Escherichia coli Genotype을 이용한 생물학적 Critical Control Point의 적합성 평가

김학재 · 한태욱 · 정지현¹ · 박경진² · 홍종해*

강원대학교 수의학과, ¹서울시보건환경연구원, ²군산대학교 생활과학부 식품영양전공

Evaluation of Biological Critical Control Points Using *Escherichia coli* Genotyping

Hak-Jae Kim, Tae-Wook Hahn, Ji-Hun Juong¹, Gyung-Jin Bahk², Chong-Hae Hong*

School of Veterinary Medicine and Institute of Veterinary Science,
Kangwon National University, Chunchon 200-701, Korea

¹Seoul Metropolitan Government Research Institute of Public Health and Environment, Kwachon 100-744, Korea

²Department of Food and Nutrition, School of Human Ecology, Kunsan National University, Gunsan 573-701, Korea

Abstract

This study was performed to evaluate the effectiveness of biological critical control points using the genetic profile of *Escherichia coli* isolates from pork cutting plants. Samples were collected from carcasses, equipment (knife, table, glove, transport belt, boning and skinning machine), the environment (wall and floor), and meat cuts during the cutting process from two plants. Pulsed-field gel electrophoresis (PFGE) was used to characterize the *E. coli* isolates. An identical genotype was detected from the carcasses, equipment, environment, and final meat cuts, and showed that the incoming carcasses, which were contaminated during transportation from slaughterhouses, were a major source of *E. coli* that was spread throughout processing. Also, consistent cross-contamination due to improper cleaning and disinfection procedures was another possibility. As a result, incoming carcasses and cleaning procedures should be considered critical control points in pork cutting plants, since a heating step is not used to inactivate microorganisms. Furthermore, the high rate (59.6%) of *E. coli* isolation indicates *E. coli* can be a good indicator in livestock processing plants even though it has genetic diversity.

Key words : critical control point, *E. coli*, pork cutting plant, pulsed-field gel electrophoresis, genotype

서 론

Hazard Analysis and Critical Control Point(HACCP)는 위해분석을 실시하고 Critical Control Point(CCP)를 설정하여 관리함으로써 제품의 안전성을 확보하는 식품위생관리방법이다. 위해분석이 제대로 수행되지 못하여 CCP 설정이 잘못되면 작업장의 위해요소 통제는 효과적으로 이루어지지 못하므로 위해분석은 HACCP의 근간이 되는 매우 중요한 과정이다(Pierson and Corlett, 1992).

위해분석은 원료입고에서 제품출하에 이르는 전 공정에 존재하는 모든 위해요인에 대한 위해성을 평가하는 것으

로, 위해분석이 제대로 이루어지려면 위해의 발생 가능성과 건강피해의 심각성 분석에 요구되는 자료가 뒷받침되어야 한다. 공정상의 모니터링 결과, 소비자 클레임 자료, 생산제품과 관련된 식중독 발생 역학조사 자료, 전문학회지 및 전문서적 등이 이러한 자료의 출처이다(축산물위해요소중점관리기준원, 2009). 그러나 작업장별 생산조건이 다양하므로 가장 신뢰할 수 있는 자료는 공정상의 모니터링 결과와 소비자 클레임 원인조사와 같은 현장분석 자료이다. 특히 오염미생물은 작업환경조건에 따라서 소멸과 증식의 변화가 역동적으로 일어나므로, 공정진행에 따른 오염 특성을 실험적으로 파악한다면 생물학적 CCP 설정의 과학적인 근거를 제시할 수 있어 HACCP 운영의 신뢰성을 높일 수 있다.

비록 HACCP 원칙에 준하여 위해분석이 이루어지고 CCP가 설정되지만, 대부분의 중소규모 작업장에서는

*Corresponding author : Chong-Hae Hong, School of Veterinary Medicine and Institute of Veterinary Science, Kangwon National University, Chunchon 200-701, Korea. Tel: 82-33-250-8658, Fax: 82-33-244-2367, E-mail: hongch@kangwon.ac.kr

HACCP 준비과정에서 공정상의 오염미생물 변화에 대한 실험적 분석이 생략되거나 혹은 일반적인 위생수준 확인에 그치고 있어 공정에서 발생하는 오염의 실제 파악이 정확하지 못한 경우가 많다(김, 2001). 근래 들어 작업장의 미생물 오염 추적에 분자생물학적 기법이 적용되고 있는데, 기존의 혈청학적 세균분류로는 작업공정에서 검출된 특정 위해 미생물 strain 상호간의 연관성 파악이 어렵고 오염원 규명에 필요한 수준의 분류가 안 되어 오염원 추적이 어렵기 때문이다. 역학적 추적조사에 사용되었던 molecular typing 방법은 strain 상호간의 genetic relation 분석을 가능하게 하여 작업장에서 발생하는 오염특징 및 오염원 추적을 가능하게 한다(Aslam *et al.*, 2003, 2004; Warriner *et al.*, 2002; 홍, 2005). 이러한 분자생물학적 분석기법은 특히 생물학적 위해요인 통제가 강조되어야 하는 축산물작업장의 위해분석에 보다 정확한 자료를 제공해 주므로, HACCP 준비단계의 업체와 HACCP 평가기관에서 HACCP 평가의 실험적 방법으로 활용 가능할 것이다.

본 연구는 축산물가공장 작업환경에 설정된 생물학적 CCP의 유효성 평가에 molecular typing의 활용 가능성을 확인하기 위하여, 원료도체 입고에서 포장에 이르는 전 공정에서 *Escherichia coli*를 검출하고 genetic diversity를 분석하여 공정상의 오염 흐름을 추적함으로써 설정된 CCP의 적합성을 평가하였다.

재료 및 방법

실험대상 지표균의 선택

본 연구에서는 *E. coli*를 실험대상 세균으로 선택하였는데, 그 배경은 (1) 환경에 편재되어 있는 위생지표 세균으로 병원성 세균보다 양적으로 많이 검출되고, 오염빈도 역시 높아 monitoring에 의한 오염원 검출에 적합하며, (2) *E. coli*는 장내위해세균의 오염 혹은 존재 가능성을 알려주는 지표세균으로 인정되므로 위해분석에 의한 CCP 유효성을 평가하는 본 연구 성격에 적합하고(Casarez *et al.*, 2007; Namvar and Warriner, 2006; Warriner *et al.*, 2002), (3) 포장육가공장에서 원료육 오염이 최종육 오염에 미치는 영향의 연관성 규명에 *E. coli*가 유용했다는 연구(Aslam *et al.*, 2004; Warriner *et al.*, 2002)를 참고하였다.

시료채취

시료채취를 위한 작업장은 도축장에서 냉장차량으로 원료육을 공급받는 독립형 소규모 HACCP지정 가공장(100두 처리/일, 작업장 A) 1곳과 축산물종합처리장내 HACCP 지정 가공장(500두 처리/일, 작업장 B) 1곳을 선정하여 2008년 3월부터 2008년 8월까지 각각 2회 이상 방문하여 시료를 채취하였다. 원료도체, 시설 및 장비(발골기, 박피

기, 작업대, 벨트, 칼, 면장갑), 환경(벽, 바닥) 시료는 30 mL의 buffered peptone water(BPW, Oxoid, UK)에 적신 2×2 inch gauze로 각 시료부위 10×10 cm를 swab하여 무균적으로 채취하였다. 돈육시료는 작업공정상에서 발골육, 부분육, 최종육을 각각 25 g씩 채취하였다. 시료는 4°C를 유지하며 4시간 내에 실험실로 운반하였고, 돈육시료는 10배 희석을 위해 225 mL의 BPW를 혼합한 후 stomacher 400(Seward, UK)으로 2분간 균질화하여 실험에 사용하였다.

Escherichia coli 분리 및 동정

균질화된 시료를 희석하여 희석단계별 1 mL씩 대장균용 Petri-film(3M, USA)에 접종한 후 35°C에서 24시간 배양하였다. 배양 후 가스 생성이 있는 푸른색 colony를 선발하여 triptic soy agar(TSA, Difco, USA)에 35°C에서 24시간 순수 배양하였다. 분리균은 PCR primer 16 E1(5'-GGGAGTAAAGTTAATACCTTTGCTC-3'), 16 E2(5'-TTC-CCGAAGGCACATT CT-3'), 16 E3(5'-TTCCCGAAGGCA-CCAATC-3')를 사용하여 PCR로 확인하였다.

Pulsed-Field Gel Electrophoresis(PFGE)

Agarose plug 준비

실험균주를 TSA(Difco, USA)에 24시간 배양시켰으며, molecular weight marker로는 *Salmonella serovar* Braenderup ATCC® BAA-664를 사용하였다. 실험시작에 앞서 멸균된 증류수, plug wash TE(Tris-EDTA) buffer(10mM Tris pH 7.5, 1 mM EDTA pH 7.5)와 1.2% plug용 agarose(Seakem Gold agarose, Cambrex, USA)를 준비하여 55°C 항온수조에 보관하였다. 면봉을 이용하여 평판배지로부터 적당량의 균을 문혀낸 다음 폴리에틸렌 튜브(12×75 mm)에 2-3 mL의 cell suspension TE buffer(100 nM Tris pH 7.5, 100 mM EDTA pH 7.5)를 넣고 여기에 균을 넣어 Vitek colorimeter(bioMerieux, France)를 이용하여 12-15%의 투명도를 조정하여 현탁하였다. 만들어진 균 현탁액 200 µL를 1.5 mL microcentrifuge tube에 옮긴 다음 proteinase K(20 mg/mL, Invitrogen, USA) 10 µL를 넣고 잘 섞어주었다. 균현탁액과 proteinase K가 들어있는 tube에 준비되어 있는 1.2% plug용 agarose mix 200 µL를 tube에 넣고 micropipette으로 천천히 4회 정도 섞은 후, 바로 plug mold(Bio-Rad, USA)에 넣고 4°C에서 5분 정도 굳혔다.

Agarose plug 처리

균은 plug를 꺼내서 ES buffer(0.5M EDTA pH 8.0, 1% sodium-lauroyl-sarcosine) 1.5 mL와 proteinase K(20 mg/mL) 40 µL의 혼합액에 넣어 55°C 진탕 항온수조에서 1시간 동안 반응시켰다. 반응이 끝난 plug를 screen cap(Bio-Rad, USA)에 각각 넣고 cap들을 조립한 다음 PVC 파이프

μL를 넣고 37°C 항온수조에서 1시간 30분 동안 반응시켰다.

PFGE

제한효소 처리가 끝나면 제한효소 반응액을 제거하고, plug 절편이 들어있는 tube에 plug wash TE buffer를 넣어 PFGE에 이용하였다. PFGE용 agarose(Seakem Gold agarose, Cambrex, USA)를 사용하여 1% agarose 용액을 gel 크기에 맞추어 녹인 후 55°C 항온수조에 보관하고, 제한효소 처리가 끝난 plug 절편을 꺼내어서 agarose gel 성형용 comb의 끝 부위에 맞추어 올려놓은 다음 여과지로 주변 물기를 제거하고 상온에서 10분 정도 건조시켰다. 절편 건조가 끝나고 항온수조에 보관하던 1% agarose 용액을 gel 성형틀에 부어서 30분 동안 굳히고 comb을 제거한 후 빈 well에는 남아있는 소량의 1% agarose 용액을 부어서 채웠다. 제작된 gel을 Contour Clamped Homogenous Field (CHEF) DR II electrophoresis system(Bio-Rad, USA)를 이용하여 initial switch time 2.16초, final switch time 54.17초, run time 18시간, gradient 6.0 V/cm, 0.5X TBE buffer 14°C의 조건에서 전기영동하였다. 전기영동이 완료되면 500 mL의 ethidium bromide용액(0.5 μg/mL, Gibco, USA)에 gel을 넣고 30분간 염색하고 증류수를 이용하여 30분씩 3회 탈색시키고, image analyzer로 염색된 band를 확인 후 파일로 저장하였다. PFGE 결과는 BioNumerics software (Core-Bio, Korea)를 이용하여 band pattern을 분석하고 dendrogram을 작성하여 균주간의 관련성을 비교하였다.

결 과

돈육 가공장의 *E. coli* 분리율

돈육 가공장내 작업공정별 돈육과 장비 및 환경에서 *E. coli*를 분리한 결과는 Table 1과 같다. 전체 178건의 시료 중 106건(59.6%)에서 *E. coli*가 분리되었는데, 원료육에서 17건(60.7%), 공정육에서는 21건(75.0%), 최종육에서는 7건(50.0%)이 분리되었다. 공정내 시설 및 장비에서는 56건(66.7%)이 분리되었고, 벽 및 바닥의 작업환경에서는 5

건(20.8%)이 분리되었다.

검출된 *E. coli*의 PFGE genotype 특성

제한효소 *Xba*I을 사용하여 90% similarity를 기준으로 총 106주의 *E. coli*를 분석한 결과 69개의 PFGE genotype이 관찰되었다(Fig. 1, 2). A가공장에서는 63주의 *E. coli*에서 32개의 PFGE genotype이 관찰되었다. Genotype A4에는 12개의 분리주가 속했고, A5에는 11개의 분리주, type A22에는 4개의 분리주, type A31에는 3개의 분리주, type A6, A7, A14, A16, A25에는 각각 2개씩의 분리주가 속했으며, 나머지 type에 각각 1개씩의 분리주가 속했다(Fig. 1). B가공장에서는 43주의 *E. coli*에서 37개의 PFGE genotype이 관찰되었다. Genotype B12, B14, B15, B19, B23, B36에는 각각 2개씩의 분리주가 속했으며, 나머지 type에는 각각 1개씩의 분리주가 관찰되었다(Fig. 2). 두 가공장 사이에는 동일한 PFGE genotype이 보이지 않았다.

작업공정에서의 PFGE genotype의 분포 특성

A가공장의 PFGE genotype 32개와 B가공장 genotype 37개를 작업공정절차에 따라서 분포를 나타낸 결과는 Table 2와 같다. A가공장의 경우 type A4는 원료육, 가공육, 최종육, 장비에서 관찰되었고, type A5, A22는 원료육에서는 관찰되지 않고 가공육, 최종육, 장비, 환경에서 관찰되었다. B가공장의 경우 type B12, B14, B15, B23, B36 등이 공정과정에 산발적으로 분포하였다.

고 찰

본 연구에서 돈육가공장의 *E. coli* 분리율은 59.6%로 이는 Song 등(2004) 및 식품의약품안전청(2006) 보고서의 돼지 도축장에서의 *E. coli* 분리율 74.1%, 54.4%와 크게 차이가 없었다. 도축장에서의 병원성 세균의 분리율로 보고된 *Salmonella* spp. 7.6%(Jung 등, 2007), *Staphylococcus aureus* 27.8%(식약청, 2006), *Listeria monocytogenes* 15.8%(An and Hong, 1998)와 비교해 볼 때 *E. coli*는 높은 분

Table 1. *E. coli* isolates recovered from various sources in pork processing plants

Sampling point ¹⁾	plant A		plant B		Total	
	No. of samples	No. of isolates (%)	No. of samples	No. of isolates (%)	No. of samples	No. of isolates (%)
Carcass	12	10 (83.3)	16	7 (43.8)	28	17 (60.7)
Processing meat	12	11 (91.7)	16	10 (62.5)	28	21 (75.0)
Equipment	34	33 (97.1)	50	23 (46.0)	84	56 (66.7)
Environment	12	3 (25.0)	12	2 (16.7)	24	5 (20.8)
Final meat	6	6 (100.0)	8	1 (12.5)	14	7 (50.0)
Total	76	63 (82.9)	102	43 (42.2)	178	106 (59.6)

¹⁾ meat sample - processing meat (de-boned meat, dressed meat), final meat: swab sample - carcass, equipment (boning machine, skinning machine, working table, transport belt, knives, gloves), environment (floor, wall).

Fig. 1. PFGE genotype (n=32) of *E. coli* isolates (n=63) recovered from various sources in pork processing plant A.

만든 tube에 넣었다. 멸균 증류수를 PVC 파이프에 넣고 55°C 진탕 항온수조에서 15분간 plug를 세척한 후 멸균 증류수를 제거하고 미리 55°C로 준비하여 둔 plug wash

TE buffer를 넣고 55°C 진탕 항온수조에서 30분간 3회 세척하였다. 세척이 끝난 plug를 에탄올로 닦은 면도날을 이용하여 1 mm 두께로 자른 다음, 자른 2개의 절편을 1.5

Fig. 2. PFGE genotype (n=37) of *E. coli* isolates (n=43) recovered from various sources in pork processing plant B.

mL microcentrifuge tube에 넣고 남은 plug는 사용하지 않은 plug wash TE buffer가 들어있는 2 mL microcentrifuge tube에 넣어 4°C에 보관하였다. 1 mm 두께의 plug 절편이

들어있는 1.5 mL microcentrifuge tube에 제한효소 *Xba*I (40 U/μL, Roche, USA) 1 μL, 10X buffer H(Roche, USA) 10 μL, BSA(10 mg/mL, Promega, USA) 1 μL, 멸균 증류수 88

Table 2. Distribution of PFGE genotype of *E. coli* isolated from pork processing plants

Sampling point		Plant A (n=63)	Plant B (n=43)
Carcass		<u>A4</u> , A11, A13, A16, A19, A27, A28, A30, A31(2)	B1, B4, B8, B13, B21, B28, B33
Processing meat		A1, <u>A4(4)</u> , <u>A5</u> , A7, A18, A26, A29, A31	B2, B3, B9, B10, <u>B12</u> , <u>B15</u> , B18, B29, B35, <u>B36</u>
Equipment	Knives	<u>A4(4)</u> , <u>A5(2)</u> , A17, A21	B31, B34, <u>B36</u>
	Working tables	<u>A4(2)</u> , <u>A6</u> , A7, A8, A12, A14, A15, A20, <u>A25</u>	B6, B7, <u>B12</u> , <u>B14</u> , B16, B20, B22, <u>B23</u> , B24, B26
	Gloves	<u>A5(2)</u> , <u>A6</u> , A9, A10, A16, A23	B5, B11, <u>B15</u> , B17, B27, B32
	Boning machines	A2, <u>A5</u>	<u>B14</u> , B37
	Skinning machines	<u>A5</u> , <u>A22</u>	B23
	Transport belts	<u>A5</u> , A14, <u>A22(2)</u>	B25
Environment	Wall	-	-
	Floor	A3, <u>A5</u> , <u>A25</u>	B19(2)
Final meat		<u>A4</u> , <u>A5(2)</u> , <u>A22</u> , A24, A32	B30

(); Number of *E. coli* isolates.

리울에서 도축장의 위생지표균으로 활용 가능성을 확인할 수 있었다.

축산물종합처리장에서 도축이 완료된 도체는 예냉실에 하루정도 보관 후 반출 혹은 발골정형 과정에 보내지므로 예냉실의 온도시간관리는 CCP로 관리되어야 한다. 그러나 국내 대부분의 소규모 포장육가공장은 도축장에서 새벽에 냉장차량으로 원료도체를 운송받은 후 바로 발골정형 작업을 하므로, 예냉실에 원료도체가 머무는 시간은 1-2시간이 넘지 않는다. 심지어 예냉실은 원료도체가 통과하는 장소에 그치거나 예냉실을 경유하지 않고 바로 작업실로 보내지는 경우가 많다. 따라서 원료도체를 냉장차량으로 공급받아 사용하는 대부분의 작업장은 원료도체 입고 단계의 오염이 문제가 된다. 운송차량의 비위생적인 상태, 비위생적인 적재상태, 차량에서 작업장으로 옮기는 과정에서의 비위생적인 취급 등으로 오염이 발생하기 때문이다.

공정에서 분리한 *E. coli*의 genotype 분포는 이러한 오염의 흐름을 잘 보여주는데, 오염된 도체에 의한 작업공정내 교차오염 발생과 이로 인한 최종육 오염이 확인되었다. 그러나 현행 축산물가공장 위해요소중점관리기준 적용매뉴얼(농림부, 2001)에 제시된 포장육가공장의 생물학적 CCP는 최종생산물 냉장보관 창고의 온도관리로 설정되어 있다. 냉장보관창고의 온도관리는 출하시점의 축산물 온도에 결정적인 영향을 미치므로 중요하지만, 이는 실질적인 공정관리와는 무관한 최종단계이므로 안전한 포장육 생산에 아무런 도움을 주지 못한다. 따라서 포장육가공장의 생물학적 CCP는 원료도체 입고검사로 수정되거나 추가되어야 한다. 일반적으로 원료입고단계는 선행요건에서 관리되지만, 안전성에 미치는 영향이 큰 위해요인은 CCP로 관리할 수 있기 때문이다.

또한 작업환경에 존재하는 오염미생물이 최종육을 오염시키는 것으로 나타나므로 작업환경에 대한 세척 및 소독 작업은 가열처리공정이 없는 포장육 가공장 위생관리의

핵심사항이었다. 축산물종합처리장내 가공장의 경우는 원료육에 오염된 미생물의 흐름이 최종육에서 확인되지는 않는 경우가 있으나, 작업환경에 존재하는 오염미생물이 작업과정에서 교차오염으로 최종육을 오염시키므로 결과적으로 원료도체의 오염이 최종육에까지 전달되는 것으로 파악되었다.

이와 같이 작업과정에 멸균처리 공정이 없는 공정은 원료반입 관리와 작업환경의 세척 및 소독 관리가 HACCP의 핵심사항이었다. 이러한 결과는 Ha 등(2005)과 Hong 등(2008)이 *Listeria*균을 이용한 분석결과와도 일치하고 있다. 따라서 멸균공정이 없는 공정에서는 선행요건에 포함되는 원료도체 입고관리와 작업환경의 세척 및 소독이 안전성에 결정적인 영향을 미치므로 CCP로 설정되어 관리되거나 이에 준하는 특별관리가 필요한 것으로 분석되었다.

원료도체의 오염방지는 근본적으로 도축장에서 출하되는 시점에서 관리되어야 하는데, 가장 바람직한 방법은 도축장에서 포장육가공장이나 판매장으로 출하되는 모든 지육에 대한 포장을 의무화하는 것이다. 현장에 도입하기에는 시간이 걸리겠지만 닭고기 포장유통이 오랜 검토과정을 거쳐서 시행된 것처럼 대규모 업체부터 점차적인 시행도 가능할 것이다. 세척 및 소독작업에 대한 CCP 설정여부는 작업장 여건에 따라서 결정되어야 한다. 한계기준 설정 및 적절한 모니터링이 가능하다면 CCP로 관리하는 것이 타당할 것이다.

본 연구에서 수행한 작업공정에서의 지표균 분리와 genotype 분석은 작업공정상의 미생물 오염의 흐름을 파악하는데 유용하였다. 이러한 방법은 HACCP을 준비중인 작업장에서 미생물 오염원을 분석하고 설정된 CCP의 적합성을 평가하는데 활용 가능하며, 특히 열처리공정이 없는 작업장의 미생물 오염원 파악에 효과적이다. 한편 *E. coli*는 분리율이 높은 장점이 있지만 균 자체의 특성이 매우 다양하므로 genotype의 특징적인 분포를 파악하기 위

해서는 반복된 시료채취가 필요한 경우도 예상된다.

요 약

본 연구는 축산물가공장 작업환경에 설정된 CCP의 유효성을 평가하기 위하여, 원료도체에서부터 포장에 이르는 전 공정에서 *Escherichia coli*를 검출하고 PFGE genotyping으로 genetic strain의 흐름을 분석하여 CCP의 적합성을 평가하였다. 시료채취를 위한 작업장은 도축장에서 냉장차량으로 원료도체를 공급받는 독립형 소규모 HACCP 가공장(100두 처리/일)과 축산물종합처리장내 HACCP 가공장(500두 처리/일)을 각각 1곳씩 선정하였다. 시료는 원료도체, 시설 및 장비(발골기, 박피기, 작업대, 벨트, 칼, 면장갑), 환경(벽, 바닥)과 작업공정상의 발골육, 부분육, 최종육을 무균적으로 채취하였다. 작업공정에서 *E. coli*의 높은 분리율(59.6%)과 작업환경 전반에서의 고른 검출로 *E. coli*가 축산물가공장 위생지표균으로의 활용 가능성을 확인할 수 있었다. 분리된 *E. coli*의 genotype 분포는 작업장내 미생물 오염의 흐름을 보여주었다. 소규모가공장의 경우 오염된 원료육 반입이 작업공정을 오염시키고 공정중의 교차오염 발생으로 최종육에 영향을 주었고, 축산물종합처리장내 작업장은 원료육 오염보다는 작업환경에 상존하는 오염미생물의 교차오염이 최종육에 영향을 주는 양상이었다. 따라서 포장육가공장과 같이 작업공정에 멸균처리 과정이 없는 경우는 선행요건에 해당되는 원료반입과 작업환경의 세척 및 소독이 CCP로 관리되거나 이에 준하는 특별관리가 필요하였다. 결과적으로, 작업공정에서의 *E. coli* 검출과 genotyping은 작업공정상의 미생물 오염의 흐름을 파악하는데 유용하였으며, 이러한 방법은 HACCP 작업장의 미생물 오염원 분석과 설정된 생물학적 critical control point의 적합성 평가에 효과적이었다.

감사의 글

이 논문은 2007년도 정부재원(교육인적자원부 학술연구 조성사업비)으로 한국학술진흥재단의 지원을 받아 연구되었 으며(KRF-2007-E00536) 이에 감사 드립니다.

참고문헌

1. An, S. C. and Hong, C. H. (1998) Isolation and Serotyping of *Listeria monocytogenes* in pork fabrication processing environment. *J. Fd Hyg. Safety* **13**, 425-429.
2. Aslam, M., Greer, G. G., Nattress, F. M., Gill, C. O., and McMullen, L. M. (2004) Genotypic analysis of *Escherichia coli* recovered from product and equipment at a beef-packing

- plant. *J. Appl. Microbiol.* **97**, 78-86.
3. Aslam, M., Nattress, F. M., Greer, G. G., Yost, C., Gill, C. O., and McMullen, L. M. (2003) Origin of contamination and genetic diversity of *Escherichia coli* in beef cattle. *Appl. Environ. Microbiol.* **69**, 2794-2799.
4. Casarez, E. A., Pillai, S. D., and Di Giovanni, G. D. (2007) Genotype diversity of *Escherichia coli* isolates in natural water determined by PFGE and ERIC-PCR. *Water Res.* **41**, 3643-3648.
5. Ha, S. Y., Choi, W. S., Bahk, G. J., and Hong, C. H. (2005) Contamination patterns of *Listeria* spp. in pork processing plants using random amplified polymorphic DNA. *Korean J. Vet. Res.* **45**, 359-367.
6. Hong, C. H., Jung, J. H., Bahk, G. J., and Choi, W. S. (2008) Tracing the source of *Listeria monocytogenes* contamination using serotyping and PFGE genotyping in pork cutting plants in Korea. IAFP's Fourth European Symposium on Food Safety, Lisbon, Portugal, p.22.
7. Jung, S. C., Song, S. W., Kim, S. I., Jung, M. E., Kim, K. H., Lee, J. Y., and Lim, S. K. (2007) Surveillance of antimicrobial susceptibility of bacteria isolated from slaughterhouse in Korea. 2. Antimicrobial susceptibility of *Salmonella* spp. isolated from carcasses in slaughterhouse. *Kor. J. Vet. Publ. Hlth.* **31**, 51-56.
8. Namvar, A. and Warriner, K. (2006) Application of enterobacterial repetitive intergenic consensus-polymerase chain reaction to trace the fate of generic *Escherichia coli* within a high capacity pork slaughter line. *Int. J. Food Microbiol.* **108**, 155-163.
9. Pierson, M. D. and Corlett, D. A. Jr. (1992) HACCP Principles and Applications; Determining Critical Control Points. Chapman & Hall, pp. 39-59.
10. Song, S. W., Jung, S. C., Kim, S. I., Jung, M. E., Kim, K. H., Lee, J. Y., Lim, S. K., Lee, Y. J., Cho, N. I., Park, J. M., and Park, Y. H. (2004) Surveillance of antimicrobial susceptibility of bacteria isolated from slaughterhouse in Korea, 2003. 1. Antimicrobial susceptibility of *E. coli* isolated from carcasses in slaughterhouse. *Kor. J. Vet. Publ. Hlth.* **28**, 215-221.
11. Warriner, K., Aldsworth, T. G., Kaur, S., and Dodd, C. E. R. (2002) Cross-contamination of carcass and equipment during pork processing. *J. Appl. Microbiol.* **93**, 169-177.
12. 김창남 (2001) HACCP 수행과정에서 도출되는 문제점과 개선방안 모색. 2001년도 한국HACCP연구회 심포지움. 한국 HACCP 연구회.
13. 농림부국립수의과학검역원 (2001) 축산물가공장 위해요소 중점관리기준(HACCP)적용 매뉴얼.
14. 식품의약품안전청 (2006) 축산물 항생제 관리시스템 구축.
15. 축산물위해요소중점관리기준원 (2009) HACCP 7원칙 개발(1, 2원칙). 2009년도 제3차 HACCP 기본과정, 89-122.
16. 홍종해 (2005) 오염발생예측 시스템 및 추적기술을 이용한 축산물작업장에서의 Microbial Hazards Exposure Model 개발. 농림부연구보고서.

(Received 2009.6.25/Revised 2009.10.7/Accepted 2009.10.20)