따라 외해 투기가 가능하도록 되어있다 하더라도 준설토물 해양투기 사업계획서 작성에서부터 준설토물질의 특성 규명, 해양투기 대안 심의 등 해양투기 허가를 위한 절차가 매우 복잡하고 까다로워 사실적으로 준설토물질의 해양투기는 어렵다고 볼 수 있다.

또한 준설토 투기장의 경우 2000년에서 2006년까지 연평균 준설토의 발생량이 약 46,000,000 m³ 인데 비하여 전국 10개 투기장의 잔여량은 72,000,000 m³ 로 그 한계가 있음을 보여준다.

이렇게 준설토사업이 확장되고, 오염퇴적물의 외해 투기 금지로 인해 처리 비용 또한 늘어나 경제·산업적 측면으로 보았을 때 사회적으로 많은 부담이 될 수밖에 없다. 그리고 오염된 퇴적물을 준설토하는 경우 오염된 퇴적물이 주위 해역으로 퍼져나가면서 정화사업 해역 이용권자와의 마찰이 발생되고, 주위 해역의 2차 오염으로 번지고 있다. 준설토 투기장을 새로 건설하여 앞으로 발생하는 준설토에 대하여 추가로 처리할 수도 있

2.2 해양준설토 처리

국내 준설토는 주로 주민들의 요구를 수용하기 위하여 해양오염퇴적물 정화사업 형태로 수행되어 왔으며, 2008년 준설물질의 해양배출처리기준이 법제화되기 이전에는 준설 후 외해 투기를 통하여 주로 처리함에 따라 정화기술에 대한 다양한 개발이 이루어지지 않았다. 주로 펌프설비를 이용하여 해양오염퇴적물을 수거하였으나 이러한 수거공법은 전체 수거량에 비하여 퇴적물의 비율이 평균 10% ~ 30%로 수거퇴적물을 운반 또는 처리하기 위해서는 수거직후 탈수 등 중간처리에 시간과 비용이 많이 소요되었다. Fig 2.1은 현재 수거공법인 펌프설비를 보여주고 있다. 펌프설비의 또 다른 단점은 침적 쓰레기가 많은 해역의 경우, 흡입구 막힘 등에 의한 영향으로 수거 효율이 낮다는 것이다.

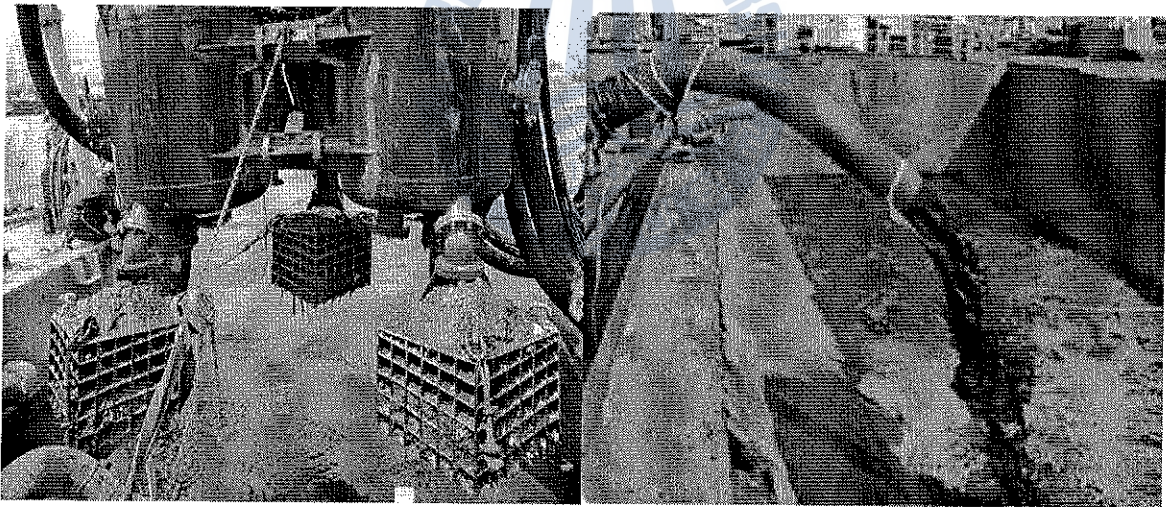


Fig 2.1 Pump equipment for marine dredged soil treatment

그에 반하여, 미국은 1980년 포괄적 환경 배상 책임법에 따라 수백억불의 특별기금을 조성하여 연방정부에서 슈퍼펀드(Superfund) 프로그램으로 정화사업을 추진하고 있다. 독일에서는 오염부지 정화사업에 매년 약

지만, 현재의 투기장에서 이미 악취 및 해충, 침출수 등과 같은 환경오염 문제가 발생됨에 따라 준설토 투기장으로의 처리 또한 어려울 것으로 예상된다. 이렇게 준설토에 대한 좋지 않은 인식이 확산되면서 수거 퇴적물의 최종처리장의 확보가 어려워지고 있다. 외해투기가 금지되고 수거된 퇴적물의 처리 또한 어려워져 우리나라의 해양오염퇴적물 정화사업비는 선진수준(80천원/m³)보다 높은 사업단가(105천원/m³)로 인해 국가적인 부담이 되고 있다.

이러한 오염퇴적물을 처리하기 위하여 선진국에서는 최종처리장 확보 문제가 없는 다양한 현장처리 공법을 이용하고 있으며 현장처리는 타 정화사업에 비해 낮은 처리비용으로 퇴적물이 처리 가능하므로 현장처리와 더불어 2차 환경오염을 방지할 수 있는 환경 친화적 정화기술의 개발이 필요하다.



5억 유로의 공공사업비를 소요하고 있으며, 일본의 경우는 역사상 최악으로 기록되고 있는 수산물에 의한 수은 중독 사건인 미나마타병 사건 이후로 해양오염퇴적물 정화사업이 활발히 이루어지고 있다. 또한 최근에는 공해방지 사업비 사업자 부담법(公害防止事業費事業者負担法)에 따라 오염 원인자가 정화사업 비용을 부담하는 사례가 증가하고 있다. 이러한 노력으로 선진국에서는 준설토 처리를 위한 다양한 공법이 개발되고 있다. 미국에서는 준설시 퇴적오염물이 빠져나가면서 주위환경이 오염되는 것을 막기 위해 기계식 준설장비인 밀폐형 그랩을 개발하여 사용하고 있으며, 일본에서는 오타 감시 시스템과 운전관리 시스템을 구비하고 있는 와이드스파라는 장비를 개발하였다. 독일의 오염퇴적물 처리 공법을 Fig 2.2에 나타내었다. 독일에서는 오염퇴적물을 현장에서 즉시 처리하는 현장 생물학적 처리 공법을 적용하고 있으며, 이 공법은 오염퇴적물을 끌어올려 생물학적 처리를 통하여 정화한 뒤 다시 원위치로 퇴적물을 복귀시키는 공법이다.

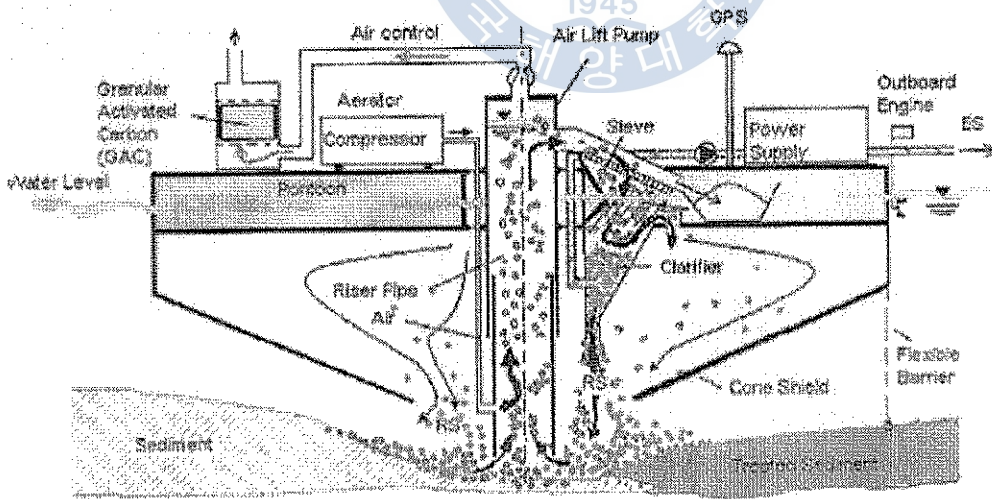


Fig 2.2 Floathing Bioreactor from Germany

2.3 생물학적 질소인 고도처리

생물학적 고도 처리는 기본적으로 혐기조 - 호기조 - 무산소조로 구성 되어 있다. 혐기조에서는 인축적 미생물(PAO)에 의해 유기물을 이용하여 인을 용출시키고, 호기조에서는 공기를 불어넣어 유기물의 산화와 함께 질산화 및 인의 섭취를 유도하고, 무산소조에서는 탈질미생물(Denitrifier)이 유기물을 이용하여 질산성질소를 질소가스로 전환시키는 것이 생물학적 고도처리의 기본 과정이다. 이러한 처리법은 원수의 상태 및 처리량, 제거대상 물질 및 제거율 등에 의해서 여러 가지 공정들로 발전하였다. 그 대표적인 공정들로는 A/O 공법, A²/O 공법, Bardenpho 공법, UCT 및 MUTC 공법, VIP 공법, SBR 공법 등이 있다(WEF 및 ASCE, 1998)

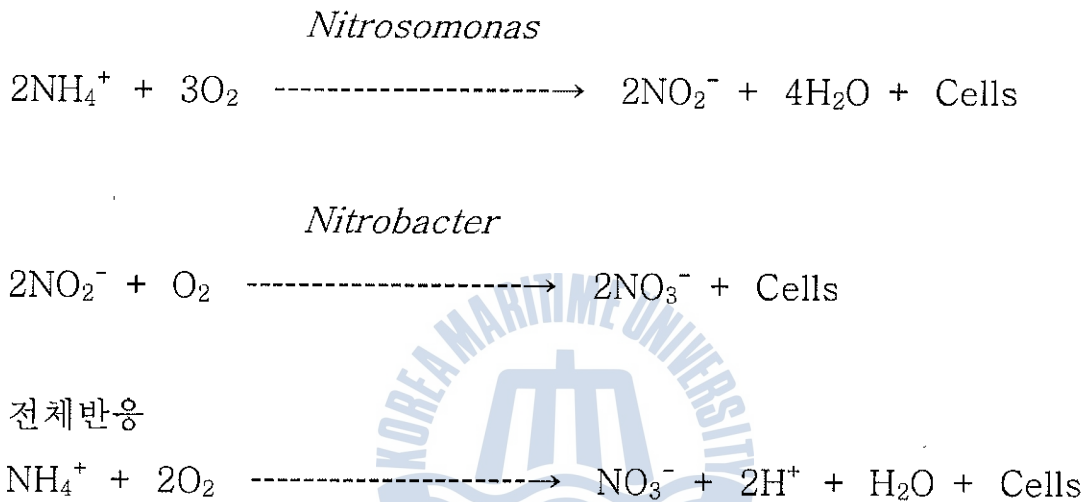
2.3.1 생물학적 질소 처리

생물학적으로 질소를 제거하기 위해서는 두 단계의 반응이 필요하며 첫 번째 단계는 암모니아성질소($\text{NH}_4^+ - \text{N}$)가 질산성질소($\text{NH}_3^- - \text{N}$)로 산화 되는 질산화반응(Nitrification)이며, 두 번째 단계는 전자수용체로 질산성질소를 이용하여 질소가스로 방출시키는 탈질반응(Denitrification)이다.

생물학적 질산화과정에서 중요한 역할을 하는 미생물은 자가영양미생물(Autotrophic organism)에 속하는 *Nitrosomonas*와 *Nitrobacter* 두 가지가 있다. 이들 생물은 미생물 성장에 필요한 에너지를 암모니아와 같은 질소화합물의 산화를 통해 얻으며, 중생영양미생물(Heterotrophic organism)과는 달리 유기탄소보다 무기탄소인 탄산가스를 탄소원으로 하여 세포합성에 이용한다. 즉 질산화는 독립영양미생물인 *Nitrosomonas*에

의해 암모니아성질소($\text{NH}_4^+ - \text{N}$)가 아질산성질소($\text{NH}_2^- - \text{N}$)로 산화되는 두 단계에 의해서 이루어지며, 이 때 얻어진 에너지와 이산화탄소(CO_2), 중탄산염(HCO_3^-), 탄산염(CO_3^{2-})과 같은 무기탄소를 탄소원으로 하여 *Nitrosomonas*와 *Nitrobacter* 라는 세포증식을 하게 된다.

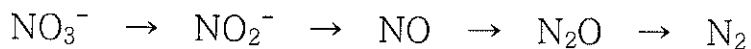
질산화반응의 순서에 따른 반응식과 전체반응은 다음과 같다.



질산화반응(Nitrification)은 짧은 체류시간, 낮은 용존산소농도, 낮은 온도, 극한의 pH, 중요영양소의 결핍 등에 의해 방해를 받는다. 질산화 반응에 관여하는 미생물의 최적 pH의 경우 7.2 ~ 8.0으로 비교적 범위가 좁으며, 이 범위를 벗어나면 질산화가 크게 감소된다고 보고되고 있다. 실제 질산화 과정에서 알칼리도가 소비됨에 따라 pH가 저하되므로 질산화 수행능력이 떨어지게 된다. 따라서 질산화 반응조 내의 알칼리도는 최저 50 mg/L 이상으로 유지시켜야 한다. 또한 용존산소는 질산화 반응에 있어서 필수적이다. 질산화미생물은 산소의존도가 종종영양미생물(Heterotrophic organism)에 비해서 큰 것으로 알려져 있으며 질산화균

이 직접적으로 중속영양균에 의하여 생장에 저해를 받는 것이 아니라 산소전달을 방해받아 상대적으로 필요한 산소를 소모하지 못하여 질산화반응이 억제되는 것으로 나타나있다. 용존산소가 0.5 mg/L 이하에서는 질산화율이 현저하게 감소하여 거의 질산화가 일어나지 않은 것으로 보고되고 있다. 그리고 질산화반응은 온도에 의해서도 크게 영향을 받는데 질산화균(*Nitrosomonas*속 미생물)의 성장 가능온도는 4 °C ~ 50 °C로 성장속도는 온도에 지수적으로 비례한다고 알려져 있다. 즉 수온이 낮은 겨울철에는 질산화균의 생장이 느리기 때문에 충분한 SRT를 설정해야만 질산화를 기대할 수 있다. USEPA Manual(1993)에 의하면 일반적인 하수처리 질산화 시스템은 7일 이상의 SRT를 요구하고 있다. 몇몇의 중금속과 유기화합물들 특히 황을 함유하고 있는 물질들이 질산화미생물의 성장에 방해요인으로 작용한다.

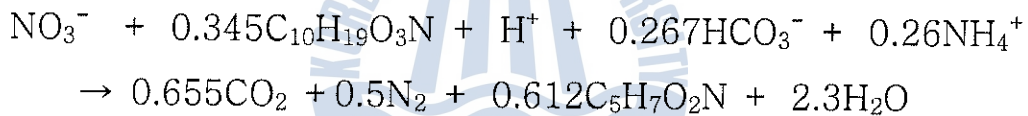
탈질반응(Denitrification)이란 생물학적 질산화에 의해 생성된 질산성 질소나 아질산성질소를 생물학적으로 무산소 상태 하에서 환원시키는 과정을 말하며, 동화작용(Assimilation)과 이화작용(Dissimilation)에 의해 제거되는 것을 말한다. 동화작용에 의한 제거는 세포합성을 위해 암모니아로의 변환으로 생물학적 공정에서 제거되는 총 BOD의 2% ~ 5%에 지나지 않는다. 이화작용의 경우는 질소 처리의 주 기작이며, 탈질반응에서 질산성질소는 전자수용체로 이용되며 반응은 다음과 같은 경로로 이루어진다.



즉, 탈질반응은 질산성질소를 보다 더 환원된 형태인 N_2 , N_2O 와 같은 형태의 생물학적 전환 공정이다. 이러한 공정은 최종적인 전자수용체

로 산소 대신에 질산염을 이용할 수 있는 *Aerobacter*, *Alcaligenes*, *Bacillus*, *Flavobacterium*, *Lactobacillus*, *Micrococcus*, *Proteus*, *Pseudomonas*, *Spirillum* 등 다양한 종속영양미생물(Heterotrophic organism)에 의해서 발생한다. 탈질반응은 용존산소가 존재하지 않은 무산소 상태에서 이루어지며 효과적인 탈질반응을 위해서는 생물학적으로 분해가 쉬운 유기물질을 필요로 한다.

탈질공정에서 탄소성 유기물의 소멸은 호기성 공정과 유사하다. 다만 전자전달의 최종 단계에서만 차이가 있음을 볼 수 있다. 탈질시스템은 엄격한 무산소 상태를 필요로 하지만 산성 pH 조건 아래에서의 탈질은 산소가 존재하는 곳에서도 발생할 수 있다. 하수를 탄소원으로 이용하고 암모니아를 질소원으로 이용할 때 세포합성을 고려한 탈질반응은 다음과 같다.



탈질시 1 mole의 NO_3^- -N 가 환원되어 1 mole의 OH^- 가 생성되고, 3.57 g의 알칼리도가 회복되는 것을 알 수 있는데 탈질반응을 이용하면 처리장에서 산소 소요량을 줄일 수 있어 동력비가 절감되고 부족한 알칼리도를 보충하기 위해 투입되는 약품소요를 줄일 수 있다. 탈질반응에서도 여러 가지 인자들이 반응속도에 영향을 끼친다. 탈질반응의 최적 pH는 7 ~ 8 사이의 범위라고 알려져 있으며 탈질과정에서 탈질미생물에 의하여 NO_3^- 가 N_2 가스로 전환됨에 따라 탄산(H_2CO_3)이 중탄산염(HCO_3^-)으로 전환된다. 따라서 알칼리도와 pH가 증가하게 된다. 용존산소의 농도는 탈질속도에 영향을 미치는데 산소는 전자수용계에서 탈질에

요구되는 효소생산을 억제한다. 또한 산소를 전자수용체로 사용할 경우 NO_3^- 보다 더 많은 자유에너지를 생산한다. 그러므로 용존산소와 산화질소가 동시에 존속할 경우 산소 호흡이 더 선호되어 탈질에 대한 방해인자로 작용하므로 용존산소의 농도가 0.2 mg/L일 때는 0 mg/L일 경우의 약 50 % 정도의 효율 밖에 되지 않는다. 또 일반적으로 탈질의 온도 범위는 0 °C ~ 50 °C이며 탈질미생물의 최적 온도는 30 °C로써 온도는 미생물 성장속도와 NO_3^- 의 제거속도에 영향을 미친다. 또 탈질미생물은 온도에 상당히 민감해서 5 °C 이하에서는 거의 성장을 멈춘다. 그러나 저온에서도 미생물들을 적응시키면 탈질이 가능하다는 보고도 있다. 실제로 저온 탈질을 위해서 탈질미생물을 저온에서 순응시키는 방법, 탈질미생물량을 늘리는 방법, 체류시간을 늘리는 방법 등이 사용되고 있다.

Fig. 2.3은 생물학적 처리 공정에서 질소의 순환과정을 나타낸 그림이다.



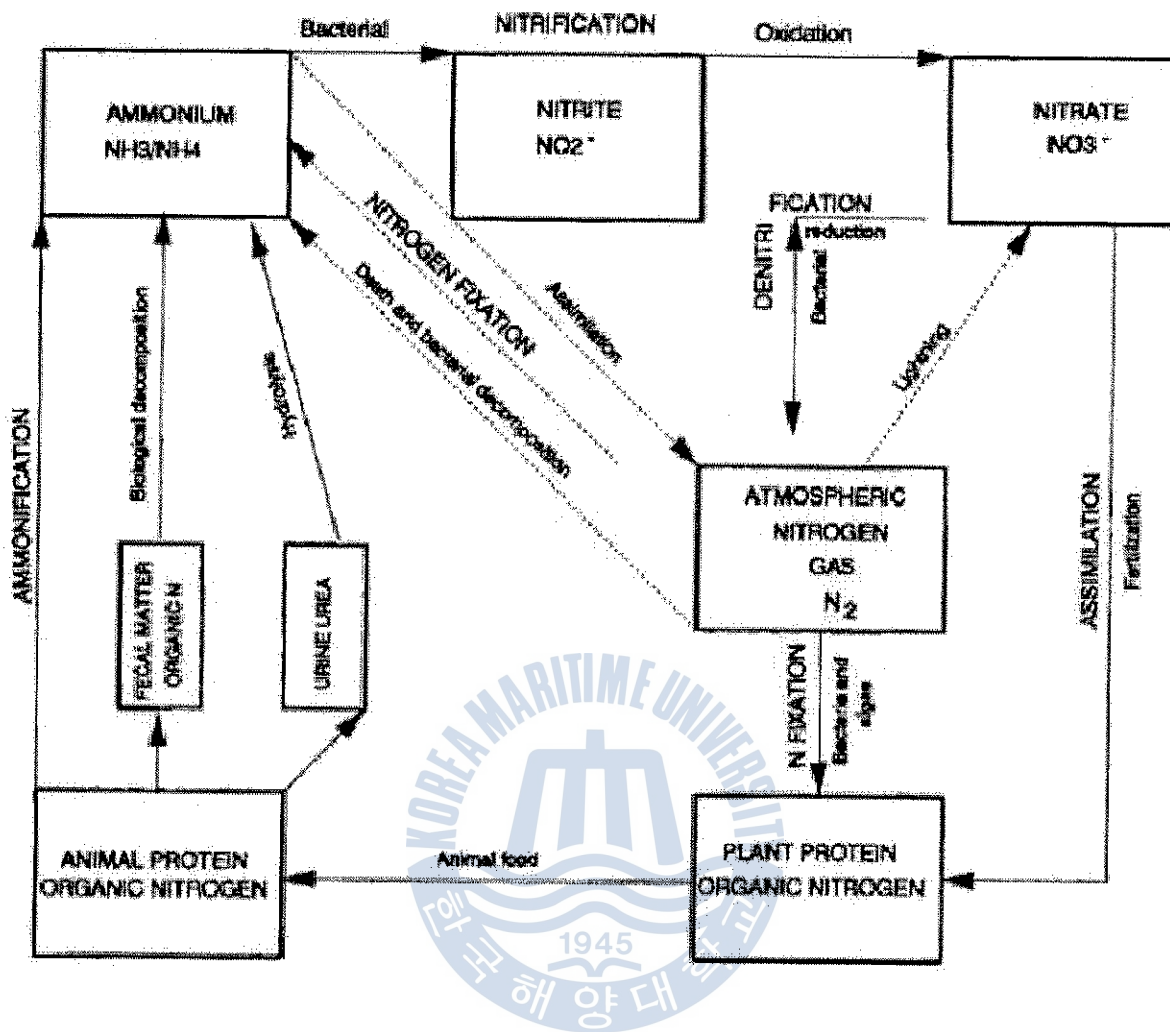


Fig 2.3 The nitrogen cycle (Bitton, 1999)

암모늄의 질산화는 최근까지 호기적 상태에서 질산화미생물에 의해서만 이루어진다고 믿어왔으나 이론적으로 암모늄이 탈질을 위한 무기 전자공여체로 사용될 수 있으며 이 반응의 자유 에너지는 -350 KJ/mol 정도로 호기성 질산화공정과 거의 비슷한 것으로 알려져 있다. 이러한 열역학적 계산에 의거하여 Broda는 혐기적으로 암모늄을 산화할 수 있는 화학무

기 독립영양미생물의 존재를 발표하였다(박, 2005).



위와 같은 Broda의 예견은 Gist-brocades(Delft, Netherlands)에 위치한 pilot 규모의 탈질시설 반응기 유출수에서 생성된 질소가스의 부수적 증가와 함께 Nitrite가 소비되면서 암모늄이 사라지는 것이 관찰됨에 따라 실험적으로 증명되었으며 이 공정은 혐기적 암모늄 산화(Anaerobic ammonium oxidation : Anammox)라 불리며 준혐기성상태 하에서 전자수용체로 쓰인 아질산염과 함께 암모늄이 질소 가스로 전환되는 공정을 나타낸다.



2.3.2 생물학적 인 처리

하폐수 내로 유입되는 인은 정인산염, 다중인산염, 유기인산염의 형태로 존재하며 이들은 용해성 인과 불용성 인으로 분류된다. 용해성 인은 미생물 성장에 필수 영양소로 흡수 제거되지만 그 제거량은 미생물 건조중량의 2 % 정도로 극히 미비한 편이다.

생물학적 인 제거는 혐기성상태에서 호기성상태로 변화시켜줌으로써 미생물에 의한 인의 과잉 섭취(Luxury uptake)를 유도하고 인을 과잉 섭취한 슬러지를 폐기시킴으로써 최종적으로 인이 제거되는 과정을 주기적으로 한다. 이러한 기작은 혐기조건에서 인을 방출하고 다시 호기조건이 되면 방출한 인을 과잉으로 섭취하는 미생물인 인축적미생물(Phosphorus accumulating organisms : PAOs)에 의해 이루어진다. PAOs는 질산염이 존재하지 않는 순혐기(Anaerobic)조건에서 분해하기 쉬운 유기물들을 세포 내로 섭취하기 위한 에너지원으로 세포 내에 저장된 다중인산염(Polyphosphate)을 사용함으로써 인산염(Phosphate)이 방출된다. 이때 섭취된 유기물은 PHB(Poly- β -hydroxybutyrate)로 저장된다. 아세테이트는 호기조건까지 세포 내부에 PHB로 저장되며, 호기조건하에서 PHB는 신진대사 되어 이용 가능한 Ortho-P 섭취를 위한 에너지를 제공한다.

PAOs에 의한 인의 생물학적제거에 대한 모델을 Fig. 2.4에 나타내었다.

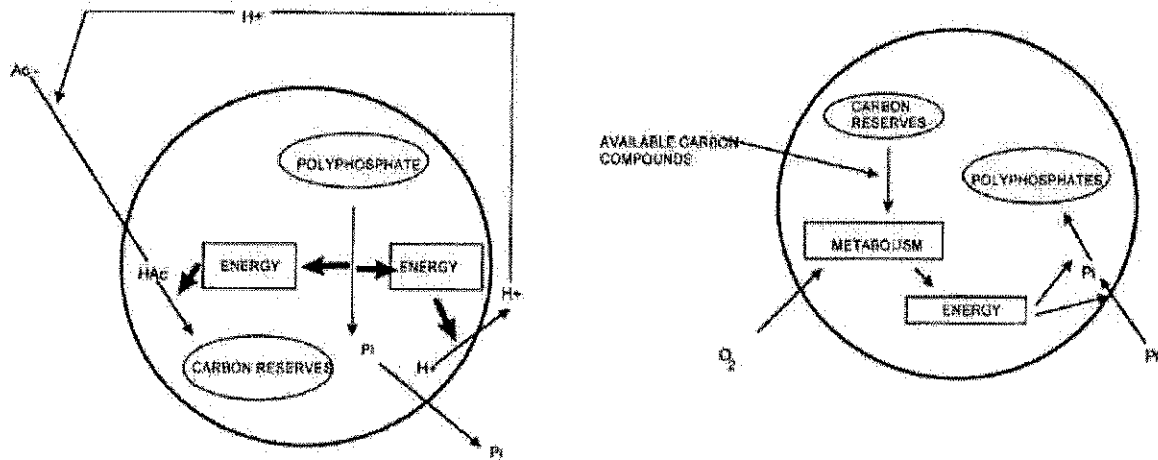


Fig 2.4 A biochemical model describing an enhanced P removal in the activated sludge (Bitton, 1999)

최근에는 무산소상태의 조합만으로도 질소와 인을 동시에 제거할 수 있다는 연구가 보고되었다. 즉, 탈질인 축적 미생물(Denitrifying phosphorus accumulation organisms : DPAOs)이 발견된 것이다 (Rensink 등, 1997). 또한 DPAOs에 의해 탈질에 필요한 유기물 소모를 줄일 수 있어 질소·인의 동시 제거 측면에서 큰 관심을 끌고 있으며 질소와 인 제거에 관여하는 복합 미생물계 및 각 인자들의 상호 관계를 정량화하고자 하는 연구가 활발히 진행되고 있으나 앞으로 보다 체계적인 연구가 요구되고 있다(EKama 등, 1999).

2.4 복합미생물제제(BM-S-1)의 특징

BM(Beneficial Microorganism) 복합미생물제제(BM-S-1)(이하 BM)의 특징은 유기물을 분해하면서 항산화물질(Anti-oxidant)을 생성하는 것이다. 즉 발효세균 합성계의 미생물이 공존하면서 항산화 물질을 생성, 농수축산 및 환경 보전에 영향을 발휘한다고 보고되고 있다. BM의 미생물 군들은 토양의 항산화 능력을 증대시켜 유기영양이 가능한 것으로 알려져 있으며, 부패 및 악취를 억제·방지하고 오수처리에도 정화 효과가 있는 것으로 보고되고 있다. 이에 수질 개선, 부패성 쓰레기와 각종 유기물의 자원화에 이르는 환경보전 분야에 폭넓게 활용되고 있다.

이들 미생물군들은 서로 공존공생하면서 상승효과를 일으키는데 BM 중 유산균은 유산을 생성하여 발효 초기에 pH를 급격히 강하시킴으로써 부패균의 성장을 억제하고 불용성 무기성분(인산 등)을 가용화하며, 효모균은 생리활성물질을 합성하여(비타민, 호르몬 등) 다른 혼합미생물의 성장을 촉진하고, 사상균은 고분자 물질을 저분자화 시켜 이용을 가능하게 한다(이, 2004).

또한, 방선균은 항균물질을 생성하여 토양병균의 증식억제 효과를 나타내고, 광합성세균은 부패 발효 시 발생하는 이산화탄소 및 황화수소를 흡수 이용하여 유기물을 고정대로 사용하여 오염 및 악취방지 효과를 나타내는 것으로 알려져 있다.

BM을 구성하는 주요 미생물들의 특성과 역할은 다음과 같다(이, 2005).

① 광합성세균(Photosynthetic bacteria)

약 35억년전, 지구에 찾아온 최초의 생물이다. 태고적 지구를 덮고 있던 이산화탄소, 수소 등의 무기물을 흡수, 유기화합물의 합성 및 산소를

생성, 오늘의 지구를 만든 공로자이다. 지금의 지구상에서는 산소의 과다로 격감하여 깊은 바다 등에서 발견된다. BM에서 광합성세균은 호기성, 혐기성 등 유용미생물 모두의 생존 증식에 도움을 준다. 유기영양균(아조토박타, 효모, 유산균 등)과 공생하면서 질소를 고정한다.

② 효모(Yeasts)

효모는 발효의 모체란 뜻으로 양조, 제빵에 필수인 미생물이다. 17세기 네덜란드인 리우벤훅(Antony van Leeuwenho)에 의해 발견된 효모는 미생물 분류상 곰팡이의 일종으로 인간생활에 필수적인 미생물이다. 꽃의 꿀, 과일의 표면 등 당분이 많은 곳에 붙어 있으며 아미노산, 다당류 등 생리활성물질을 만들어낸다.

③ 유산균(Lactic acid bacteria)

유산균은 분류상 세균의 일종으로 당분을 유산으로 바꾸는 작용을 한다. 다른 미생물과 비교적 잘 공존·공생하는 특징이 있다. 1857년 파스퇴르(Pasteur)가 최초로 발견, 인간의 건강에 도움을 주는 미생물임이 확인되고 있다. 유산균은 정장작용, 면역기능향상, 항종양성, 콜레스테롤억제, 혈압조절작용 등을 한다. BM 속의 유산균은 유해균을 억제하고 좋은 균을 증식시키는 역할을 한다.

④ 방선균(Actinomycetes)

방선균은 사방으로 실줄처럼 뻗어 가는 모습을 지니고 있어 붙여진 이름이다. 현재 5,000여종의 방선균이 확인되고 있는데, 이중 3분의 2 이상이 Streptomyces 생성균이다. 토양 중에 다수 존재하는 것으로 BM 속에서는 항생물질 등 생리활성물질을 생성한다.

⑤ 사상균(Filamentous Fungi)

사람의 눈으로 쉽게 볼 수 있는 곰팡이균으로 효모와 달리 균사와 포자를 다량 만들어낸다. 사상균에는 나쁜 종도 있으나 *Aspergillus Glaucus* 등과 같은 유용한 것도 많다. BM 속에서는 효모처럼 아미노산, 다당류 등 여러 가지 생리활성화물질을 생성하고 아울러 효모의 증식을 돕는 역할도 한다.

이러한 혼합미생물군인 BM은 다음과 같은 장점이 있는 것으로 보고되고 있다.

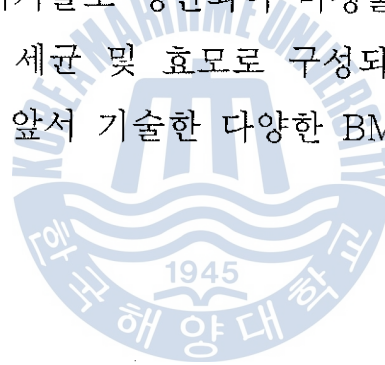
- ① 서로 다른 종간의 공생(호기성과 혐기성균의 공생, 분해균과 합성균의 공생)이 가능하다.
- ② 단순한 공존이 아니라 서로 다른 종이 결합하여 하나의 생명체처럼 활동, 항산화물질(Anti-oxidation)을 생성하여 산화를 방지한다.
- ③ 환경과 인간, 작물의 상태를 악화시키는 강렬한 산화 작용을 억제하여 자연을 소생시키고, 유기물의 저분자화(비무기화)가 가능하다.
- ④ 유기물이 에너지를 잃고 무기화되는 과정에서 발생할 수 있는 악취와 유해한 물질 생성을 막을 수 있다.

현재 국내에서도 미생물 제제 개발에 대한 연구가 활발히 진행되고 있으나 외국에 비하면 아직까지 그 개발기술의 30 % 정도 수준밖에 되지 않아 국내 소요 미생물제제는 주로 외국으로부터 수입하여 사용하는 경향이 높다. 따라서 이 분야의 기술경쟁력 확보를 위해서는 기초 기술의 개발확보, 창의적인 새로운 소재와 물질 개발 및 공정기술 개발이 필요하다. 특히 외국에서 수입하는 미생물 제제의 사용은 우리나라 생태계에 어떠한 영향을 미치는지 그 안정성 검토가 필요하므로 이에 대한 많은 연구가 필요하다. 따라서 수입에 의존하는 것보다 국내 환경 생태계를

생각한다면 국내에서 서식하는 유용미생물을 이용한 미생물제제의 개발 및 관련 원천기술 확보가 필요하다고 판단된다.

BM은 농업 및 축산업의 수확량과 품질을 높이고 각종 악취를 억제, 방지하고 또한 오수처리에도 적용할 수 있는 것으로 많은 실증 예가 보고되고 있음에도 불구하고 아직 이에 대한 뚜렷한 근거나 이론적 토대의 미확인으로 적용에 문제점을 안고 있는 것이 사실이다. 따라서 본 연구에서는 순수 국내 기술로 토착 미생물을 주종으로 하는 BM제제를 조제한 원액을 구매하여 BM의 여러 적용 분야 가운데 해양준설토의 적용성에 대하여 그 타당성을 검토하는 것을 소목적으로 하여 실험을 수행하였다.

본 연구에 사용된 BM-S-1 복합미생물균주는 우리나라 토착 미생물을 주종으로 하여 순수 국내기술로 생산되어 미생물자원센터에 기탁된 제품으로 130여종의 다양한 세균 및 효모로 구성되어있어 미생물 상호간의 공동대사 기능을 통하여 앞서 기술한 다양한 BM의 기능을 수행할 수 있다.



3. 실험

3.1 실험장치

본 연구에 사용한 해양준설토 처리공법은 복합미생물제제를 이용하여 해양준설토를 화학적인 처리 없이 악취 및 슬러지의 발생량을 최소한으로 줄일 수 있는 환경친화적 처리 공법으로 일일 50 L 처리규모의 Lab scale로 제작되었다. 공정의 각 반응조에 대한 세부기능은 다음과 같다.

① 유량조정조

슬러지액화분해조에서 침전 후 상층에 뜬 미세 준설토가 유입되는 곳이다. 유량조정조는 일정한 양을 폭기조로 보내주는 역할을 하는 동시에 미생물을 넣어 1차적으로 폐수를 분해시키는 역할을 한다.

② 폭기조

유입수에서 1차로 분해된 폐수가 유입되어 1,2,3,4차 폭기조로 나누어져 폐수를 처리하는 기능을 한다. 폭기조는 유입부 부근에서의 산소 부족현상을 보완하기 위하여 산소요구량의 변화에 따라 폭기조 길이 방향으로 공급하는 공기량을 달리하도록 점감식 포기법으로 설계하였다. 유입부에는 산소 공급량을 높이고 폭기조 끝으로 이동할수록 산소 공급량을 줄여가는 방식으로 이러한 점감식 포기법은 질산화에 유리하며 송풍기의 용량과 운전비용을 줄일 수 있는 장점이 있다.

③ 침전조

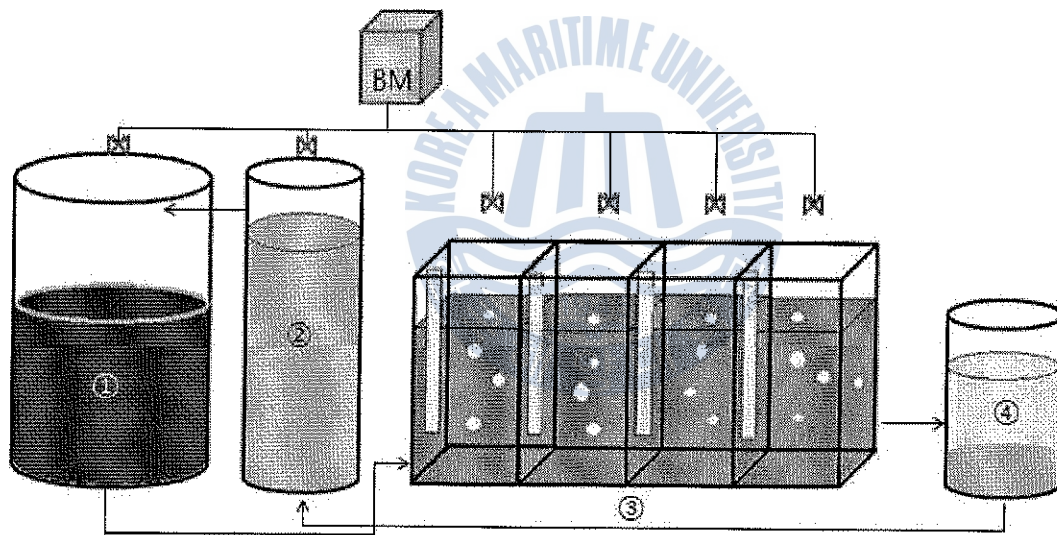
폭기조를 거치며 분해되지 못한 유기물 등은 침전조로 이동한다. 침전조에서는 상등액은 외부로 방류하고 밑으로 가라앉은 슬러지는 액화분해

조로 반송시키게 된다.

④ 슬러지액화분해조

슬러지액화분해조는 침전조에서 발생된 슬러지가 반송되는 곳이다. 슬러지액화분해조 또한 미생물이 접종되기 때문에 폭기조에서 분해하지 못한 슬러지를 다시 분해할 수 있는 상태로 전화시킨 다음, 다시 유량조정조로 보내주는 역할을 하게 된다.

장치의 구성은 Fig 3.1과 같이 유량조정조, 슬러지액화분해조 그리고 1,2,3,4차 폭기조와 침전조로 구성하였다.



- ① Flow control tank
- ② SDC
- ③ Aeration tank
- ④ Settling tank

Fig 3.1 Schematic diagram of Lab scale test equipment for biological treating dredged marine sediments

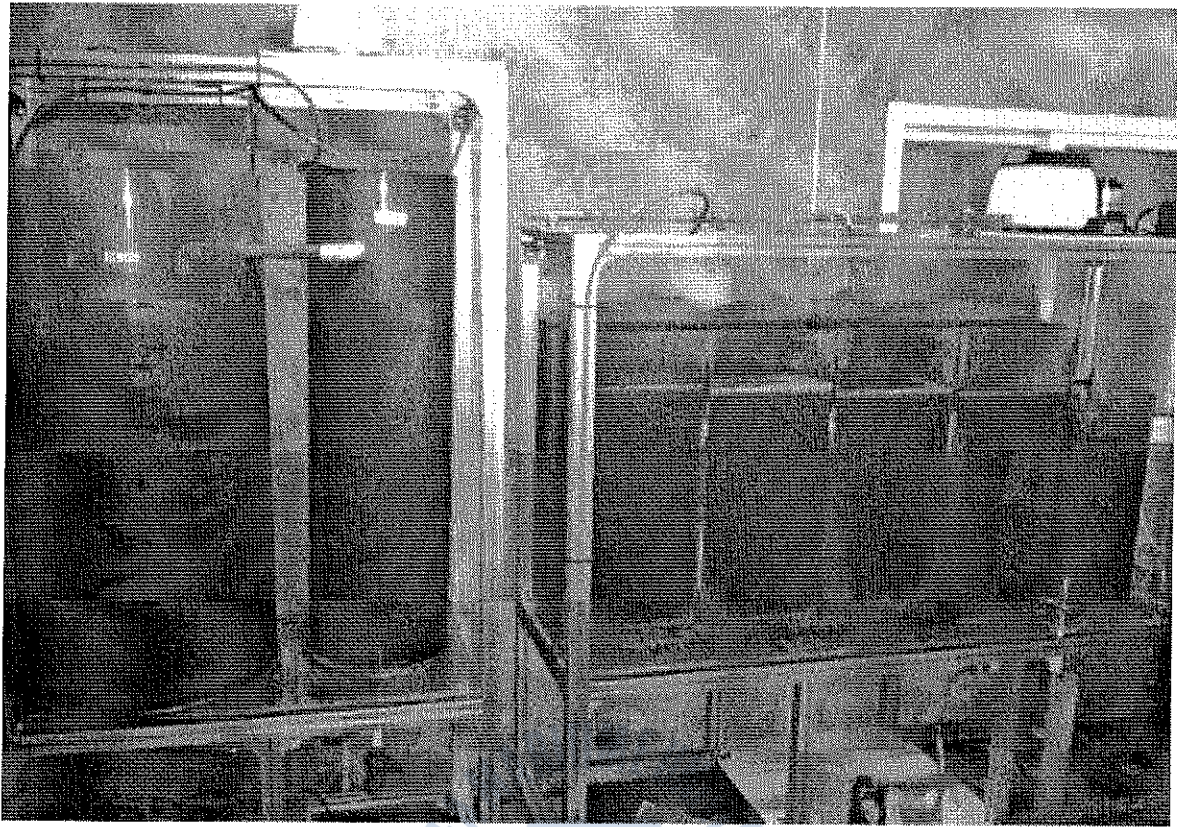
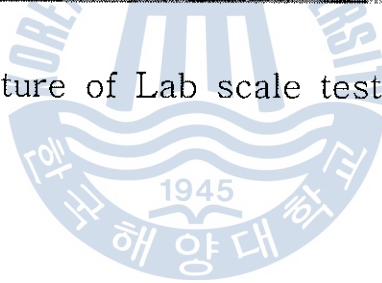


Fig 3.2 Picture of Lab scale test equipment



3.2 시료

반응조의 유입원수는 부산에 위치한 공동어시장 근처에서 채집한 준설토를 1일 동안 침전시켜 상등수만을 채취하여 사용하였다. 인위적으로 만든 오염물질이 아닌 실제 해안에서 채취하여 현장 실험과 가까운 데이터를 얻을 수 있었으며 사용된 해양준설토의 특성은 Table 3.1과 같다. 본 실험에 사용된 해양준설토는 높은 염분으로 생물학적 처리에 불리한 특성을 가지고 있다.

Table 3.1 Characterization of marine spoil

Parameter	range
pH	6.0 ~ 8.0
Temperature(°C)	10.0 ~ 15.0
DO(mg/L)	6.0 ~ 8.0
Salinity(‰)	32.0 ~ 35.0
T-N(mg/L)	1.2 ~ 8.9
T-P(mg/L)	3.8 ~ 9.3
COD(mg/L)	478 ~ 483

3.3 운전방법

장치의 가동은 다음과 같이 설정하였다. 먼저 현장에서 채취한 준설토는 샘플링 박스에서 하루 동안 보관하여 상층에 뜨는 10 um 미만의 미세준설토만을 유량조정조에 유입하였다. 유량조정조에 유입된 미세준설토는 정량펌프를 통해 하루 50 L의 유입속도로 일정하게 1차 폭기조에 유입된다. 1차 침전조에서 1차 처리가 끝난 미세준설토는 2차 폭기조로 유입되고, 2차 폭기조에서 2차 처리가 끝난 미세준설토는 3차 폭기조로 유입된다. 같은 방법으로 포기량을 점차 줄여나가는 점감포기법을 적용하여 4차 폭기조까지 4번의 처리가 이루어진다. 폭기조에서 우점화된 미생물에 의해 유기물이 분해되며, 4차 폭기조에서 처리가 끝난 미세준설토는 침전조로 유입되어 슬러지는 침전되어 다시 슬러지액화분해조로 반송하고 상등수는 방류하게 된다. 슬러지액화분해조에 유입된 슬러지는 우점화된 토착미생물제제에 반응하고 미생물 반응을 마친 슬러지액화분해조의 슬러지는 반송된 양과 동일한 양을 1회/1일 유량조정조로 반송한다.

실험에 사용되었던 BM은 토착미생물제제로 우점종하기 위해 BM-S-1 원액을 30배 희석하여 1주일간 폭기시켜 활성화하였다. 활성화된 BM은 침전조를 제외한 모든 반응조에 유입량의 3 % 용량으로 주입하였다.

시료의 온도는 (10 ~ 15)℃이지만 수온에 의한 처리 효율을 배제하기 위해 수온을 (20 ~ 25)℃으로 유지하였고, 미생물의 성장 환경을 확인하기 위해 1회/1일 pH, DO, ORP, 염분을 측정하였다. Table 3.2에 pH, DO, MLSS, F/M비 등의 운전인자를 나타내었다.

Table 3.2 Operation condition of Lab scale test equipment

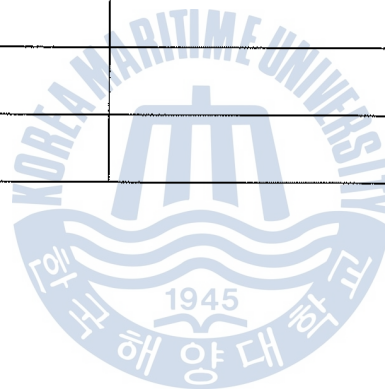
Parameter	Condition
pH	6.0 ~ 8.0
Temperature(°C)	20.0 ~ 25.0
DO(mg/L)	5.0 ~ 9.0
ORP+ (mV)	180 ~ 280
MLSS(mg/L)	8,000 ~ 16,000
F/M ratio (kgBOD/kgMLSS·day)	0.04 ~ 0.1



처리장치에 하루 50 L의 폐수가 유입될 경우 각 조의 수리학적 체류 시간(HRT)을 Table 3.3에 나타내었다.

Table 3.3 HRT of Lab scale test equipment

조	시간	Hydraulic Retention Time(day)
유량조정조		1.8
슬러지액화분해조		1
1차 폭기조		1
2차 폭기조		1
3차 폭기조		1
4차 폭기조		1
침전조		0.67
전체 체류시간		6.5



3.4 분석방법

3.4.1 반응기 내 미생물 관찰

BM-S-1원액을 30배 희석한 활성액을 각조 유입량의 3 %를 반응기에 주입하였으며 미생물이 적응기간을 거친 후 정상적인 세포 생성으로 MLSS 농도가 1,500 mg/L 이상으로 증가되는 것을 확인한 후 반응기를 운영하였다. 또한 반응기 운영기간 동안 현미경 관찰과 MLSS, SV₃₀, 생균수 확인을 통하여 미생물 성장 상태를 확인하였다.

우선 BM 제제 주입 전후의 반응기 내 미생물 조성을 조사하기 위하여 반응기 내 슬러지를 채취하여 순수 배양한 후 미생물자동동정기(VITEK2 Compact, Biomerieux)로 동정하거나 16 rDNA를 분석하였다.



3.4.2 PCR-DGGE 기법에 의한 RCM 시스템 내의 미생물 군집 분석

BM 제제의 주입에 따른 반응조 내의 미생물 군집구조 변화를 분석하기 위하여 PCR-DGGE 기법을 이용하였다.

우선 토양용 FastDNA SPIN KIT(MP Biomedicals, Santa Ana CA, USA)을 이용하여 시료의 총 DNA를 추출한 후, 미생물 다양성을 확인하기 위해 시료에서 추출한 DNA를 주형으로 Nested-PCR을 수행하였다. 1차 PCR은 27F와 1522R(Table 3.4)을 이용하여 PCR을 수행하였고 이때의 반응조건은 Table 3.5와 같다. 각각의 PCR 산물은 1% 아가로스 젤에서 전기영동하여 확인하였다. 그 후 1차 PCR 증폭산물을 주형으로 2차 PCR을 수행하였으며, 이때 사용된 프라이머는 16S rDNA의 V3 영역의 염기서열을 증폭하기 위해 40bp의 GC clamp가 붙은 341F-GC와 786R-GC(Table 3.4)을 이용하였다. 2차 PCR은 Table 3.5와 같은 반응조건으로 Touchdown-PCR을 수행하여 PCR 증폭산물을 얻었고, 얻어진 2차 PCR 산물을 이용하여 DGGE(The Dcode universal mutation detection system BIO-RAD catalog no 110-9080-170-9104)를 수행하였다.

DGGE 분석은 30% ~ 60%의 농도변화를 갖는 10% Polyacrylamide gel에 증폭산물 35 μ L를 주입한 후, 60 $^{\circ}$ C, 100 V에서 18시간 전기영동 하였다. 전기영동이 끝난 겔은 염색 후 Image Analyzer(3L-20 Image analyzer Seolin scientific Co LTD, Korea)로 관찰하였다.

Denaturing gradient gel 상에서 위치가 다른 밴드들로부터 DNA 단편을 회수하기 위하여 먼저 각각의 밴드들을 자른 후 멸균된 증류수 10 μ L를 넣고 4 $^{\circ}$ C에서 하루 방치 후 Elution하였다. 이를 주형으로 하여 341F, 786R Primer(Table 3.4)를 사용하여 증폭 시킨 후 증폭된 PCR 주형을

1 % 아가로스겔에서 확인하여 PCR Purification KIT(Sap 04-C200)를 사용하여 정제한 후 Solgent사에 염기서열 분석을 의뢰하였다. 분석된 염기서열은 NCBI(www.ncbi.nlm.nih.gov)에 있는 Blast search 프로그램을 통해 분석하였다.

Table 3.4 List of primers used in the PCR-DGGE system

Primer name	Size	Primer sequence
E27F	1495 bp	AGA GTT TGA TCM TGG CTC AG
E1522R		AAG GAG GTG ATC CAN CCR CA
341F-GC	445 bp	CCT ACG GGA GGC AGC AG
786R		CTA CCA GGG TAT CTA ATC
GC-clamp		GGC GCG GGG GCA CGG GGG G

Table 3.5 PCR condition used in study

Step	Primers	PCR Condition						
		Cycle number	Denaturation		Annealing		Extension	
			°C	min	°C	min	°C	min
First PCR	27F&1522R	20	94	1	50	1.5	72	1
Second PCR (Touchdown-PCR)	341F-GC &786R	20	94	0.5	60	0.5	72	0.5
		15	94	0.5	50	0.5	72	0.5

Note) Before the each run of cycles, the temperature was held at 95 °C for 5 min and after each run the temperature was kept 72 °C, 10 min for final template extension.

3.4.3 시험항목 및 측정방법

시험항목은 준설토의 물리화학적 특성을 조사하기 위해 국제해사기구(IMO)가 2000년에 준설토 오염기준 분석항목으로 지정한 항목인 화학적 산소요구량(COD), 총 질소(T-N), 총 인(T-P)와 수질 측정 시 기본항목인 pH, 온도, DO로 하였으며 유입수가 해수인 점을 고려하여 염분을 함께 관찰하였다. 측정방법은 Standard method와 수질공정시험법 등을 참조하여 Table 3.6과 같은 방법으로 분석하였다.

Table 3.6 Analytical Method

Test item	Analytical Method
pH	Standard method 4500(Thermo Orion 720)
COD	Standard Method 5220
SS	Standard Method 2540
T-N	Standard Method 4500(Hitachi U3000)
T-P	Standard Method 4500(Hitachi U3000)
DO	Standard Method 4500(YSI Model 58)
ORP	ASTM D1498-08(Thermo Orion 720)

4. 결과 및 고찰

4.1 미생물제제 동정

본 실험에 사용한 미생물제제인 B사의 토착미생물제제는 130종의 다양한 세균 및 효모로 구성되어 있었으며 동정된 미생물 결과는 Table 4.1에 나타내었다.

Table 4.1 Identification of microorganisms in BM by pyrosequencing

Microorganisms	Distribution(%)
<i>Prevotellaceae_uc_s</i>	22.2
<i>Lactobacillus_uc</i>	17.7
<i>Lactobacillus parabuchneri</i>	6.9
<i>Lactobacillaceae_uc_s</i>	6.5
<i>Lactobacillus paracasei</i>	5.8
<i>Lactobacillus parafarraginis</i>	4.3
<i>Lactobacillus camelliae</i>	3.0
<i>Lactobacillus manihotivorans</i>	2.4
<i>Acetobacter lovaniensis</i>	2.3
<i>Lactobacillus collinoides</i>	2.2
<i>Lactobacillus vini</i>	2.0
<i>Lactobacillus hilgardii</i>	1.8
<i>Lactobacillus pentosus</i>	1.7
<i>Lactobacillus rapi</i>	1.5
<i>Lactobacillus pantheris</i>	1.3
<i>Ethanoligenens_uc_s</i>	1.2
<i>Veillonellaceae_uc_s</i>	1.2
<i>Lactobacillus similis</i>	1.2
<i>Lactobacillus harbinensis</i>	1.0
<i>Rhodospirillales_uc-s</i>	0.5
Others	13.8
Total	100.0

Note) uc_s : Unclassified species

순수 분리된 각 미생물 중 현미경 관찰을 통해 호모로 추정된 미생물을 따로 선택하여 미생물 자동동정기로 동정하고 생화학테스트를 거친 결과 99 % homology로 *Candida boidinii*, *Saccharomyces cerevisiae*로 동정되었으며 생화학테스트 결과는 Table 4.2와 같다.

Table 4.2 Biochemical characteristic of yeasts in BM

Biochemical test (Substance)	<i>Candida boidinii</i>	<i>Saccharomyces cerevisiae</i>	Biochemical test (Substance)	<i>Candida boidinii</i>	<i>Saccharomyces cerevisiae</i>
L-lysine-ARYLAMIDASE	-	-	L-RHAMNOSE assimilation	-	-
L-MALATE assimilation	-	-	XYPITOL assimilation	+	-
Leucine-ARYLAMIDASE	+	+	D-SORBITAL assimilation	+	-
Arginine GP	-	-	SUCROSE assimilation	-	+
ERYTHRITOL assimilation	+	-	UREASE	-	-
GLYCEROL assimilation	-	-	ALPHA-GLUCOSIDASE	-	-
Tryosine-ARYLAMIDASE	-	-	D-TURANOSE assimilation	-	+
β -N-ACETYL-GLUCOSAMINIDASE	-	-	D-TREHALOSE assimilation	-	-
ARBUTINE assimilation	-	-	NITRATE assimilation	+	-
AMYGDALINE assimilation	-	+	L-ARABINOSE assimilation	-	-
D-GALACTOSE assimilation	-	+	D-GALACTURONATE assimilation	-	-
GENTOBIOSE assimilation	-	+	ESCULINE assimilation	-	-
D-GLUCOSW assimilation	+	+	L-GLUTAMATE assimilation	-	-
LACTOSE assimilation	-	-	D-XYLOSE assimilation	+	+
Methyl-A-D-GLUCOPYRANOSIDE	-	-	DL-LACTATE assimilation	-	-
GAMMA-GLUTAMYL-TRANSFERASE	-	-	ACETATE assimilation	+	+
D-CELLOBIOSE assimilation	-	+	CITRATE assimilation	-	-
D-RAFINOSE assimilation	-	+	GLUCURONATE assimilation	-	-
PNP-N-galactosaminidase	-	-	L-PROLINE assimilation	+	-
D-MANNISE assimilation	+	+	2-KETO-D-GLUCONATE assimilation	-	-
D-MELINBIOSE assimilation	-	-	N-ACETHYL-GLUCOSAMINE	+	-
D-MELEZITOSE assimilation	-	-	D-GLUCONATE assimilation	-	-
L-SORBOSE assimilation	-	+			

BM 종균에서 동정된 유산균 균주들은 불용성 염을 가용화 하는 것으로 보고되고 있으며, 동정된 *Rhodospirillales* 종은 광합성세균으로 H₂S 등의 악취 처리에 효과가 있는 것으로 보고되고 있다(이, 2004). 또한 동정된 *B.subtilis*과 *Saxxharomyces cerevisiae*는 GRAS(Generally recognised as safe)로 보고되고 있으며, 연구결과에 의하면 대장균의 증식 억제에 효과가 있는 것으로 보고되고 있다(윤 등, 2009). 동정된 메탄을 자화성 효모(Methanol assimilatin yeast)인 *Candida boidinii*는 Table 4.2와 같이 생화학 테스트에서 질산염 축적반응에 양성 반응을 나타내었으며, 암모늄, 질산염, 아질산염, 유기질소원, 요소, 아미노산 형태의 질소원을 모두 이용할 수 있는 것으로 예상된다. 또한 증식속도가 빠르고 성장환경이 넓으며 효소생성 능력이 높아 매우 유용한 미생물로 보고되고 있으며 폐놀화합물의 분해능 또한 높은 것으로 알려져 있다(Assam 등, 2007). 이에 동정된 다양한 균들이 서로 공존공생하며 시너지 효과를 나타내면서 반응기의 오염물질 제거율 향상에 기여하였을 것으로 사료된다.

Pour plate method로 측정한 생균수는 $8.7 \times 10^7 \sim 7.2 \times 10^8$ CFU/100 mL로 나타났다. BM 제제를 주입한 경우 예상대로 높은 미생물 개체수를 보였으며, 이러한 미생물의 조성의 차이에 기인하여 안정적인 처리 효율을 확보할 수 있었던 것으로 판단된다.

4.2 처리효율 평가

4.2.1 유기물 처리효율 평가

유기물 제거효율을 평가하기 위하여 용해성의 화학적 산소요구량인 SCOD(Soluble Chemical Oxygen Demand)를 측정하였으며 Fig. 4.1에서는 화학적 산소요구량(COD)의 유입수와 유출수의 농도 및 MLSS의 농도 변화를 나타내었다. 운전 기간이 60일 경과된 시점 이후 유입수의 화학적 산소요구량은 564 mg/L ~ 592 mg/L, 유출수의 화학적 산소요구량은 18 mg/L ~ 41 mg/L로 제거효율이 95 % ~ 99 %를 나타내었다. 또한 이때 MLSS의 농도변화가 14,600 mg/L ~ 16,330 mg/L로 안정화됨을 알 수 있었다.

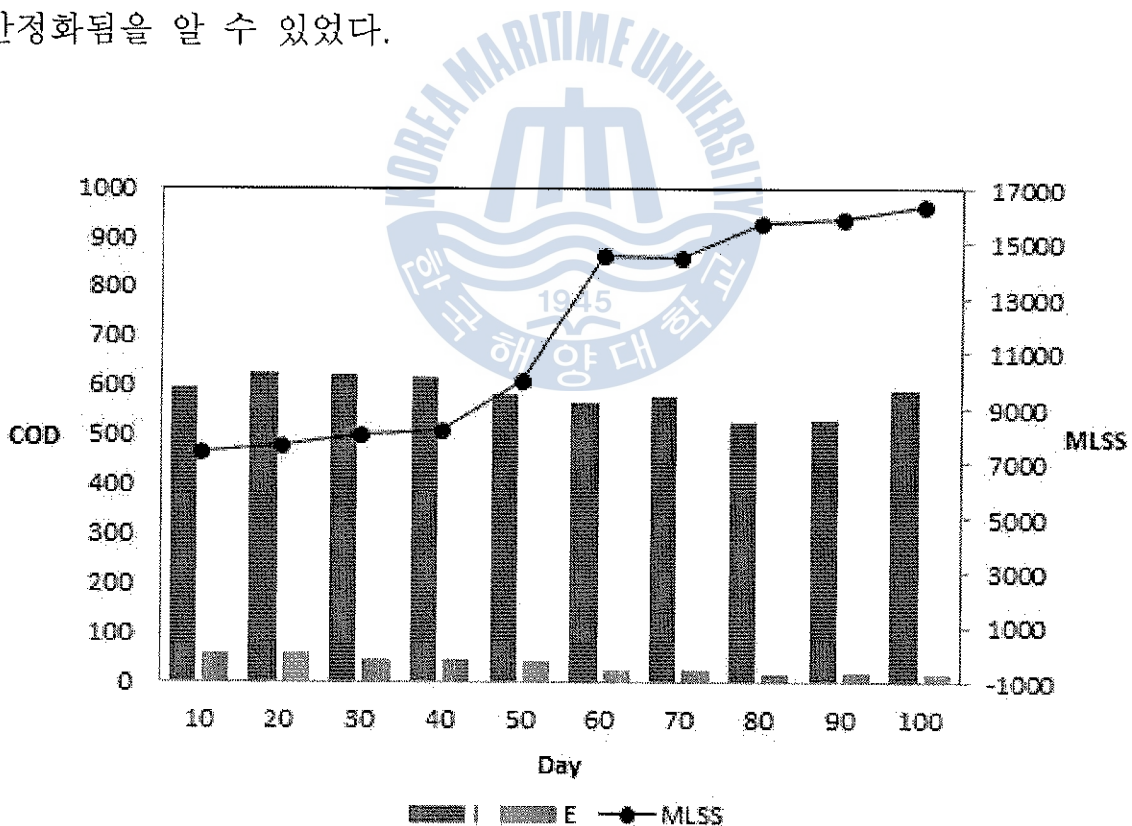


Fig. 4.1 Variation of COD & MLSS concentration in Lab scale test equipment

Fig. 4.2에서는 화학적 산소요구량(COD)의 유입수와 유출수의 농도변화와 함께 BOD 용적부하 변화를 나타내었다. 운전 기간이 70일 경과된 시점 이후 유입수의 화학적 산소요구량의 제거효율이 95 % ~ 99 %를 나타낼 때 BOD 용적부하 또한 0.68로 일정하게 나타나 BOD 용적부하와 MLSS 농도가 일정할 때 제거효율이 높게 나타남을 알 수 있다.

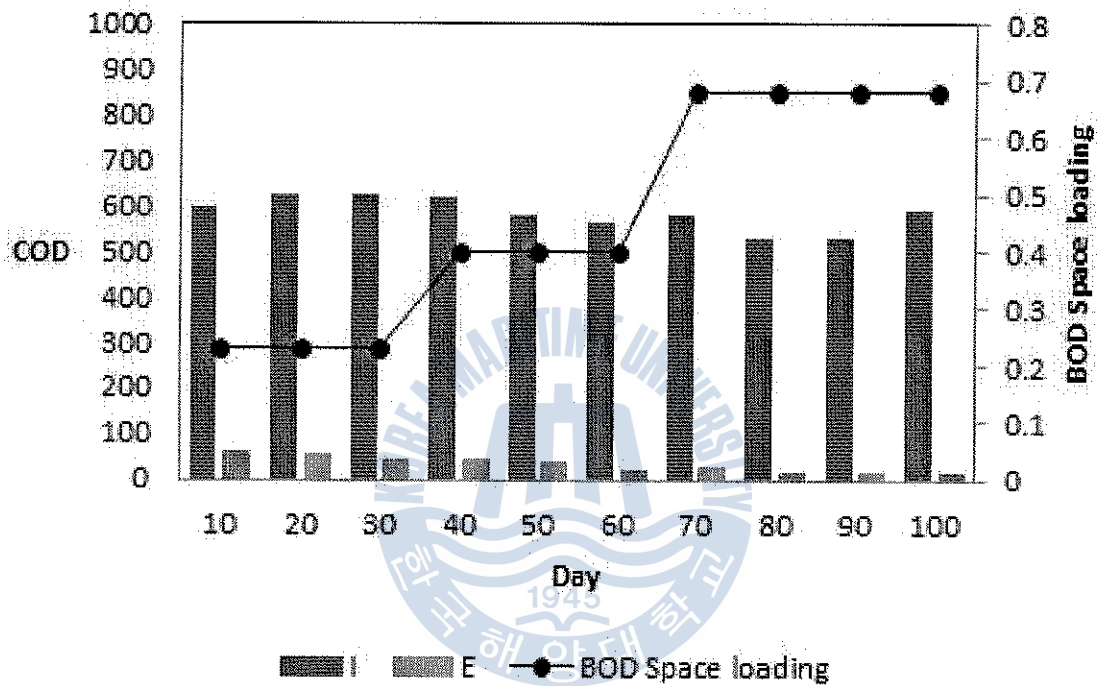


Fig. 4.2 Variation of COD & BOD Space loading concentration in Lab scale test equipment

4.2.2 질소 제거효율 평가

반응기의 유입수와 유출수의 총질소(T-N) 농도변화와 처리효율을 Fig. 4.3에 나타내었다. 운전 기간 50일이 경과된 시점 이후부터 유입수의 총질소(T-N) 농도는 5.922 mg/L ~ 8.929 mg/L, 유출수의 총질소(T-N) 농도는 0.067 mg/L ~ 0.393 mg/L로 반응기에서의 총질소 제거 효율은 93 % ~ 99%로 약 96 % 가까이 탈질이 이루어지는 것으로 나타났다.

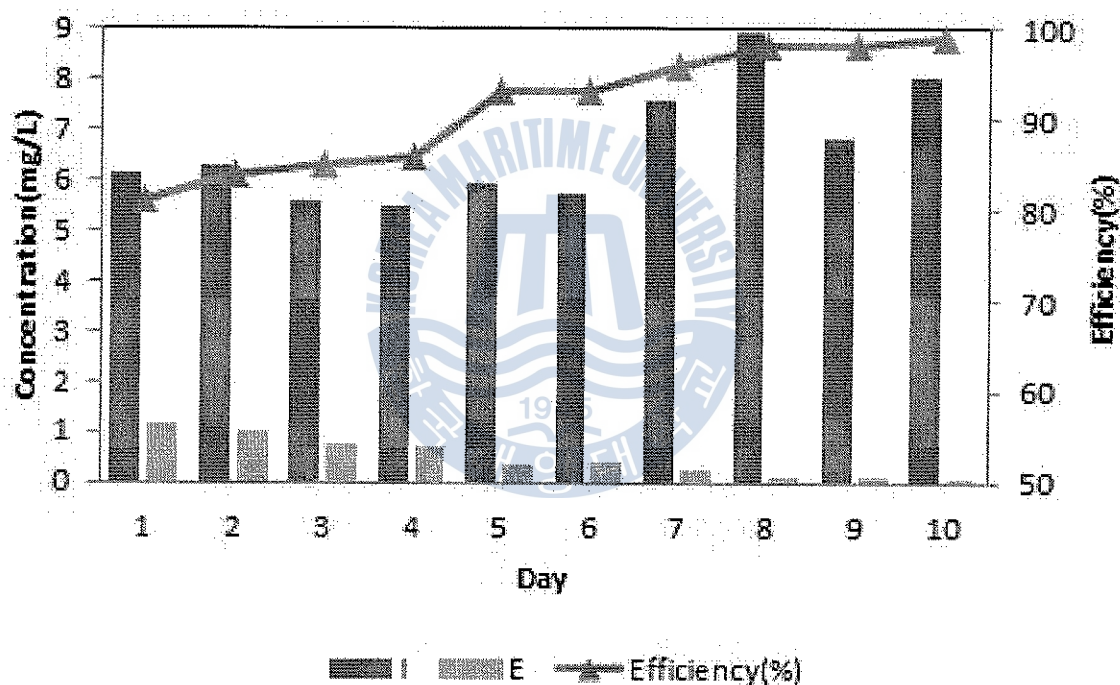


Fig. 4.3 Variation of T-N concentration in Lab scale test equipment

4.2.3 인 제거효율 평가

반응기의 인 함유량을 측정한 결과 본 실험에 사용된 시료의 총인(T-P)농도는 운전 초기부터 높은 제거효율을 보였다. 총인(T-P)의 유입 농도는 8.25 mg/L ~ 10.95 mg/L, 유출수의 농도는 0.01 mg/L ~ 0.51 mg/L로 나타났다. 총인(T-P)의 제거효율은 운전 직후에도 93.9 %로 다른 제거인자에 비하여 높게 나타났으나 운전 기간 30일이 지난 시점부터는 97.4 % ~ 99.8 %로 평균 98.5 %의 높은 제거효율을 보였다.

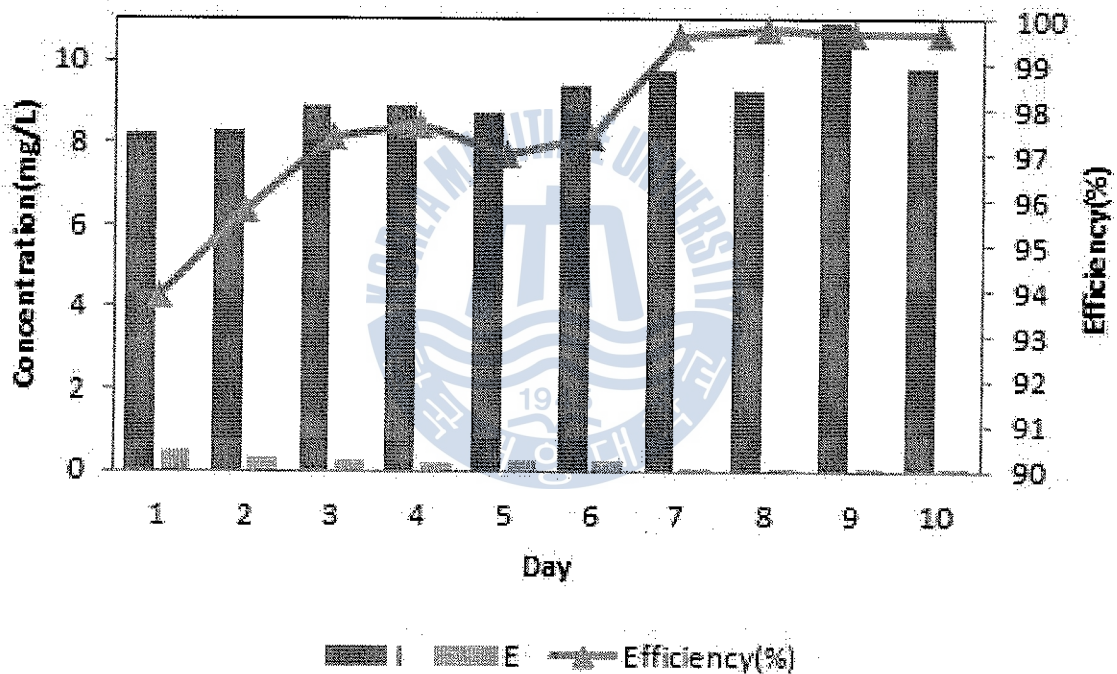


Fig. 4.4 Variation of T-P concentration in Lab scale test equipment

4.3 Lab scale 반응기의 미생물 분포 특성

4.3.1 Rarefaction curve 분석

각 반응조에 존재하는 미생물의 다양성을 분석하기 위해 Rarefaction curve 분석하여 Fig 4.5에 나타내었다. Rarefaction curve는 각 반응조마다 존재하는 미생물을 정량분석하기 위함이다. 유량조정조, 폭기조, 슬러지액화분해조, 침전물을 대상으로 Rarefaction curve를 분석한 결과 유입수와 침전물에 많은 양의 미생물이 존재하는 것으로 분석되었다.

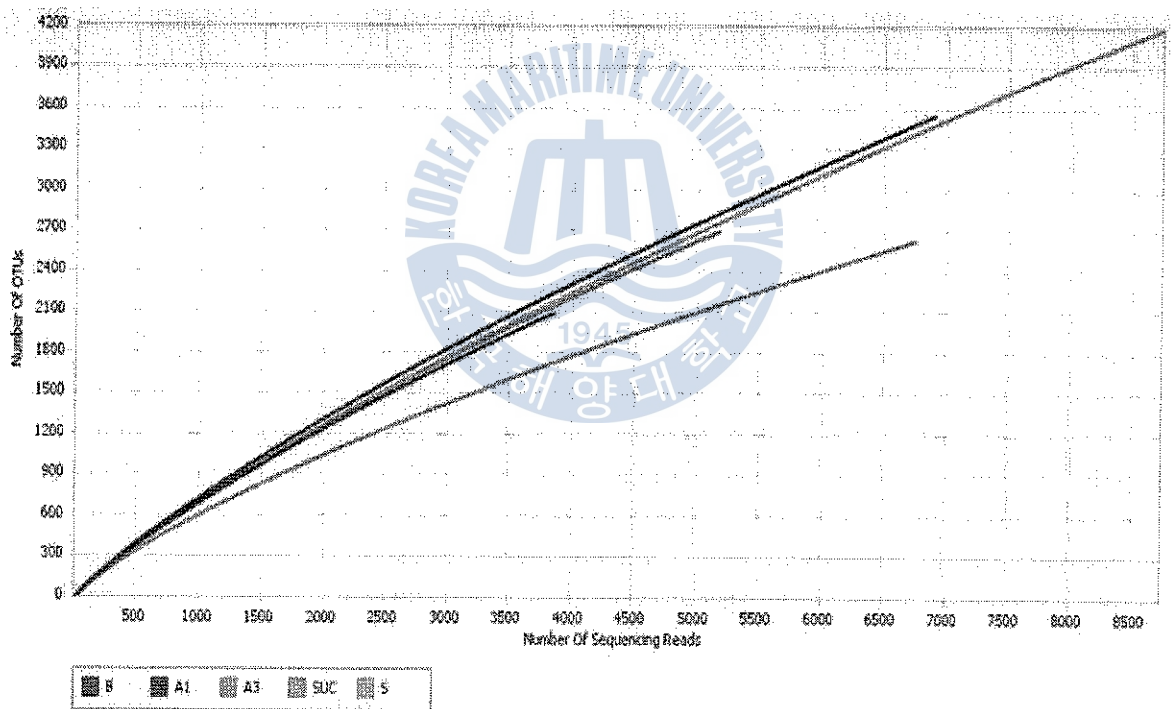


Fig 4.5 Rarefaction curve based on all taxa from marine dredged sediments treated by BM

4.3.2 Species richness 분석

Species richness 분석은 Rarefaction curve 분석과 관련하여 각 반응조에 존재하는 미생물의 종 다양성을 분석하기 위함이며, 그 결과는 Fig 4.6에 나타내었다. 유입수에서 높았던 종다양성이 폭기조에서 낮아졌다 해양준설토 처리에 유용한 미생물이 우점화되면서 종다양성이 다시 높아짐을 알 수 있다.

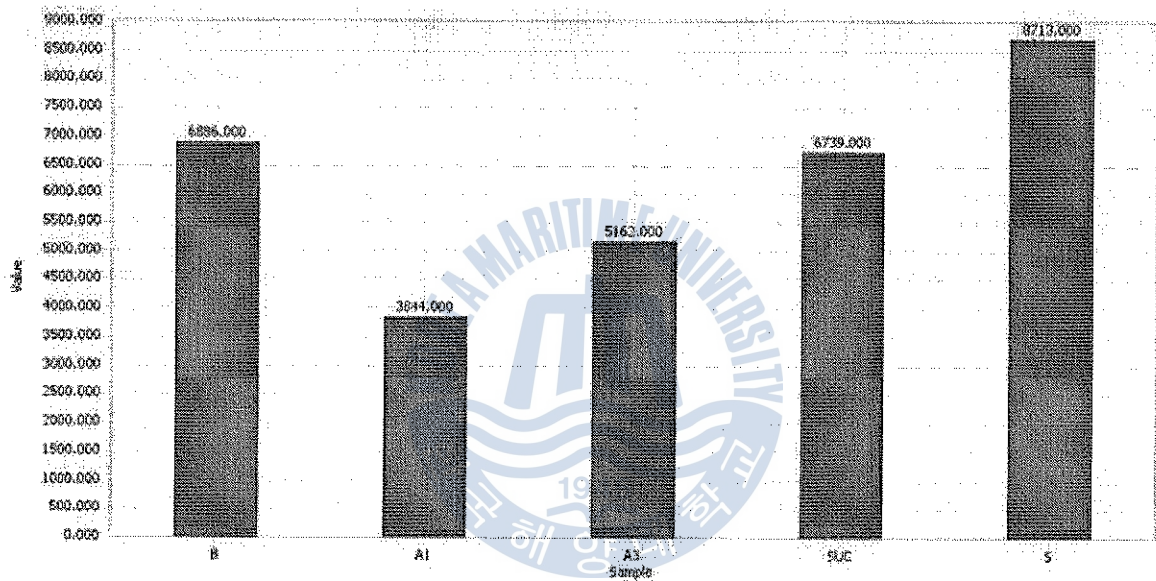


Fig 4.6 Species richness based on OUTs from marine dredged sediments treated by BM

4.3.3 Phylum composition 분석

Lab scale 반응기 내 유량조정조, 폭기조, 슬러지액화분해조, 침전물을 대상으로 Phylum composition 분석을 실시한 결과를 Fig 4.7에 나타내었다. Phylum composition 분석을 실시한 유입되는 시료인 유입수에서 가장 다양성이 높았고 각 반응조 중에서는 슬러지액화분해조의 종다양성이 가장 높게 분석되었다. Phylum composition 분석 결과 해양미생물인 Verrucomicrobia문이 가장 많이 우점화 되어 있는 것을 알 수 있다.

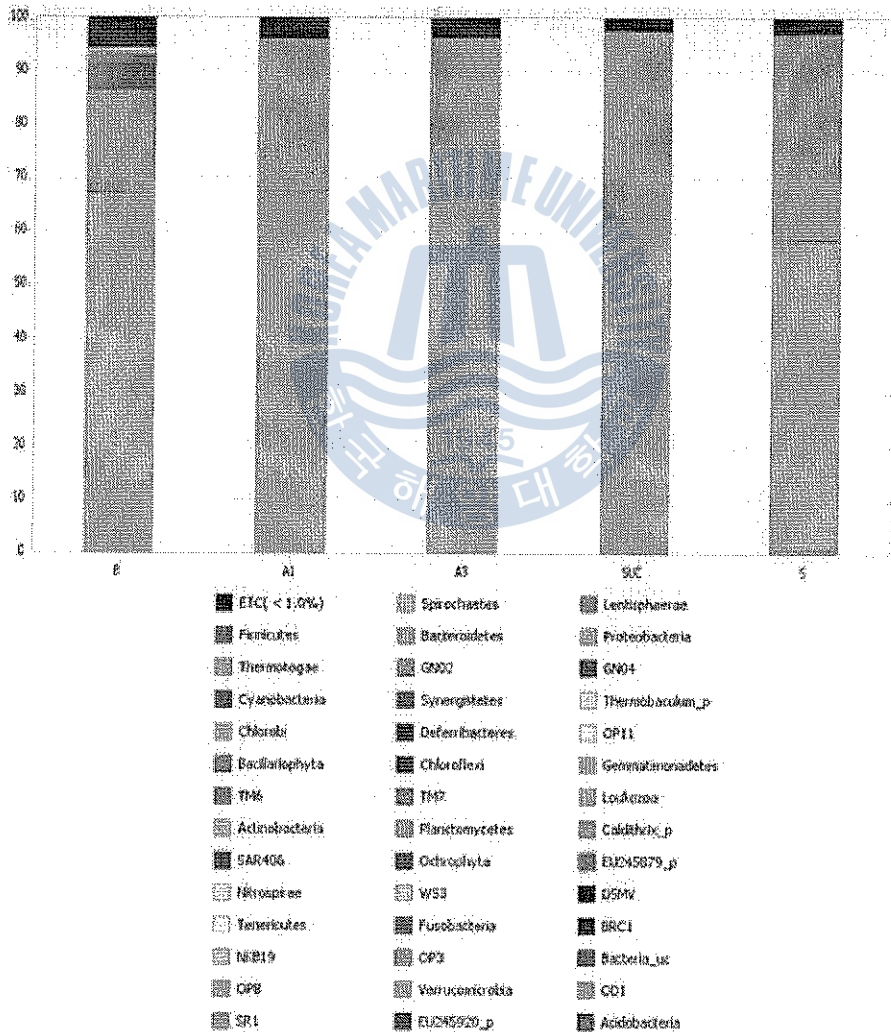


Fig 4.7 Phylum composition from marine dredged sediments treated by BM

4.3.4 Genus composition 분석

Lab scale 반응기 내 유량조정조, 폭기조, 슬러지액화분해조, 침전물을 대상으로 Genus composition 분석을 실시해본 결과를 Fig 4.8에 나타내었다. 유입수에서 다양하게 존재했던 미생물 Genus가 폭기조에서 줄어드는 현상을 발견하였으며 다시 슬러지액화분해조로 처리가 진행될수록 다시 늘어나는 것을 확인할 수 있었다.

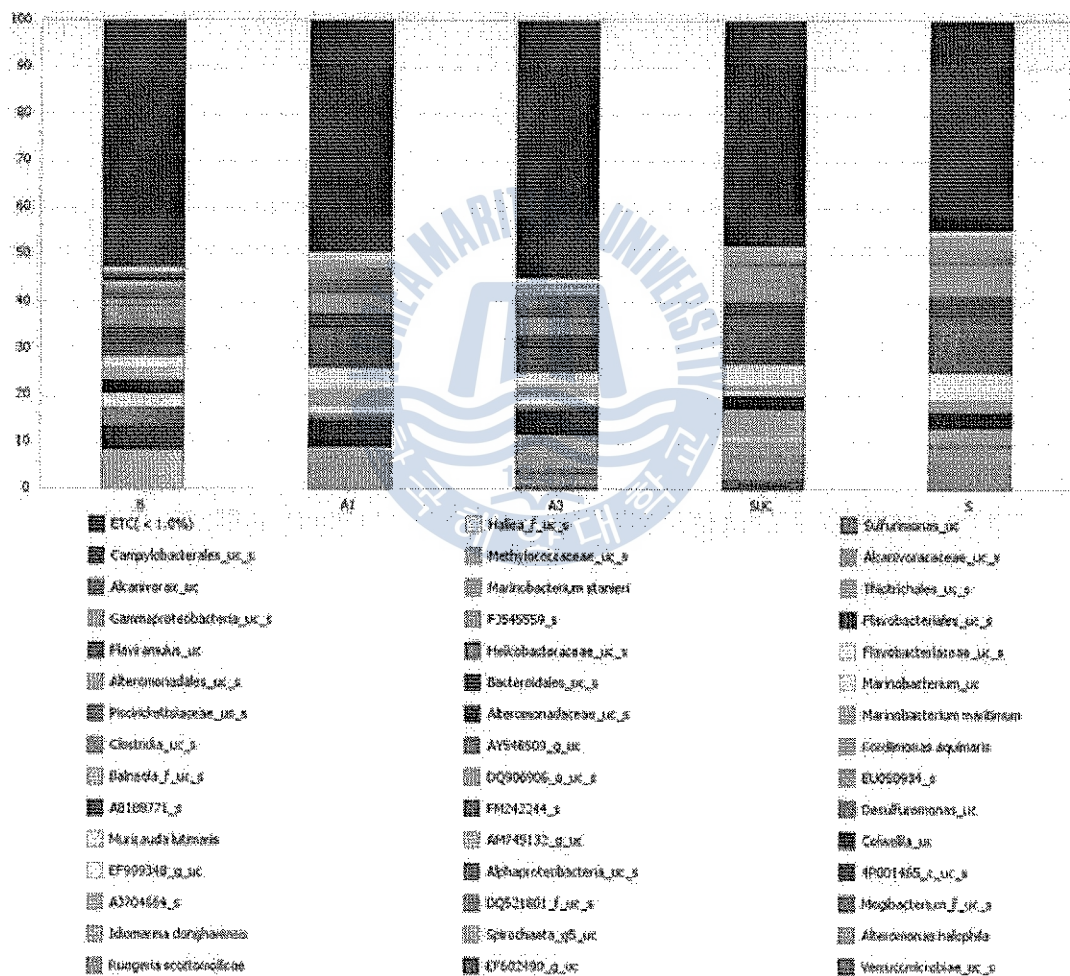


Fig 4.8 Genus composition from marine dredged sediments treated by BM

4.3.5 Species composition 분석

Lab scale 반응기 내 유량조정조, 폭기조, 슬러지액화분해조, 침전물을 대상으로 Species composition 분석을 실시한 결과를 Fig 4.9에 나타내었다. 미생물 Species 분포는 폭기조인 A1과 A3에서 비슷한 결과를 보이는 것으로 분석되었다.

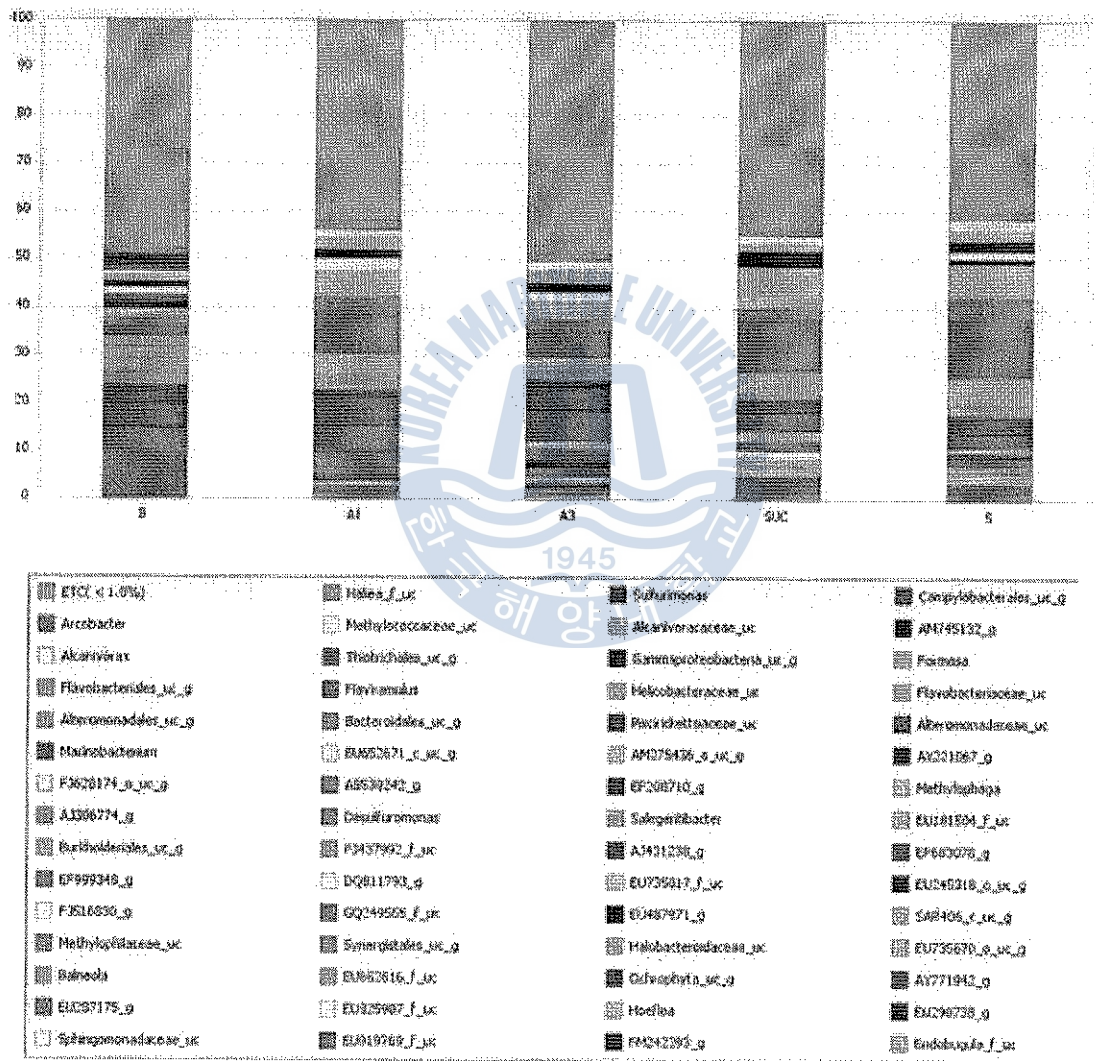


Fig 4.9 Species composition from marine dredged sediments treated by BM

4.3.6 미생물 군집 분석

미생물 군집분석은 미생물 군집간의 유사도를 통계적으로 분석한 결과로써 유사도가 가까운 관계부터 상관지어 보여주는 결과이다. Lab scale 반응기 내 유량조절조, 폭기조, 슬러지액화분해조, 침전물을 대상으로 미생물 군집을 분석한 결과를 Fig 4.10에 나타내었다. 폭기조간의 미생물 군집에서 높은 유사도를 보였다.

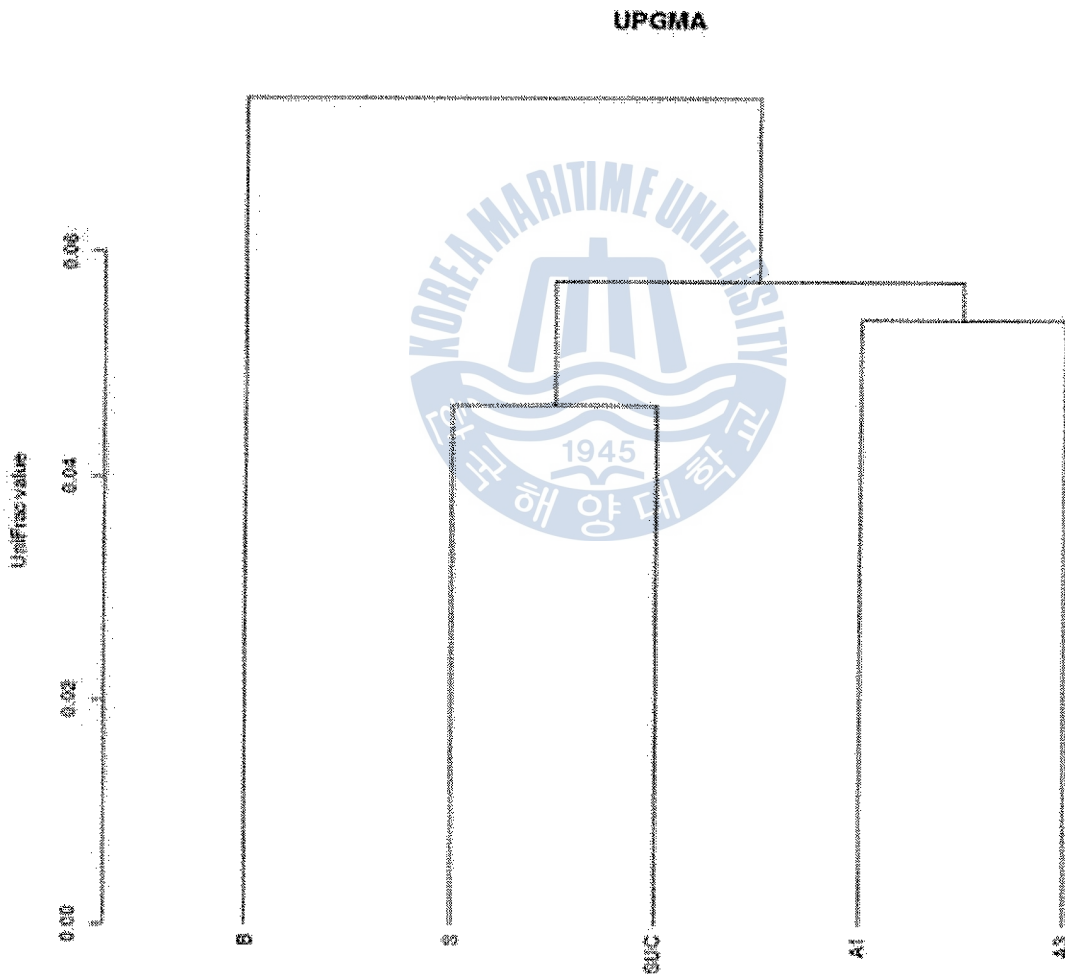


Fig 4.10 Cluster analysis from marine dredged sediments treated by BM

유량조정조, 폭기조, 슬러지액화분해조, 침전물내 미생물의 미생물 군집 분석 결과 유입수에서는 해양미생물인 *Marinobacterium maritimum*가 가장 많이 나타났고 폭기조에서는 *Flaviramulus_uc*, *Alteromonadaceae_uc_s* 그리고 *Flavobacteriaceae_uc_s*와 같은 탈질화 미생물을 가장 많이 확인할 수 있었다. 결과는 Fig 4.11에 나타내었다.

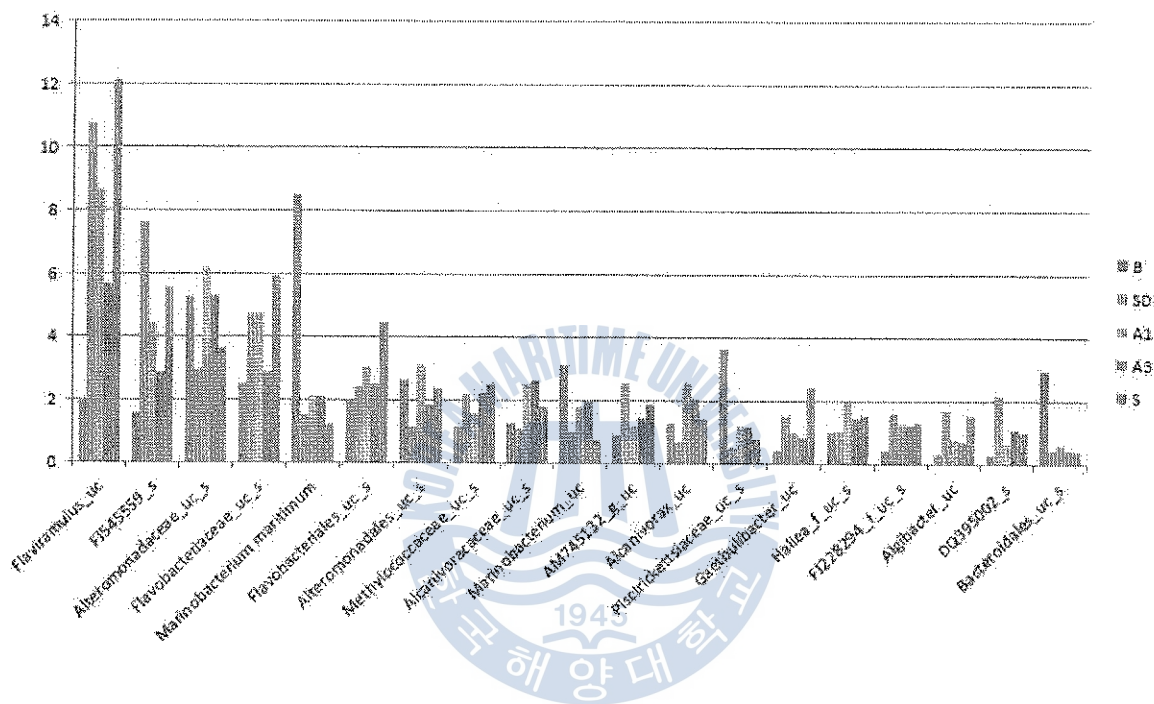


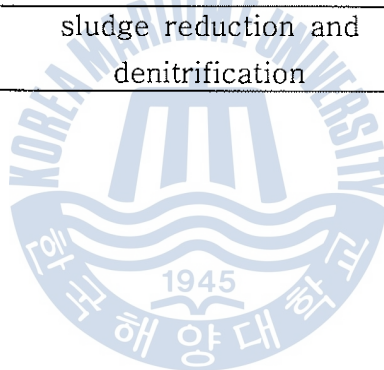
Fig 4.11 Microbial community analysis from marine dredged sediments treated by BM

미생물 군집결과 다량으로 존재하는 미생물과 반응조내에서의 역할을 분석한 결과를 Table 4.3에 나타내었다. 탈질 및 악취제거균인 *Flaviramulus_uc*, *Alteromonadaceae_uc_s*, *Flavobacteriaceae_uc_s*, *Flavobacteriales_uc_s*, *Bacteroidales_uc_s*는 반응 초기단계인 유량조

절조와 폭기조에서 많이 나타났다.

Table 4.3 Potential functions of some of the dominant communities

Speices	Functions	References
<i>Flaviramulus_uc</i>	denitrification	Jorn Einen et al 2006
FJ545559_s		
<i>Alteromonadaceae_uc_s</i>	denitrification and odor removal	Sherry et at 2011
<i>Flavobacteriaceae_uc_s</i>	denitrification and odor removal	Sherry et at 2011
<i>Marinobacterium maritimum</i>		
<i>Flavobacteriales_uc_s</i>	denitrification and odor removal	Satke,K.F. 2009
<i>Bacteroidales_uc_s</i>	sludge reduction and denitrification	Satke,K.F. 2009



5. 결 론

BM 복합미생물제제를 이용하여 해양준설토의 친환경처리로서 일일 50 L 처리용량의 Lab scale 실험장치를 사용하여 오염된 준설토를 처리하는 연구를 통하여 다음과 같은 결론을 얻었다.

1. Lab scale 실험 장치에서 HRT 6.5일, BOD 용적부하 $0.2 \sim 0.6 \text{ kg/m}^3 \cdot \text{day}$ 로 반응기를 운전한 결과 T-N, T-P, COD는 각각 평균 91.3 %, 97.8 % 및 94.2 % 의 높은 처리 효율을 나타내어 오염된 미세준설토의 원활한 생물학적 처리가 가능하였다.

2. 설계인자를 도출하기 위한 실험에서 BOD 용적부하 $0.6 \text{ kg/m}^3 \cdot \text{day}$, DO농도 6 ~ 8 mg/L, HRT 6.5 day 일때 가장 높은 효율을 나타내어 처리환경 변화에 적응력이 매우 높은 공정으로 평가되었다.

3. BM 복합미생물제제를 이용하여 해양준설토를 처리한 결과 처리초기 단계(B, A1 및 SD)에서는 탈질균 및 악취제거 관련 미생물의 작용이 활발한 것으로 판명되었다.

복합유용 미생물처리를 통해 생성된 슬러지는 다량의 BM효소를 포함하고 있어 토양개량제나 유기질 비료 등으로 사용할 수 있을 것으로 판단되며 이에 대한 후속연구가 진행 중이다.

참고 문헌

1. 안진선 “준설토와 해양폐기물을 이용한 폐기물 매립지 차수층에 관한 연구”(2006)
2. 한국해양연구원 “준설토 재활용 방안 연구” (2003)
3. 한국해양연구원 “준설토사 처리 및 유효활용 기준 수립” (2007)
4. 김판수 “바실러스 미생물을 이용한 점감포기법에 의한 하폐수 내 고농도 유기물 및 질소·인 제거효율에 대한 연구“ 상명대학교 학위논문 (2007)
5. 이지현 “NBS공법에서 질소제거 효율 및 미생물 군집 해석” 서울시립대학교 학위논문 (2007)
6. 이민호 “미생물 반응조를 이용한 축산폐수의 생물학적 처리“ 인하대학교 학위논문 (2006)
7. 이연승 “수정SBR공정에 의한 선박오수 고도처리” 한국해양대학교 학위논문 (2010)
8. 박상호 “바실러스균을 이용한 선박 오수의 고도처리” 한국해양대학교 학위논문 (2005)
9. 이채영 외 1명 “응집-침전 공정을 이용한 준설토의 부유물질 처리” 대한토목학회지, P. 5292 ~ 5295 (2003)

10. 허형우 “유로변경 Semi-Batch 혐기 및 간헐포기에 의한 하수 고도처리”
충남대학교 학위논문 (2004)
11. 이영희, “유용미생물을 이용한 환경정화에 관한 연구”, 경성대학교 학위논문(2004)
12. 윤덕훈, 강동우, 남기웅, “효모 첨가에 따른 돈분뇨의 악취제거 및 오염물질 감소 효과”, 한국환경공학회지, Vol. 28, No. 1, pp. 47 ~ 52(2009)
13. 미국 오염퇴적물 정화·복원 관련 자료(<http://yosemite.epa.gov/r10/CLEANUP>).
14. Leonre SE, Aronld EG and Andrew DE, “Standard Method for the Examination of water and Wastewater”, 20th ed., Am. Pub. Hearth Assoc., Washington(1998).
15. D. H. Ekama and M. C. Wentzel, “Denitrification kinetics in biological N and P removal activated sludge systems treating municipal wastewaters”, Wat. Sci. Tech., Vol 39. No. 6, pp.66~77(1999)
- Chen,J., Tang, Y.-Q. and Wu,X-L. “Bacterial community of chromium-contaminated tannery sludge and isolation of Cr (VI) resistant and reduction bacteria” (2010)
16. Desai,C., Parikh,R,Y., Shouche,Y.S. and Madamwar,D. “Tracking the influence of long-term chromium pollution on soil bacterial community structures by comparative analyses of 16S rDNA gene phylotypes” (2009)
17. U.S. EPA. 2004. Updated Report on the Incidence and Severity of Sediment Contamination in Surface Waters of the United States, National

Sediment Quality Survey. U.S. Environmental Protection Agency, Office of Water, Washington, DC. EPA-823-R-04-007.

18. Aissam, H., Penninckx, M. J. and Benlemlih, M., "Reduction of phenolics content and COD in olive oil mill wastewaters by indigenous yeasts and fungi", *Microb. and Bio tech.*, Vol. 23, No. 9, pp. 1203 ~ 1208(2007).

19. Carsten Ulrich Schwermer¹, Timothy G. Ferdelman¹, Peter Stief¹, Armin Gieseke¹, Nastaran Rezakhani², Jaap Van Rijn³, Dirk De Beer¹ "Effect of nitrate on sulfur transformations in sulfidogenic sludge of a marine aquaculture biofilter" Andreas Schramm² Article first published online: 19 MAR 2010

20. Amarja A. Joshi & Pradnya P. Kanekar & Anita S. Kelkar & Yogesh S. Shouche & Aijaz A. Vani & Sujitra B. Borgave & Seema S. Sarnaik "Cultivable Bacterial Diversity of Alkaline Lonar lake, India" *Microb Ecol* 55:163-.172 (2008)

21. Letizia Fracchia. Anja B. Dohrmann. Maria Giovanna Martinotti. Christoph C. Tebbe "Bacterial diversity in a finished compost and vermicompost: differences revealed by cultivation-independent analyses of PCR-amplified 16S rDNA genes" *Microbiol Biotechnol* 71: 942-.952 (2006)

22. JURGEN BROIus, THOMAS J. DULL, AND HARRY F. NOLLER "Complete nucleotide sequence of a 23S ribosomal RNA gene from *Escherichia coli*" *Nati. Acad. Sci. USA* Vol. 77, No. 1, pp. 201-204, January 1980

23. Halah Aissam, Michel J. Penninckx and Mohamed Benlemlih, "Reduction of phenolics content and COD in olive oil mill wastewaters by indigenous yeasts and fungi", *Microb. and Bio tech.*, vol. 23, No. 9, pp. 1203~1208 (2007)



감사의 글

지난 2년간 학업과 회사업무를 병행하며 이렇게 논문이 마무리 되는 날이 과연 올까, 많은 의문 속에 시간이 지나간 것 같습니다. 포기하고 싶은 순간도 많았지만 이제와 돌이켜 보니 제 인생에 소중한 또 한순간으로 기억될 것 같습니다. 부족함도 많고 아쉬움도 많은 논문이지만 이 논문이 끝이 아니라 또 다른 시작으로 생각하고 있습니다.

아무것도 모르고 시작한 대학원 생활에서 너무도 부족했던 저를 논문이 완성되기까지 아낌없는 지도와 격려를 통하여 이끌어주셨던 저의 지도교수님이신 김인수 교수님께 감사드립니다. 교수님을 만나 시작한 새로운 도전이 앞으로 제 인생에 또 다른 원동력이 될 것 같습니다. 그리고 바쁘신 와중에도 많은 관심과 조언을 해주신 고성철 교수님과 장재수 교수님께도 감사드립니다. 앞으로 더 많은 공부를 통해 부끄럽지 않은 제자가 되겠습니다.

환경기기실험실이란 인연으로 만나 새로운 시작에 큰 힘이 되어주신 김억조 교수님, 임재동 박사님과 여러 선배님들께 감사드립니다. 그리고 멋모르고 뛰어든 대학원 생활, 낯설고 힘들었지만 옆에서 많은 도움이 되어준 신영이에게도 고마움을 전하고 싶습니다. 논문을 쓰는데 많은 도움이 되어준 경찰이와 그 외 실험실 후배들에게도 고마움을 표하고 싶습니다.

늦게 시작한 학업에도 할 수 있다는 본보기가 되어주신 지승길 센터장님과 부족한 회사생활에도 석사과정을 잘 끝낼 수 있도록 많은 조언을 해주신 남병혁 과장님, 첫 회사생활에 많은 구박에도 늘 존경하였던

김병진 팀장님, 논문이 마무리되는 과정에 많은 배려 해주셨던 서형필 팀장님께도 감사드립니다. 그리고 저의 졸업을 진심으로 축하해주는 팀원들께도 감사드립니다.

평생 함께 할 인생의 친구로 힘든 시간마다 옆에서 할 수 있다고 용기를 준 가족 같은 친구 성희와 은미 그리고 대학생활부터 늘 나의 멘토가 되어준 연정이, 못난 후배 덕에 많은 고민 상담을 해준 동훈이 오빠와 논문에 대해 많은 조언을 해준 준우오빠, 일일이 다 열거할 수는 없지만 그 외 응원해준 모든 지인분들에게도 감사드립니다.

마지막으로 살아가는 가장 큰 힘이 되어주는 우리 가족, 부족한 많은 딸 그리고 동생이지만 변함없는 믿음과 격려로 응원해주셔서 감사합니다. 한점 의심 없이 모든 과정을 믿어주고 항상 옆에서 힘이 되어준 가족이 있어 여기까지 올 수 있었던 것 같습니다. 앞으로 더욱 부끄럽지 않은 모습만 보이겠습니다. 사랑합니다.