

과제구분	기본	수행시기		전반기	
연구과제 및 세부과제		연구분야	수행기간	연구실	책임자
농업미생물 자원 확보 및 실용화 기술 개발		미생물	'21~'27	친환경미생물 연구소	문지영
경기지역 농경지 토양미생물 변동조사		미생물	'21~'25	친환경미생물 연구소	문지영
색인용어	농경지, 토양 이용 형태, 토양미생물 군집				

ABSTRACT

This study was conducted to analyze the diversity and structural differences of bacterial and fungal communities in bulk soil across major agricultural land-use types in Gyeonggi Province from 2021 to 2025. Analysis of soil microbial richness, diversity, and evenness by land-use type showed that, for bacterial communities, the richness indices (Chao and ACE) were higher in orchards and upland fields compared to other land-use types, whereas greenhouse soils exhibited the lowest values. Diversity indices were also higher in upland fields and orchards, indicating a relatively rich and diverse distribution of microbial taxa. Evenness indices were highest in paddy soils, suggesting that taxa were more evenly distributed. Bacterial communities across all land-use types were dominated by *Pseudomonadota* (formerly *Proteobacteria*), accounting for 24.8–36.2%. *Bacillota* showed the highest relative abundance in greenhouse soils. Orchard soils exhibited relatively high proportions of *Actinomycetota* and *Acidobacteriota*, whereas paddy soils were characterized by a high proportion (17.8%) of the anaerobic phylum *Chloroflexota*. Quantification of soil microbial gene abundance (16S rRNA and ITS) revealed that upland soils in 2021 generally exhibited lower values compared to other regions, whereas in 2025, upland soils showed no significant regional differences. Orchard soils tended to exhibit relatively higher gene abundances compared to other regions. Paddy soils showed the highest microbial genomic abundance nationwide. Dehydrogenase activity was higher in orchard and greenhouse soils compared to the national average.

Key words: Agricultural land-use, Bulk soil, Bacterial and fungal communities

1. 연구목표

농업생태계의 토양미생물은 양분순환과 작물 생산에 있어 필수적인 요소로 토양의 탄소순환에 50%까지, 분해과정에는 100%까지 관여하며, 질소순환의 탈질 과정에는 60%까지, 인 순환은 90%까지 미생물이 기여하고 있어 물질 순환에 중요한 역할을 한다. 최적의 토양 농업환경을 유지하기 위해서는 물리·화학적 측면뿐만 아니라 미생물 생태학적 측면에서 토양의 해석, 개량 및 관리기술 개발이 필요하다. 농경지 토양의 단계적 발전과정에서 물리·화학적 특성이 개선된 후 궁극적으로 (미)생물의 활성화와 다양성이 개선되면서 토양의 질이 향상될 수 있다. 그러므로 토양의 이용 형태가 (미)생물 다양성에 미치는 효과의 객관적인 평가를 위해 과학적인 지표를 이용한 정량적인 모니터링이 필요하다. 친환경농어업 육성 및 유기식품 등의 관리·지원에 관한 법률 제10조 농업자원의 보전 및 농업 환경의 개선, 제11조 농업자원 및 농업환경의 실태조사에 의한 법적의무에 근거하여 농촌진흥청에서는 1999년부터 농업환경 변동조사 사업을 통해 토양미생물 분포를 모니터링하고 있다. 환경 변동 평가 사업에서 수집된 시료들은 미래의 귀중한 연구 재료로 가치가 크기 때문에 장기적인 측면에서 안전하고 체계적으로 보존할 필요가 있다. 본 사업의 일환으로 경기도 내 대표적인 농경지 이용 형태(밭, 과수원, 논, 시설재배)를 대상으로 2021년부터 2025년까지 비근권토양 세균과 진균 군집의 다양성과 구조적 차이를 종합적으로 분석하고자 하였다. 이를 위해 16S rRNA 유전자 및 ITS (internal transcribed spacer) 영역 기반의 메타게놈 시퀀싱을 활용하여 군집 특성을 파악하고, 다양성 지표 등을 분석하였으며 농진청 및 전국 도원, 순천대와 공동연구로 수행하였다. 이러한 분석을 통해 토양 이용 형태가 미생물 생태계에 미치는 영향을 이해하고 향후 전국 단위의 미생물 군집의 구조 변화 분석과 지속가능한 농업관리 전략 수립을 위한 기초자료를 확보하고자 하였다.

2. 재료 및 방법

경기도의 농경지별 토양미생물 군집을 분석하기 위해 밭(2021), 과수원(2022), 논(2023), 시설재배지(2024), 밭(2025)에서 각 25~30개 지점을 선정하여 토양 시료를 채취하였다(표 1-5). 토양 시료는 해마다 3~5월에 각 지점에서 X자 형태로 5곳의 표토(깊이 0~15 cm)를 채취하고 하나로 혼합하여 1 kg의 시료를 준비하였다. 토양 시료는 변화를 최소화 하기 위해 스티로폼 박스에 아이스팩과 함께 넣어 운반하였다. 채취한 시료 중 DNA 추출에 사용할 10 g의 토양 시료는 채취 직후 Falcon tube에 따로 담아 분석 전까지 -80℃에서 냉동 보관하였다. 저온 보관된 토양 시료는 DNeasy PowerSoil Kit (Qiagen, Hilden, Germany)를 이용하여 각 시료에서 0.5 g씩 세 번 반복하여 총 1.5 g을 사용해 DNA를 추출하였다. 추출된 DNA는 Quant-IT PicoGreen 시약 (Invitrogen, USA)



을 이용하여 정량하고 QC 기준(5 ng/μL 이상)을 통과한 시료만 분석에 사용하였다. 이후 세균의 16S rRNA 유전자 (V3-V4 영역) 및 진균의 ITS2 영역을 대상으로 메타게놈 시퀀싱을 수행하였다. 시퀀싱은 Macrogen Inc. (Seoul, Korea)에 의뢰하였으며, 페어엔드 (2 × 300 bp) 방식으로 Illumina MiSeq™ 플랫폼 (Illumina, San Diego, USA)을 사용하여 수행되었다. 농경지별 미생물 군집의 다양성을 비교하기 위해 다양성 지표 (alpha diversity)인 Chao1, Ace, Shannon, Inverse Simpson, Simpson Evenness, Shannon Evenness를 산정하였다. 군집 구조 차이의 통계적 유의성은 비모수적 분산분석 (permutational multivariate analysis of variance, PERMANOVA)으로 검정하였다.

표 1. 2021년 발토양 조사 지점

조사지점코드	시군구	읍면동리	경도	위도	재배작물
U-21-1-01-011	평택시	신리	127.0707626	37.0996071	경엽채류(배추)
U-21-1-02-002	고양시덕양구	내곡동	126.7996456	37.6374043	곡류(옥수수)
U-21-1-03-007	남양주시	차산리	127.3007143	37.6239635	과채류(고추)
U-21-1-03-008	남양주시	수산리	127.2908954	37.7323341	과채류(고추)
U-21-1-04-008	용인시처인구	가좌리	127.3513739	37.1786218	유지류(들깨)
U-21-1-04-009	용인시처인구	용천리 (동일 리 내 대체 토지이용 변경)	127.3517762	37.1252195	곡류(옥수수)
U-21-1-05-004	파주시	가월리	126.9245376	37.9818536	경엽채류(배추)
U-21-1-05-006	파주시	객현리	126.9476779	37.9779883	과채류(고추)
U-21-1-06-002	이천시	금당리	127.5225919	37.1270316	유지류(들깨)
U-21-1-06-005	이천시	금당리	127.5179353	37.1290818	인경채류(마늘)
U-21-1-06-011	이천시	장능리 (동일 리 내 대체 토지이용 변경)	127.5263057	37.1302547	서류(고구마)
U-21-1-07-001	안성시	건지리	127.2400029	37.0153963	곡류(콩)
U-21-1-07-009	안성시	개정리	127.1895864	36.9564793	곡류(콩)
U-21-1-09-008	양주시	만송동	127.0733453	37.7786558	곡류(옥수수)



조사지점코드	시군구	읍면동리	경도	위도	재배작물
U-21-1-09-010	양주시	오산리	126.9897178	37.794315	경엽채류(배추)
U-21-1-10-003	여주시	내사리	127.4912663	37.3632327	곡류(옥수수)
U-21-1-10-004	여주시	내사리 (동일 리 내 대체 토지이용 변경)	127.4935519	37.3629053	경엽채류(배추)
U-21-1-10-008	여주시	외사리	127.4975682	37.3534636	유지류(들깨)
U-21-1-11-007	화성시	오일리	126.9715303	37.165681	과채류(고추)
U-21-1-11-009	화성시	주곡리	126.8099546	37.1370599	서류(감자)
U-21-1-12-006	광주시	건업리	127.4061943	37.3787557	과채류(가지)
U-21-1-12-009	광주시	이선리	127.4182046	37.3609567	과채류(가지)
U-21-1-13-001	연천군	학곡리	126.9448678	37.9896058	경엽채류(배추)
U-21-1-13-011	연천군	읍내리	127.0676046	38.101743	과채류(고추)
U-21-1-14-005	포천시	노곡리	127.3495878	38.0118549	곡류(콩)
U-21-1-14-008	포천시	삼성당리	127.1964462	37.968921	경엽채류(배추)
U-21-1-15-004	가평군	화악리	127.567225	37.9285314	곡류(옥수수)
U-21-1-15-005	가평군	소법리	127.5625199	37.9088253	인경채류(양파)
U-21-1-16-002	양평군	계정리 (동일 리 내 대체 토지이용 변경)	127.7711199	37.4554655	곡류(옥수수)
U-21-1-16-012	양평군	계정리	127.7724095	37.4605584	과채류(고추)

표 2. 2025년 밭토양 조사 지점

조사지점코드	시군구	읍면동리	경도	위도	재배작물
U-25-1-01-011	평택시	신리	127.070774	37.099610	배추
U-25-1-03-008	남양주시	차산리 (동일 리 내 대체 토지이용 변경)	127.297456	37.624793	마늘
U-25-1-04-009	용인시	용천리	127.351757	37.125252	들깨, 콩, 감자



조사지점코드	시군구	읍면동리	경도	위도	재배작물
U-25-1-04-010	용인시	용천리	127.373582	37.126068	들깨
U-25-1-05-002	파주시	객현리	126.942872	37.972036	배추
U-25-1-05-006	파주시	객현리	126.947682	37.978011	들깨
U-25-1-06-002	이천시	금당리	127.522571	37.127071	고구마
U-25-1-06-011	이천시	장능리	127.526283	37.130286	인삼
U-25-1-07-001	안성시	건지리	127.240037	37.015385	파
U-25-1-07-009	안성시	개정리	127.189584	36.956489	고추
U-25-1-09-008	양주시	만송동	127.073316	37.778654	호박
U-25-1-09-010	양주시	오산리	126.989692	37.794303	파
U-25-1-10-003	여주시	내사리	127.491265	37.363228	옥수수
U-25-1-10-008	여주시	외사리	127.497557	37.353475	쪽파
U-25-1-11-005	화성시	조암리	126.794851	37.083074	콩
U-25-1-11-009	화성시	장집리 (인근 리로 대체/ 토지이용 변경)	126.909494	37.142838	콩, 땅콩
U-25-1-12-006	광주시	건업리	127.406186	37.378794	강낭콩
U-25-1-12-009	광주시	이선리	127.418243	37.360941	수수
U-25-1-13-001	연천군	학곡리	126.944784	37.989585	고추
U-25-1-13-011	연천군	읍내리	127.067601	38.101743	고추
U-25-1-14-005	포천시	노곡리	127.349610	38.011830	배추
U-25-1-15-004	가평군	화악리 (동일 리 내 대체/ 토지이용 변경)	127.567700	37.926735	마늘
U-25-1-15-005	가평군	소법리	127.562521	37.908833	쪽파
U-25-1-16-002	양평군	계정리	127.771106	37.455474	보리
U-25-1-16-012	양평군	계정리	127.772381	37.460560	고추

표 3. 2022년 과수원토양 조사 지점

조사지점코드	시군구	읍면동리	경도	위도	재배작물
O-22-01-09-002	안산시단원구	대부북동	126.5865404	37.2406254	포도
O-22-01-09-004	안산시단원구	대부북동 (동일 리 내 대체 토지이용 변경)	126.5733259	37.2414417	포도
O-22-01-13-003	남양주시	금곡동 (동일 리 내 대체 폐원)	127.203166	37.6227849	배
O-22-01-13-006	남양주시	율석리	127.2087802	37.6072084	배
O-22-01-21-001	이천시	송계리	127.5146494	37.1818382	복숭아
O-22-01-21-007	이천시	진암리	127.6074402	37.1126121	복숭아
O-22-01-21-008	이천시	진암리	127.6199996	37.1067738	복숭아
O-22-01-21-012	이천시	군량리	127.5062197	37.1825655	배
O-22-01-22-004	안성시	송산리	127.24639	36.9452373	포도
O-22-01-22-010	안성시	송산리	127.2473589	36.9442937	포도
O-22-01-22-015	안성시	방신리	127.1909752	37.0195805	배
O-22-01-23-002	김포시	양택리	126.6228263	37.7378632	배
O-22-01-23-004	김포시	석탄리 (동일 리 내 대체 토지이용 변경)	126.6528742	37.7330782	포도
O-22-01-25-002	여주시	문장리	127.5279114	37.3705183	사과
O-22-01-25-003	여주시	본두리	127.5901367	37.2412604	복숭아
O-22-01-25-004	여주시	대당리	127.5464073	37.3123428	배
O-22-01-26-002	화성시	신남리	126.8253946	37.1881503	복숭아
O-22-01-26-003	화성시	신남리	126.8212492	37.1875594	포도
O-22-01-26-009	화성시	구포리	126.8800059	37.241533	배
O-22-01-26-010	화성시	칭요리 (동일 리 내 대체 토지이용 변경)	126.8904778	37.2054514	배
O-22-01-28-004	연천군	와초리 (동일 리 내 대체 토지이용 변경)	127.0899268	38.1412999	배
O-22-01-29-002	포천시	자일리	127.2782819	38.096808	사과
O-22-01-29-004	포천시	무림리	127.1279037	37.7750165	포도
O-22-01-30-001	가평군	목동리	127.5452568	37.885887	사과
O-22-01-30-003	가평군	소벌리	127.5522084	37.8999357	사과
O-22-01-30-007	가평군	목동리	127.5462943	37.8852947	배
O-22-01-31-002	양평군	갈운리	127.7638866	37.5388546	사과
O-22-01-31-003	양평군	마룡리	127.6116586	37.4865484	배
O-22-01-31-004	양평군	하자포리	127.53917	37.4437074	배



표 4. 2023년 논토양 조사 지점

조사지점코드	시군구	읍면동리	경도	위도
P-23-01-07-002	평택시	마산리	127.099923	37.094423
P-23-01-07-013	평택시	율부리 (동일 리내 대체/ 토지개발)	126.983957	37.05839
P-23-01-07-027	평택시	추팔리 (동일 리내 대체/ 토지개발)	127.07606	36.972646
P-23-01-15-004	시흥시	방산동	126.758228	37.41587
P-23-01-19-007	용인시처인구	둔전리 (동일 리내 대체/ 토지이용 변경)	127.227838	37.274384
P-23-01-19-015	용인시처인구	시미리 (동일 리내 대체/ 토지이용 변경)	127.207727	37.161019
P-23-01-20-004	파주시	검산동	126.738022	37.778137
P-23-01-20-015	파주시	개현리 (동일 리내 대체/ 토지이용 변경)	126.944429	37.978133
P-23-01-21-006	이천시	풍계리	127.611226	37.140397
P-23-01-21-014	이천시	풍계리 (동일 리내 대체/ 토지이용 변경)	127.608027	37.138068
P-23-01-22-003	안성시	동신리 (동일 리내 대체/ 경운)	127.304559	37.005763
P-23-01-22-012	안성시	능국리	127.493474	37.099868
P-23-01-23-002	김포시	송마리	126.548671	37.65903
P-23-01-23-011	김포시	대명리 (인근 장소 협소)	126.553648	37.652892
P-23-01-24-007	양주시	남방동	127.042462	37.771114
P-23-01-25-007	여주시	이포리	127.528835	37.386063
P-23-01-26-005	화성시	석교리 (동일 리내 대체/ 풀대기)	126.766794	37.19737
P-23-01-26-021	화성시	온석리	126.862794	37.173347
P-23-01-26-030	화성시	도이리 (동일 리내 대체/ 토지개발)	126.935371	37.136623
P-23-01-28-015	연천군	은대리 (동일 리내 대체/ 토지개발)	127.066235	38.043585
P-23-01-30-001	가평군	읍내리 (동일 리내 대체/ 토지이용 변경)	127.512008	37.842761
P-23-01-30-002	가평군	읍내리	127.508115	37.847258
P-23-01-31-003	양평군	비룡리	127.698241	37.541581
P-23-01-31-013	양평군	단석리	127.734721	37.399956
P-23-01-31-017	양평군	병산리 (동일 리내 대체/ 토지이용 변경)	127.472041	37.489484

표 5. 2024년 시설재배토양 조사 지점

조사지점코드	시군구	읍면동리	경도	위도	재배작물
G-24-01-01-002	수원시	입북동	126.947748	37.299120	고추, 파, 감자
G-24-01-02-001	성남시	태평동	127.119021	37.448371	파
G-24-01-07-001	평택시	독곡동	127.075781	37.093531	토마토
G-24-01-08-001	동두천시	상패동	127.014346	37.907296	열무
G-24-01-09-001	안산시상록구	팔곡일동	126.891584	37.297326	오이, 토마토
G-24-01-10-001	고양시	관산동	126.848868	37.705350	오이, 토마토
G-24-01-10-011	고양시	용두동 (동일 동내 대체 폐농)	126.875208	37.622493	얼갈이
G-24-01-12-001	구리시	교문동	127.136097	37.582373	부추
G-24-01-13-002	남양주시	용정리 (인근 리로 대체/ 토지이용 변경)	127.178675	37.662404	토마토
G-24-01-13-005	남양주시	송촌리 (인근 리로 대체/ 토지이용 변경)	127.322102	37.571225	상추
G-24-01-13-011	남양주시	송촌리 (동일 리내 대체/ 토지이용 변경)	127.320950	37.565947	대파
G-24-01-18-001	하남시	미사동 (동일 동내 대체/ 토지이용 변경)	127.211333	37.567310	상추
G-24-01-19-002	용인시처인구	유운리	127.228084	37.294566	비타민
G-24-01-20-001	파주시	사목리	126.755925	37.870201	참외
G-24-01-21-001	이천시	모전리 (동일 리내 대체/ 폐농)	127.466704	37.341075	-
G-24-01-22-001	안성시	진촌리	127.181829	36.967561	오이
G-24-01-23-001	김포시	후평리 (동일 리내 대체/ 토지이용 변경)	126.655098	37.740024	시금치, 열무
G-24-01-24-001	양주시	가업리 (인근 리로 대체/ 토지이용 변경)	126.968841	37.798685	오이
G-24-01-24-003	양주시	오산리	126.979575	37.797998	오이
G-24-01-25-001	여주시	이포리 (동일 리내 대체/ 토지이용 변경)	127.531354	37.384435	호박
G-24-01-26-001	화성시	청요리	126.895492	37.202084	고추
G-24-01-27-001	광주시	서하리	127.311579	37.436003	아욱
G-24-01-27-012	광주시	서하리	127.303564	37.441775	토마토
G-24-01-29-001	포천시	금주리	127.239477	37.985761	상추
G-24-01-31-001	양평군	덕수리 (동일 리내 대체/ 폐농)	127.672598	37.545121	얼갈이, 청경채

3. 결과 및 고찰

가. 경기도 농경지별 토양미생물 종 풍부도, 다양성, 균등도

세균 군집의 경우 풍부도 지수인 Chao와 ACE가 과수원과 밭에서 다른 토지 이용 형태에 비해 높게 나타났고, 시설재배지가 가장 낮은 값을 나타내었다(표 6). 전국 단위로 보았을 때도 시설재배지가 가장 낮은 경향을 보였는데 이는 반복적인 작물 재배, 제한된 유기물 투입 등으로 군집의 종 풍부도가 낮아졌음을 보여주며(Liao *et al.*, 2018) 다른 화학성 지표들과 상관분석이 필요할 것으로 생각된다. 다양성 지수인 Shannon과 Inverse Simpson도 밭과 과수원에서 높게 나타나 상대적으로 다양한 미생물 종이 풍부하게 분포하고 있음을 보여준다. 25년의 밭토양은 21년의 밭토양에 비해 종 다양성 지수가 다소 감소하였으며 풍부도 지수와 유사하게 시설재배지에서 가장 낮게 나타났다. 균등도 지수(Shannon Evenness, Simpson Evenness)는 논에서 가장 높아 특정 종이 과도하게 우점하지 않고 균등하게 분포하는 것으로 판단된다.

표 6. 농경지별 토양 세균 종 풍부도 추정치, 다양성 지수, 균등도 지수

연도 및 농경지 종류	다양성 지표	종 풍부도 추정치		종 다양성 지수		종 균등도 지수	
		Chao	Ace	Shannon	Invsimpson	Simpson E	Shannon E
21년 밭 세균	경기	4,770 ¹⁾ (2,435-5,839)	4,796 (2,385-5,875)	6.8 (6.0-7.1)	283.4 (747-4216)	0.078 (0.022-0.115)	0.830 (0.757-0.855)
	전국	4,725 ²⁾	4,879	6.5	211.3	0.058	0.804
25년 밭 세균	경기	4,272 (405-5,903)	4,529 (407-6,309)	6.5 (4.7-7.1)	186.1 (357-3782)	0.057 (0.011-0.110)	0.813 (0.733-0.854)
	전국	4,299	4,540	6.4	179.6	0.052	0.792
22년 과수원 세균	경기	4,981 (2,993-5,791)	5,425 (3,049-6,998)	6.9 (6.2-7.2)	280.6 (1,390-4,369)	0.082 (0.054-0.116)	0.846 (0.794-0.872)
	전국	4,429	4,760	6.6	222.5	0.074	0.831
23년 논 세균	경기	3,406 (109-4,784)	4,380 (110-6,338)	6.4 (3.9-6.9)	221.9 (270-3912)	0.106 (0.054-0.273)	0.850 (0.720-0.879)
	전국	4,037	5,132	6.8	273.0	0.109	0.865
24년 시설재배지 세균	경기	2,948 (574-3,810)	3,121 (584-4,016)	6.0 (3.9-6.5)	106.3 (167-2174)	0.047 (0.015-0.091)	0.780 (0.616-0.840)
	전국	3,059	3,256	5.9	95.0	0.040	0.765

¹⁾평균(최소-최대값)

²⁾평균값(전국: 경기, 강원, 충북, 충남, 전북, 전남, 경북, 경남, 제주)



진균 군집은 세균 군집과 다른 경향을 보였다. 논과 과수원의 풍부도, 다양성 지수가 다른 토지 이용 형태에 비해 높았으며 발은 상대적으로 낮았다(표 7). 논과 같은 담수(협기성) 토양은 유기물 분해 속도가 호기성 토양보다 느리며 수년간 주기적인 침수와 유기물 축적이 다양한 진균 생육에 유리한 환경을 제공했을 것으로 보인다(Sahrawat, K L, 2004; Rubin *et al.*, 2021). 밭과 시설재배지 진균의 종 풍부도와 다양성이 상대적으로 낮았으며, Fan 등(2024)은 재배 작물의 변형과 지속적인 파종이 토양 세균 구성 변화와 다양성 억제에 이어졌다고 보고한 바 있다. 이러한 결과는 토지 이용 형태가 미생물 군집의 다양성에 영향을 미치는 것을 나타내며 미생물 생태계의 기능 안정성과 토양 생태 건강성을 평가하는 데 있어 중요한 정보로 활용될 수 있다(Lee SA *et al.*, 2020)

표 7. 농경지별 토양 진균 종 풍부도 추정치, 다양성 지수, 균등도 지수

연도및농경지종류	다양성 지표	종 풍부도 추정치		종 다양성 지수		종 균등도 지수	
		Chao	Ace	Shannon	Invsimpson	Simpson E	Shannon E
21년 밭 진균	경기	308 (77-496)	309 (78-497)	3.7 (3.0-4.2)	16.8 (6.4-31.6)	0.060 (0.017-0.194)	0.646 (0.501-0.763)
	전국	430	427	3.6	16.6	0.043	0.607
22년 과수원 진균	경기	905 (441-1,154)	940 (436-1,216)	4.2 (3.1-5.0)	24.5 (6.1-49.9)	0.035 (0.013-0.078)	0.650 (0.498-0.736)
	전국	839	875	4.0	22.8	0.037	0.630
23년 논 진균	경기	948 (114-1,351)	954 (115-1,336)	4.3 (2.9-5.1)	22.8 (3.3-54.9)	0.042 (0.004-0.419)	0.649 (0.441-0.892)
	전국	1,061	1,076	4.3	21.1	0.029	0.633
24년 시설재배지 진균	경기	648 (21-907)	726 (21-1,199)	3.5 (2.1-4.6)	14.8 (2.6-39.6)	0.047 (0.008-0.434)	0.579 (0.370-0.805)
	전국	654	709	3.5	15.4	0.033	0.574

나. 농경지별 토양미생물 군집 구조

세균 군집에서는 모든 토지 이용 형태에서 *Pseudomonadota* (구 *Proteobacteria*)가 24.8-36.2%의 비율로 가장 우점하는 분류군으로 나타났으며 이 외 분류군의 비율은 농경지별로 다르게 나타났다(그림 1-2). *Pseudomonadota*는 토양, 수역 등 거의 모든 환경에서 발견되는 분류군으로 다양한 토양 환경에 적응할 수 있는 생리·생태적 특성을 지니고 있음을 보여준다. 유전자 라이브러리에서 토양 세균 분류군을 식별한 연구에 따르면 *Proteobacteria*와 *Acidobacteria*는 전 세계 토양에서 가장 풍부한 세균으로, 각각 토양 세균 군집에서 유래한 라이브러리의 평균 39% 및 20%를 차지한다고 보

고되었다(Janssen, 2006). 2021년과 2025년 발토양의 균집 분포를 비교해보면 25년에는 *Pseudomonadota*와 *Acidobacteriota*의 비율이 각각 36.2%에서 27.8% 및 26.9%에서 12.3%로 감소하고 *Bacillota* (구 *Firmicutes*)와 *Actinomycetota*가 각각 6.1%에서 11.9% 및 8.5%에서 18.3%로 증가하였다. *Bacillota*는 시설재배지에서 가장 높은 비율을 나타내었으며 이 분류군에 속하는 대표 속인 *Bacillus*는 다양한 분해 효소를 생산하고 내생포자를 형성함으로써 고온, 건조, 영양 결핍 등 극한 환경에서도 생존할 수 있고 토양 병원균 억제 및 작물 생육 촉진(PGPR) 기능을 하는 것으로 알려져 있다(Mahapatra *et al.*, 2022). 과수원 토양에서는 *Actinomycetota*, *Acidobacteriota*도 많이 분포하고 있었고 특히 논토양에서는 다른 토지 이용 형태와 다르게 *Chloroflexota*가 17.8%를 차지하였다. *Chloroflexota*는 잘 알려진 혐기성 균으로 논토양이 담수 환경이기 때문에 분포도가 높은 것으로 판단되며, 최근 연구에 따르면 이 균은 하수 처리 및 공장 폐수 정화 과정에서 많이 발견되고 있어 토양 건전성에 미치는 역할을 분석할 필요가 있다. 세균 균집은 기능적·계통학적 다양성이 복합적으로 구성되어 있으며 우점 분류군뿐만 아니라 다양한 비우점 분류군에 대해서도 활발하게 연구되고 있다(Bergmann *et al.*, 2011; DeBruyn *et al.*, 2011).

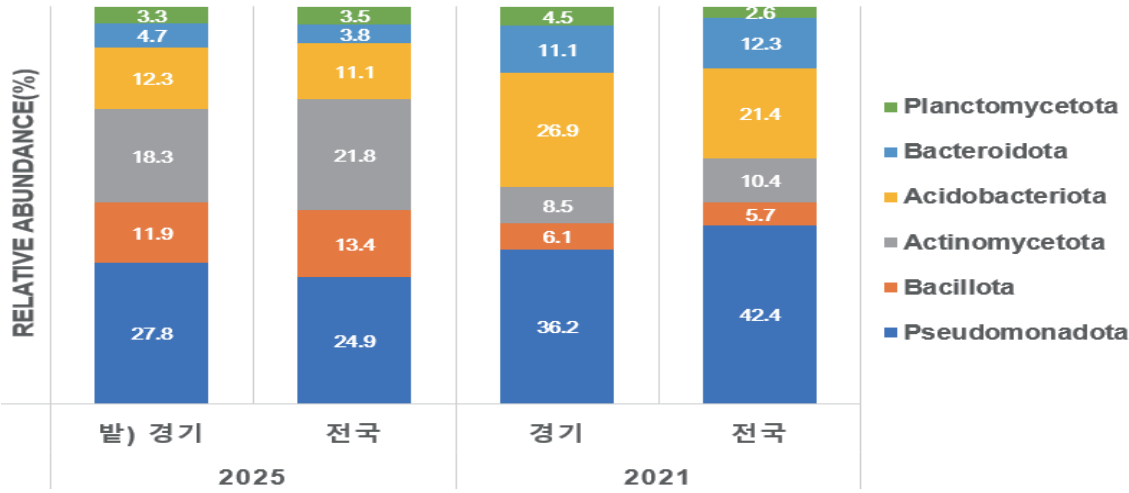


그림 1. 2021년과 2025년 발토양 세균의 균집 구조

진균 균집에서는 *Ascomycota*, *Mortierellomycota*, *Basidiomycota*가 주요 분류군으로 나타났다(그림 3). *Ascomycota*는 모든 농경지에서 가장 높은 비율(34.0-69.3%)로 나타나 다양한 토양 환경에서 지배적인 진균군으로 보인다. *Ascomycota*는 균계에서 가장 큰 분류군으로 대표적인 *Aspergillus* 속은 리그닌, 셀룰로오스 등의 복합 유기물을 분



해하고, 병원균 억제 및 유기물 순환에 기여하는 것으로 보고된다(Ferrari *et al.*, 2021). *Mortierellomycota*는 밭과 시설재배지에서 *Ascomycota* 다음으로 높은 비율로 나타났다. 이 분류군에 속하는 *Mortierella* 속은 식물 뿌리와의 상호작용을 통해 인산과 질소 가용성을 높이고, 토양 내 유기탄소 축적과 같은 기능을 수행하는 것으로 알려져 있다(Ozimek and Hanaka, 2021). *Basidiomycota*는 논토양에서 특이적으로 높은 비율로 나타났는데 주로 목재 유기물(셀룰로오스 등) 분해에 관여하는 것으로 보인다(Li *et al.*, 2022b). 진균 군집 또한 토양 수분, 경작 방식 등에 따라 군집 구조와 기능이 달라질 수 있음을 보여준다.

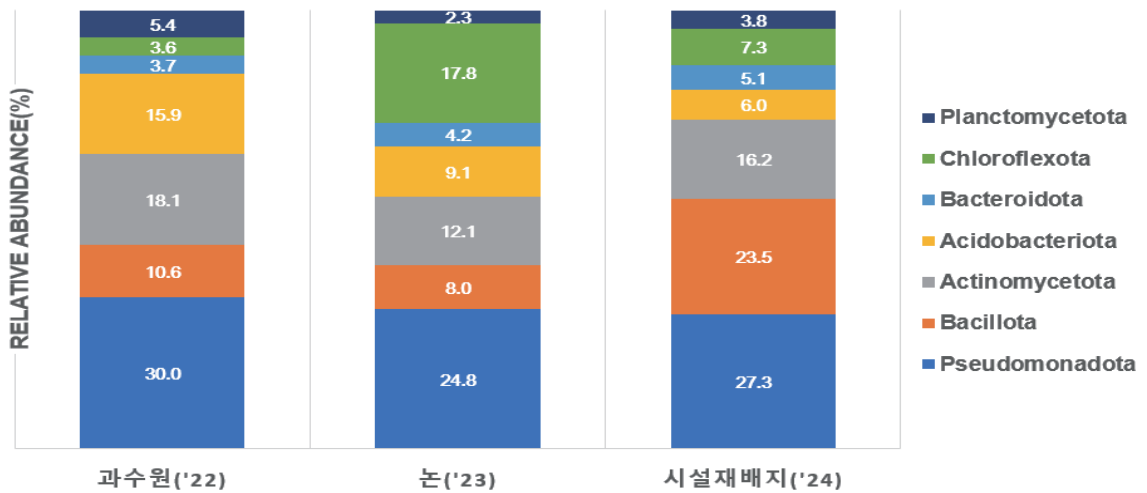


그림 2. 경기도 과수원, 논, 시설재배토양 세균의 군집 구조

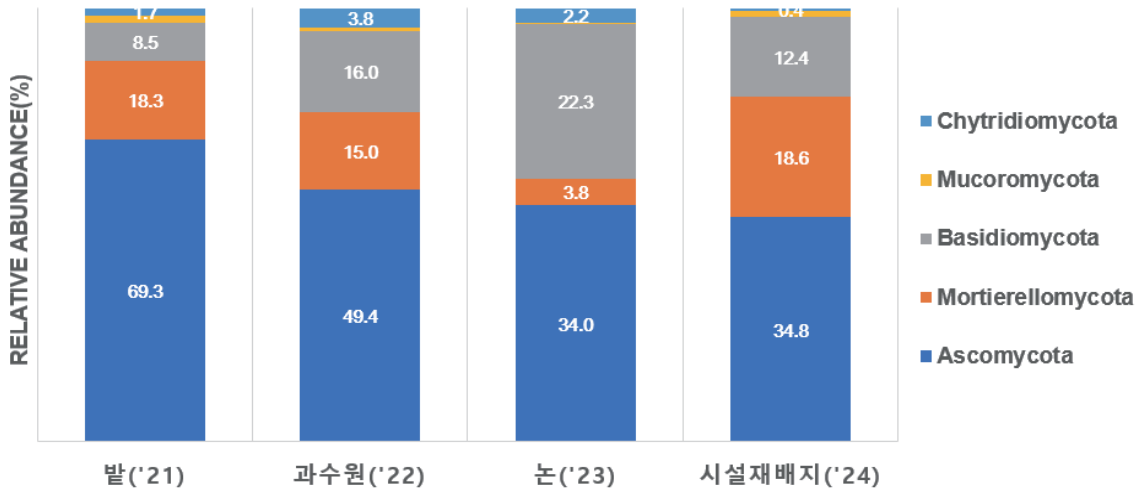


그림 3. 경기도 농경지별 토양 진균의 균집 구조

다. 농경지별 토양 유전자량 및 탈수소효소 활성

토양미생물의 전반적인 유전체 양을 파악하기 위해 정량분석(qPCR)을 수행한 결과를 그림 4에 나타내었다. 세균 유전자(16s rRNA)의 qPCR 분석 결과, 2021년 밭토양은 다른 지역들과 비교했을 때 전반적으로 낮은 경향을 보인 반면, 2025년 밭토양은 대체로 지역간 큰 차이가 없었다. 과수원 토양에서는 다른 지역들에 비해 다소 높게 나타났다. 보통 기온이 높으면 미생물의 양이 높게 나타나는데 대상 지점이 과수 재배 토양이라는 점을 감안할 때, 기온이 비교적 낮은 지역에서는 유기물의 분해속도가 느려 토양 유기물이 더욱 축적될 수 있으며 이러한 환경이 세균 균집의 서식과 유지에 유리하게 작용했을 것으로 보인다. 논토양의 미생물 유전체 양은 전국에서 가장 높게 나타났고, 시설재배지 토양에서도 상대적으로 높은 경향을 보였지만 지점 간 편차가 크게 나타났다. 진균 유전자 분석 결과 또한 세균과 유사한 결과를 나타내었다.

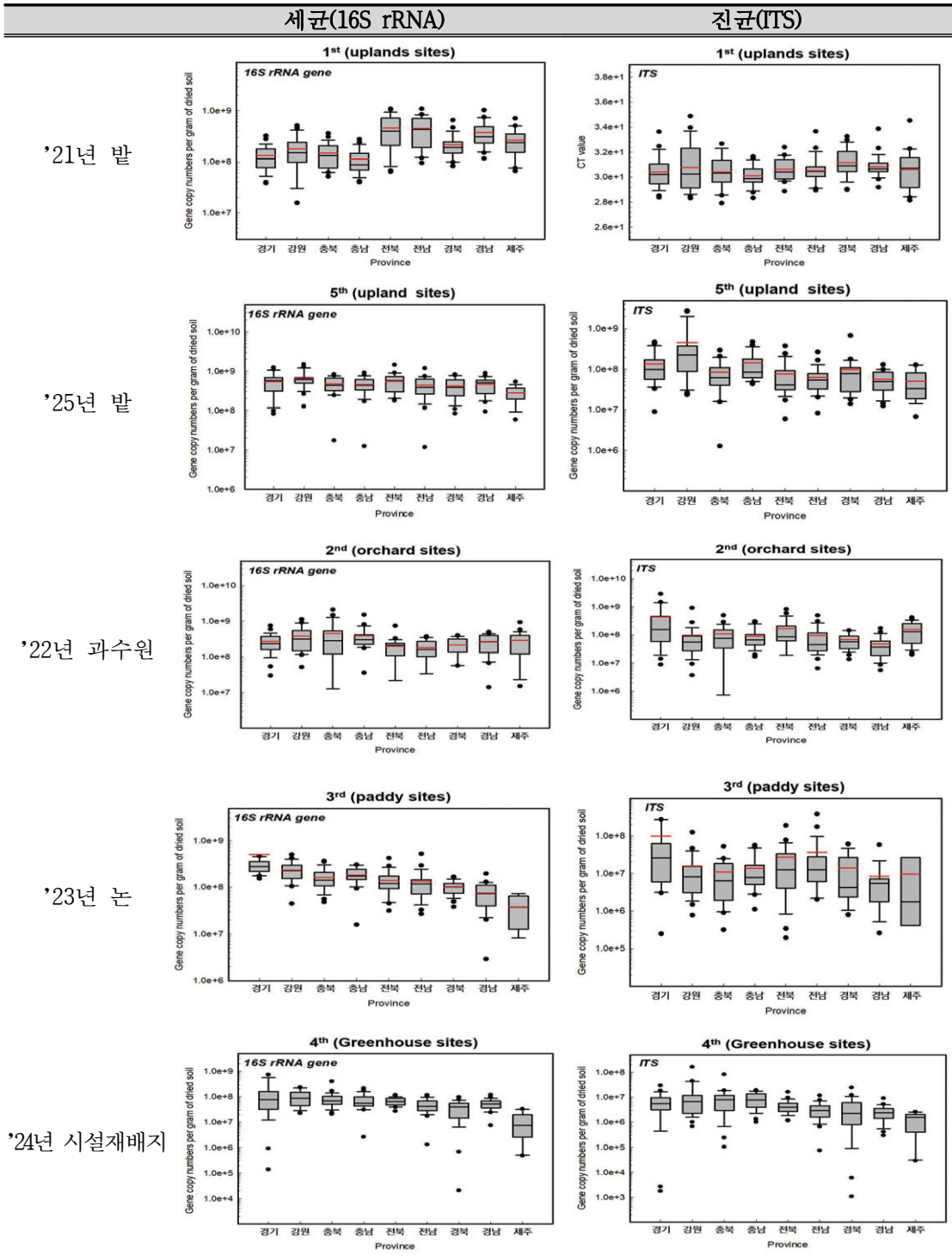


그림 4. 농경지별 토양 유전자량

토양 탈수소효소 활성은 토양미생물이 호흡을 통해 에너지를 생성하는 과정에서 나타나는 효소 활성으로 수치가 높을수록 분해, 호흡 등 미생물 대사가 활발하고 토양 건전성이 높은 것으로 해석된다. 경기도 농경지별 토양 탈수소효소 활성을 표 8에 나타내었다. 과수원과 시설재배지 토양의 탈수소효소 활성이 전국 평균보다 높게 나타났고, 특히 2021년의 밭토양은 전국 평균보다 낮았지만 2025년에는 전국 평균을 상회하였는데 이는 일부 지점의 값이 특이적으로 높게 나타났기 때문인 것으로 판단되며 해당 지점에 대해 추가 분석이 필요할 것으로 보인다.

표 8. 농경지별 토양 탈수소효소 활성 (µg TPF g⁻¹ soil day⁻¹)

	21년 밭	25년 밭	22년 과수원	23년 논	24년 시설재배지
경기	27.9 (9.8-94.4)	35.1 (0.7-181.5)	77.5 (15.1-255.9)	83.4 (19.4-216.7)	92.8 (21.1-221.6)
전국	32.3	33.8	52.3	126.0	86.1

라. 농경지별 토양미생물 질소순환 관련 유전자량

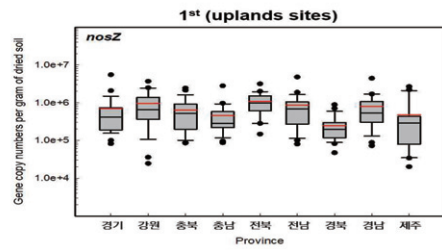
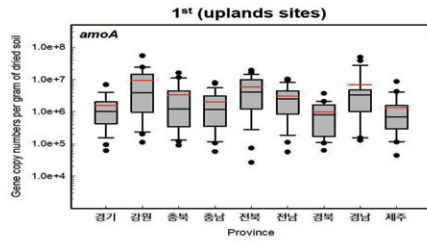
밭토양의 암모니아 산화균 관련 유전자(*amoA*)와 아산화질소 환원균 유전자(*nosZ*)의 경우 다른 지역과 뚜렷한 차이는 관찰되지 않았으며, 전반적인 변동 폭 또한 크지 않은 것으로 보인다(그림 5). 과수원 토양의 아산화질소 환원균 유전자(*nosZ*)는 상대적으로 낮은 유전자 수가 관찰되었다. 논토양의 암모니아 산화균 유전자(*amoA*)는 전국에서 가장 높은 수준을 보였고, 시설재배지의 암모니아 산화균 유전자(*amoA*)는 작물의 종류 및 질소 시비량에 따라 차이가 있는 것으로 추정되며 아산화질소 환원균 유전자(*nosZ*)는 다른 지역과 뚜렷한 차이를 보이지 않았다. 절대적인 유전자 수를 단순 비교하는 데는 한계가 존재하지만 기후 요인, 작목에 따른 재배환경 차이, 토양 관리 방식 등이 영향을 미치는 것으로 판단된다.



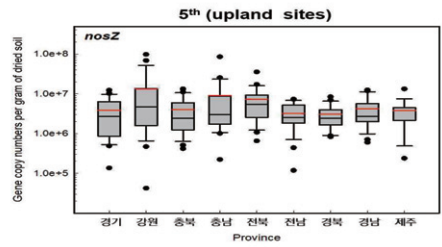
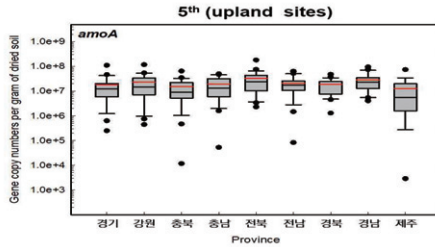
암모니아 산화균 유전자(*amoA*)

아산화질소 환원균 유전자(*nosZ*)

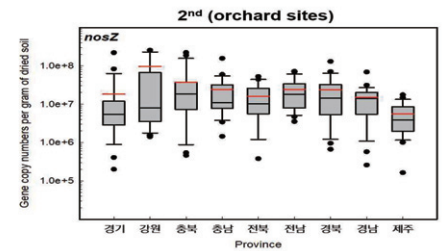
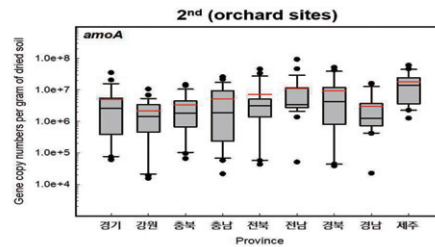
'21년 밭



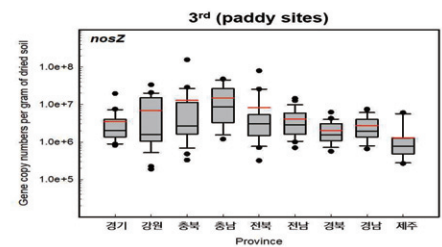
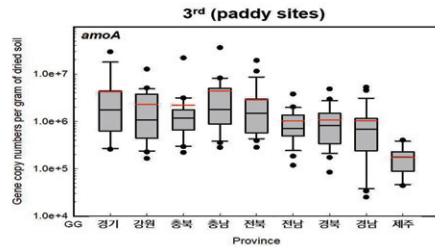
'25년 밭



'22년 과수원



'23년 논



'24년 시설재배지

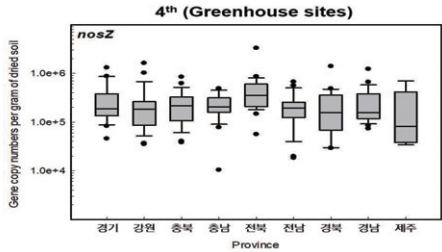
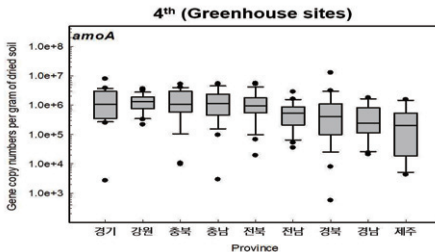


그림 5. 질소순환 관련 유전자(*amoA*, *nosZ*)량

마. 유해미생물 관련 분류군 분석

다른 토지 이용 방식과 달리 재배 작물이 동일한 논토양을 대상으로 유해미생물과 관련이 있는 분류군의 지점별 OTU (Operational Taxonomic Unit) 수를 분석하였다(표 9). 대장균군 주요 속인 *Citrobacter*, *Enterobacter*, *Hafnia*, *Klebsiella*, *Escherichia*이 포함된 *Gammaproteobacteria* 강 수준의 분포는 조사 지점에 따라 0-511 OTU 수를 나타내었다. 벼 주요 병해인 잎집무늬마름병의 *Thanatephorus* 속은 0-61 OTU 수, 갈색잎마름병의 *Microdochium* 속은 0-35, 깨씨무늬병의 *Bipolaris* 속은 0-13, 키다리병의 *Gibberella* 속은 0-583, 갈색균핵병의 *Rhizoctonia* 속은 0-5로 조사되었다.

표 9. 논토양의 유해미생물(대장균군, 식물병원성균) 속(genus) 수준 분포 (OTU 수)

지점	<i>Gamma-proteobacteria</i>	<i>Thanatephorus</i> (잎집무늬마름병)	<i>Microdochium</i> (갈색잎마름병)	<i>Bipolaris</i> (깨씨무늬병)	<i>Gibberella</i> (키다리병)	<i>Rhizoctonia</i> (갈색균핵병)
23001	20	9	0	0	106	5
23002	70	0	0	0	0	0
23003	48	61	0	0	583	0
23004	57	0	0	0	0	0
23005	511	32	0	0	41	5
23006	18	0	0	0	236	0
23007	90	20	0	0	11	0
23008	12	5	0	0	7	1
23009	53	3	0	0	42	0
23010	37	0	0	0	31	0
23011	39	0	24	0	12	0
23012	37	0	1	0	71	0
23013	25	0	0	0	11	0
23014	27	0	35	0	199	0
23015	9	3	0	0	0	5
23016	26	0	0	0	2	4
23017	235	0	0	0	43	0
23018	45	14	0	0	0	0
23019	0	0	0	0	4	0
23020	23	5	0	0	30	2
23021	22	2	0	0	0	5
23022	32	0	0	0	0	0
23023	0	9	0	13	0	0
23024	54	0	0	0	29	0
23025	31	0	0	0	15	1

4. 적 요

본 연구는 농업환경 변동조사 사업의 일환으로 경기도 내 대표적인 농경지 이용 형태(밭, 과수원, 논, 시설재배)를 대상으로 2021년부터 2025년까지 비근권토양 세균과 진균 군집의 다양성과 구조적 차이를 종합적으로 분석하고자 수행하였으며 그 결과는 다음과 같다.

- 가. 농경지별 토양미생물 중 풍부도, 다양성, 균등도 분석 결과, 세균 군집의 경우 풍부도 지수인 Chao와 ACE가 과수원과 밭에서 다른 토지 이용 형태에 비해 높게 나타났고, 시설재배지가 가장 낮은 값을 나타내었다. 다양성 지수인 Shannon과 Inverse Simpson도 밭과 과수원에서 높게 나타나 상대적으로 다양한 미생물 종이 풍부하게 분포하고 있음을 보여준다. 균등도 지수(Shannon Evenness, Simpson Evenness)는 논에서 가장 높아 특정 종이 과도하게 우점하지 않고 균등하게 분포하는 것으로 판단된다.
- 나. 토양미생물 군집 구조 분석 결과, 세균 군집에서는 모든 토지 이용 형태에서 *Pseudomonadota* (구 *Proteobacteria*)가 24.8-36.2%의 비율로 가장 우점하는 분류군으로 나타났으며 이 외 분류군의 비율은 농경지별로 다르게 나타났다. 2021년과 2025년 밭토양의 군집 분포를 비교해보면 25년에는 *Pseudomonadota*와 *Acidobacteriota*의 비율이 각각 36.2%에서 27.8% 및 26.9%에서 12.3%로 감소하고 *Bacillota* (구 *Firmicutes*)와 *Actinomycetota*가 각각 6.1%에서 11.9% 및 8.5%에서 18.3%로 증가하였다. *Bacillota*는 시설재배지에서 가장 높은 비율을 나타내었고 과수원 토양에서는 *Actinomycetota*, *Acidobacteriota*도 많이 분포하고 있었으며, 논토양에서는 혐기성 균인 *Chloroflexota*가 17.8%를 차지하였다. 진균 군집에서는 *Ascomycota*, *Mortierellomycota*, *Basidiomycota*가 주요 분류군으로 나타났다. *Ascomycota*는 모든 농경지에서 가장 높은 비율(34.0-69.3%)로 나타나 다양한 토양 환경에서 지배적인 진균군으로 보이며 *Mortierellomycota*는 밭과 시설재배지에서 *Ascomycota* 다음으로 높은 비율로 나타났고 *Basidiomycota*는 논토양에서 특이적으로 높은 비율로 나타났다.
- 다. 토양미생물 유전자량(16s rRNA, ITS) 분석 결과, 2021년 밭토양은 다른 지역들과 비교했을 때 전반적으로 낮은 경향을 보인 반면, 2025년 밭토양은 대체로 지역 간 큰 차이가 없었다. 과수원 토양에서는 다른 지역들에 비해 다소 높게 나타났다. 논토양의 미생물 유전체 양은 전국에서 가장 높게 나타났고, 시설재배지 토양에서도 상대적으로 높은 경향을 보였지만 지점 간 편차가 크게 나타났다. 탈수소효소 활성은 과수원과 시설재배지 토양이 전국 평균보다 높게 나타났다.

- 라. 토양미생물 질소순환 관련 유전자량 분석 결과, 밭토양의 암모니아 산화균 관련 유전자(*amoA*)와 아산화질소 환원균 유전자(*nosZ*)의 경우 다른 지역과 뚜렷한 차이는 관찰되지 않았다. 과수원 토양의 아산화질소 환원균 유전자(*nosZ*)는 상대적으로 낮은 유전자 수가 관찰되었다. 논토양의 암모니아 산화균 유전자(*amoA*)는 전국에서 가장 높은 수준을 보였고, 시설재배지의 암모니아 산화균 유전자(*amoA*)는 작물의 종류 및 질소 시비량에 따라 차이가 있는 것으로 추정되며 아산화질소 환원균 유전자(*nosZ*)는 다른 지역과 뚜렷한 차이를 보이지 않았다.
- 마. 논토양을 대상으로 유해미생물과 관련이 있는 분류군의 지점별 OTU (Operational Taxonomic Unit) 수를 분석한 결과, 대장균군 주요 속인 *Citrobacter*, *Enterobacter*, *Hafnia*, *Klebsiella*, *Escherichia*이 포함된 *Gammaproteobacteria* 강 수준의 분포는 조사 지점에 따라 0-511 OTU 수를 나타내었다. 벼 주요 병해인 잎집무늬마름병의 *Thanatephorus* 속은 0-61 OTU 수, 갈색잎마름병의 *Microdochium* 속은 0-35, 깨씨무늬병의 *Bipolaris* 속은 0-13, 키다리병의 *Gibberella* 속은 0-583, 갈색균핵병의 *Rhizoctonia* 속은 0-5로 조사되었다.

5. 참고문헌

- Bergmann GT, Bates ST, Eilers KG, Lauber CL, Caporaso JG, Walters WA, Knight R, Fierer N. 2011. The under-recognized dominance of verrucomicrobia in soil bacterial communities. *Soil Biol. Biochem.* 43: 1450-1455.
- DeBruyn JM, Nixon LT, Fawaz MN, Johnson AM, Radosevich M. 2011. Global biogeography and quantitative seasonal dynamics of gemmatimonadetes in soil. *Appl. Environ. Microbiol.* 77: 6295-6300.
- Do-Hyun Kim, Ji Yong Moon, Soo Young Hong, Hyeonmo Ahn, Yeo Wook Yoon, Hyo Jin Kim, So Youn Lee, Ji Won Kim, Eun-heui Han, Sang Yoon Kim, Eunjin Lee, Hang-Yeon Weon, and Ho-Jong Ju. 2023. *Korean J. Soil Sci. Fert.* 56(4): 449-462.
- Fan Y, Jia Y, Zhang X, Geng G, Liu R, Shen L, Hu J, Hao X. 2024. Conversion to greenhouse cultivation from continuous corn production decreases soil bacterial diversity and alters community structure. *Agronomy* 14: 2144.
- Ferrari R, Gautier V, Silar P. 2021. Lignin degradation by ascomycetes. pp. 77-113. In: *Advances in Botanical Research: Wood Degradation and Ligninolytic Fungi*, Volume 99. Elsevier B.V., Amsterdam, Netherlands.
- Janssen PH. 2006. Identifying the dominant soil bacterial taxa in libraries of 16S rR

- NA and 16S rRNA genes. *Appl. Environ. Microbiol.* 72: 1719-1728.
- Jeung-Woo Ko1, Ji Won Kim, Hyong-Rack Sohn, San-Yeong Kim, Jung-Gi Ryu. 2025. *Korean J. Soil Sci. Fert.* 58(3): 357-368.
- Lee SA, Kim JM, Kim Y, Joa JH, Kang SS, Ahn JH, Kim M, Song J, Weon HY. 2020. Different types of agricultural land use drive distinct soil bacterial communities. *Scientific Reports* 10: 17418.
- Liao J, Liang Y, Huang D. 2018. Organic farming improves soil microbial abundance and diversity under greenhouse condition: A case study in Shanghai (Eastern China). *Sustainability* 10: 3825.
- Li T, Cui L, Song X, Cui X, Wei Y, Tang L, Mu Y, Xu Z. 2022b. Wood decay fungi: an analysis of worldwide research. *J. soils sediments* 22:1688-1702.
- Mahapatra S, Yadav R, Ramakrishna W. 2022. *Bacillus subtilis* impact on plant growth, soil health and environment: Dr. Jekyll and Mr. Hyde. *J. Appl. Microbiol.* 132: 3543-3562.
- Ozimek E, Hanaka A. 2021. *Mortierella* species as the plant growth-promoting fungi present in the agricultural soils. *Agriculture* 11:7.
- Rubin RL, Ballantine KA, Hegberg A, Andras JP. 2021. Flooding and ecological restoration promote wetland microbial communities and soil functions on former cranberry farmland. *PLOS ONE* 16:e0260933.
- Sahrawat KL. 2004. Organic matter accumulation in submerged soils. *Adv. Agron.* 81: 169-201.

6. 연구결과 활용제목

- Measuring diversity of soil microorganism in upland fields of Gyeonggi province(학술발표, 2022년)
- 경기지역 과수원토양의 미생물 군집 다양성 조사(학술발표, 2023년)
- 경기도 논 토양미생물 분포(영농활용, 2024년)
- 경기도 과수원 토양미생물 분포(영농활용, 2024년)
- 경기도 시설재배지 토양미생물 분포(영농활용, 2024년)
- 경기도 밭토양 미생물 분포(영농활용, 2025년)

7. 연구원 편성

세부과제	구분	소속	직급	성명	수행업무	참여년도				
						'21	'22	'23	'24	'25
경기지역 농경지 토양미생물 변동조사	책임자	친환경미생물 연구소	농업연구사	문지영	세부과제 총괄	○	○	○	○	○
	공동연구자	〃	농업연구관	전명희	자료수집	-	-	-	-	○
	〃	〃	농업연구사	이영수	데이터 분석	-	-	-	-	○
	〃	〃	농업연구사	신민우	생육조사	○	○	○	○	○
	〃	〃	농업연구사	남주희	토양채취	○	○	○	○	○
	〃	〃	농업연구관	최병열	연구자문	-	-	-	○	○