

돈사 환경 미생물 균집 특성과 자돈 일당증체량과의 연관성

임진아, 차지혜, 김다혜*
국립축산과학원 동물유전체과

Associations of Environmental Microbial Characteristics with Daily Gain of Piglets

Jin-A Lim, Jihye Cha, Dahye Kim*

Animal Genome and Bioinformatics, National Institute of Animal Science, Rural Development Administration

요약 본 연구에서는 양돈농가 분만사의 환경 미생물과 일당증체량 간의 연관성을 확인하기 위해 일당증체량 차이를 보이는 양돈농가 분만사의 환경 미생물 특성을 비교하고, 분만사의 환경 미생물이 자돈의 일당증체량에 미치는 영향을 조사했다. 환경이 다른 분만사의 미생물을 채취하기 위해 일반(A) 농가와 동물복지형(B) 농가의 분만사의 바닥, 벽 및 음수대의 미생물 시료를 자돈 출생 직후부터 21일째까지 3주 동안 매주 수집하여 미생물 다양성을 분석했다. 그 결과 A 분만사가 B 분만사에 비해 미생물의 풍부도와 균등도가 높은 것을 확인하였다. 미생물 조성을 분석한 결과, A 분만사에서는 *Christensenellaceae R-7 group*과 *Staphylococcus*, *Actinobacillus*, *Escherichia-Shigella*와 같은 병원성 미생물이 B 분만사에 비해 더 높게 나타났다. 또한, 미생물 대사 기능을 예측한 결과, A 분만사에서는 *Mycobacterium* 관련 대사, *Staphylococcus aureus* 및 *Salmonella* 감염과 관련된 병원성 미생물 연관 대사가 증가하였으며, 클로사이크로핵산, 클로로벤젠, 디옥신 분해 대사가 나타났다. 반면, B 분만사에서는 단백질, 비타민, 아미노산 생합성 및 메탄 대사가 높게 나타났다. 생후 21일째의 자돈의 일당증체량을 비교한 결과 B 분만사에서 유의하게 높았으며, 이러한 결과는 환경 미생물이 양돈농가 분만사에서 자돈의 일당증체량에 영향을 미칠 수 있음을 시사한다. 환경 미생물의 자돈 장내 미생물 형성에 대한 영향력을 확인하기 위하여 분만사 환경 미생물과 자돈의 분변 미생물 간의 상호 작용에 대한 추가적인 연구가 진행되어야 한다.

Abstract This study aimed to investigate the association between the microbial characteristics of farrowing in pig farms and the growth performance of piglets. To compare the microbial characteristics of farrowing houses with different piglet growth rates, samples were collected from the floor, walls, and water troughs of conventional (Group A) and animal welfare-oriented (Group B) farrowing houses. Microbial samples were collected weekly, starting from immediately after piglet birth until the 21st day, spanning three weeks. The results revealed that microbial abundance and evenness were higher in the Group A farrowing houses compared to Group B. Microbial composition analysis indicated that pathogenic microbes such as the *Christensenellaceae R-7 group*, *Staphylococcus*, *Actinobacillus*, and *Escherichia-Shigella* were more prevalent in the Group A farrowing houses than in Group B. Predicted microbial metabolic functions showed increased metabolism related to infections associated with *Mycobacterium*, and the pathogenic microbes *Staphylococcus aureus* and *Salmonella*, and degradation metabolism of chlorocyclohexane, chlorobenzenes, and dioxins in Group A. In contrast, Group B exhibited a higher metabolism related to protein synthesis, vitamin, amino acid biosynthesis, and methane metabolism. The piglets in Group B showed significantly higher weight gain by the 21st day. These results suggest that the environmental microbes in pig farm farrowing houses may influence piglet growth performance. Further research is needed to explore the interactions between the farrowing house environmental microbes and piglet fecal microbes to better understand their impact on the formation of piglet gut microbiota.

Keywords : Environmental Microbiota, Commercial Pig Farm, Welfare Certified Pig Farm, Piglet, Growth

본 논문은 농촌진흥청 연구사업(PJ01581401, "자돈 초기 장내 미생물 균총 형성 요인 평가 및 자돈 면역인자와의 연관성 구명")의 지원으로 수행되었음.

*Corresponding Author : Dahye Kim(National Institute of Animal Science)

email: dhkim0724@korea.kr

Received October 17, 2023

Revised November 17, 2023

Accepted December 8, 2023

Published December 31, 2023

1. 서론

현재 양돈산업은 생산성 향상 및 비용절감을 고려하여 효율성을 높이기 위한 집약적인 사양관리가 일반화 되어 있다[1]. 그러나 밀집 사육과 불량한 환기시스템은 가축의 스트레스와 질병 감수성을 증가시키는 위험 요인이 된다[2]. 이로 인해 농장동물의 복지는 축산업의 전반적인 경쟁력 확보와 소비자로부터 안전한 먹거리를 제공함으로써 신뢰도를 높이기 위해 반드시 고려되어야 하는 중요한 요인이다[3]. 최근 양돈산업에서도 친환경, 동물복지 돈사에 대한 중요성이 대두되고 있다[4,5].

한편, 환경에 따른 미생물 조성은 다양할 수 있으며, 환경의 물리적, 화학적, 지리적 특성에 따라 다양한 미생물 군집이 형성된다[6]. 동물과 미생물은 공생 또는 상생 관계에 있으며 미생물은 피부, 호흡기, 장관 등 체 내외부에 모두 존재하여 숙주와 긴밀한 관계를 유지하고 있다[7-9]. 신생아는 출생 후 외부 환경에 노출되면서 환경 미생물이 유입되어 장내 미생물 균총을 형성하게 된다[10-12] 따라서, 환경 미생물의 노출에 의해 동물의 건강, 면역, 장내 미생물군집 발달에 영향을 미칠 수 있다. Cahenzli는 위생상태가 나쁘며 집단 사육한 자돈과 청결을 유지하며 격리사육한 자돈을 비교한 결과 면역 발달에 차이가 있다고 보고했다[13]. 또한, 이유기 자돈에서 모돈과 합사한 경우가 격리 사육한 경우보다 장내 미생물 다양성이 풍부하다고 보고되었다[14]. 양돈농가 환경 미생물 연구는 주로 돈사 미생물이 인체에 미치는 영향과 항생제 내성 미생물을 대상으로 수행되고 있다[15-17]. 따라서 본 연구에서는 돈사 환경 미생물이 자돈에 미치는 영향을 확인하고자 하였다.

자돈은 젖을 떼기 전까지 어미의 배설물, 피부 및 점막 표면과 접촉하며 분만틀 안에 격리되는 집약적 생산 시스템에서 사육되기 때문에 포유기 자돈의 장내 미생물군집은 주로 어미똥지와 분만사 환경에 의존할 가능성이 높다[18]. 따라서 자돈의 장내미생물 군집의 발달을 고려할 때 출생 후 돈사 환경에 대한 이해가 중요하며, 이는 잠재적으로 자돈의 유익한 장내 미생물 조성 과 건강에 영향을 줄 수 있다. 따라서 본 연구는 일반농가와 동물복지형 농가의 분만사에 따른 환경 미생물 특성을 비교하고 이유기 자돈의 일당증체량과의 연관성을 조사했다.

2. 재료 및 방법

2.1 시료 수집

본 연구는 전라북도 김제시에 위치한 일반(A) 농가와 경상남도 하동군에 위치한 동물복지형(B) 농가의 분만사 환경 미생물을 수집하였다. A농가는 환기팬을 활용한 환기시설과 슬러리 피트를 활용한 분뇨 처리 시설을 갖췄다. B농가는 중앙집중배기시스템 및 에어워싱시스템을 적용한 ICT를 자동환기시설과 가축분뇨 발효액 순환시스템을 활용한 분뇨 처리 시설을 갖췄으며, 돈사 내 암모니아 수치를 10 ppm 미만으로 유지한다. 두 농가 모두 분만사 온도는 20~22℃로 유지하며, 모돈과 포유자돈은 분만케이지에서 함께 사육했다. 분만사 내부는 모돈별로 분만 케이지가 벽으로 분리되어 있으며 개별 사양관리했다. A 농가의 모돈은 4두, B농가의 모돈은 4두로 총 8개의 모돈 사육케이지에서 시료를 수집했다. 환경미생물 수집은 NB bio 미생물 수송배지(NBG-2, Noble bio, Korea)를 이용하여 자돈 출생 직후부터 21일까지 3주 동안 매주 수집하였으며, 분만사의 바닥, 벽, 음수대 시료를 채취하였다. 수집된 시료는 DNA 추출 전까지 -80℃에 보관하였다[19](Fig. 1).

2.2 미생물 DNA 추출 및 16S rRNA 시퀀싱

분만사 환경 미생물 균총을 분석하기 위하여 미생물 DNA를 추출하였다. Nb bio 미생물 수송배지에 들어있는 환경 시료를 10,000 x g에서 10분 동안 원심분리하여 수송배지를 제거하였다. 환경시료는 QIAGEN Dneasy power soil pro kit(QIAGEN, Hilden, Germany)를 이용하여 제조사의 실험방법에 따라 미생물 DNA를 추출하였다. SpectraMax Plus 384 spectrophotometer (Molecular Devices, USA)를 활용하여 DNA 농도와 순도를 측정하였다.

추출된 DNA는 미생물 군집 분석을 위해 V3-V4 영역을 증폭하였으며, library를 제작하기 위해 Nextera XT Index kit(Illumina, San Diego, CA)를 이용하였다. DNA 7500 chip과 Bioanalyzer 2100(Agilent, Palo Alto, CA, USA)를 이용하여 제작한 library의 quality와 product size를 측정하였다. Illumina MiSeq(Illumina, San Diego, California, USA) platform을 사용하여 16S rRNA sequencing 데이터를 생산하였다[20].

2.3 미생물 조성 분석

QIIME2(Quatitative Insights into Microbioal Ecology, version 2021.11)를 사용하여 분만사 환경 마이크로바이옴 분석을 수행하였다[21]. 16S rRNA 서열의 chimeric read와 low-quality sequence를 제거하기 위해 quality score 25 이하인 서열을 DADA2 program을 이용하여 제거하였으며, Silva 138SSU reference database를 기반으로 97% 이상의 유사도를 갖는 미생물을 분류하였다. 두 양돈 농가의 분만사 환경 미생물의 풍부도와 균등도를 Observed features와 Shannon diversity index를 이용하여 계산하였으며, 미생물 군집 간 거리는 Bray-cutis를 이용하여 측정하였다.

두 분만사 간의 기능적 차이를 조사하기 위해 Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes(KEGG) database를 기반으로 한 PICRUSt 패키지를 활용하였다[22]. PICRUSt를 통해 미생물 서열과 참조 유전체 간의 유사성을 기반으로 미생물 군집의 기능 가능성을 예측하고 정량화하였다.

2.4 일당 증체량 조사

자돈의 일당증체량을 조사하기 위해 자돈 출생일부터 시험 종료까지의 증체량을 일수로 계산하였으며, A농가 38두, B 농가 41두 총 79두를 대상으로 일당증체량을 조사하였다. 생시체중은 돼지가 출생한 직후의 체중을 측정하였으며 21일령의 체중에서 생시체중을 빼서 포유기 동안의 총 증체량을 21일로 나누어 준 값을 g 단위로 환산하였다.

$$\text{일당증체량(g)} = (\text{종료체중} - \text{개시체중}) \div (\text{시험기간(일)})$$

2.5 통계분석

두 분만사의 미생물 alpha-, beta-diversity 차이는 QIIME2(version 2021.11)와 R 통계 언어(version. 4.2.1)를 사용하여 Permutational Multivariate Analysis of Variance(PERMANOVA)와 Wilcoxon test로 분석하였다[23]. $p < 0.05$ 의 값은 통계적으로 유의미한 것으로 간주하였다.

3. 결과

3.1 분만사 환경 미생물 조성 분석

이 연구에서는 전라북도 김제시에 위치한 일반 농가

(A)와 경상남도 하동군에 위치한 동물복지형 농가(B)의 분만사의 환경 미생물을 조사했다. A 농가는 환기팬과 슬러리 피트를 사용하며, B 그룹은 ICT를 활용한 자동 환기 및 분뇨 처리 시스템을 도입하였다. 모돈과 포유 자돈은 분리된 케이지에서 함께 사육되며, 14일령부터 자돈은 입질 사료를 섭취하고 21일령에 이유하였다. A 농가에서는 모돈 4두, B 농가에서 모돈 4두가 사육되는 총 8개의 모돈 사육케이지에서 샘플을 수집하였다(Fig. 1). 이렇게 수집한 시료를 대상으로 환경 미생물을 비교 분석하였다.

양돈농가 A, B의 분만사 환경 미생물을 문(phylum)과 속(genus) 수준에서 상대적 풍부도를 분석한 결과를 Fig. 2에 나타냈다. 주요 문 수준에서의 미생물은 *Firmicutes*(59-80%), *Proteobacter*(8-19%), *Bacteroidota*(7-14%), *Actinobacteriota*(3-4%) 이었으며, 속 수준의 주요 미생물은 *Christensenellaceae R-7 group*(0-1%), *Clostridium sensu stricto 1*(15-23%), *Lactobacillus*(2-4%), *Romboutsia*(7-11%), *Streptococcus*(3-4%), *Terrisporobacter*(5-6%), *Turicibacter*(8-21%)이다. 미생물 상대적 풍부도(Relative abundance) 1% 이상 미생물과 주요 병원성 미생물을 대상으로 두 분만사 간 T-test 분석을 한 결과를 Table 1에 나타냈다. A 분만사의 경우 B 분만사에 비하여 *Christensenellaceae R-7 group*, *Staphylococcus*, *Actinobacillus*가 풍부한 것을 확인하였다($p < 0.05$)

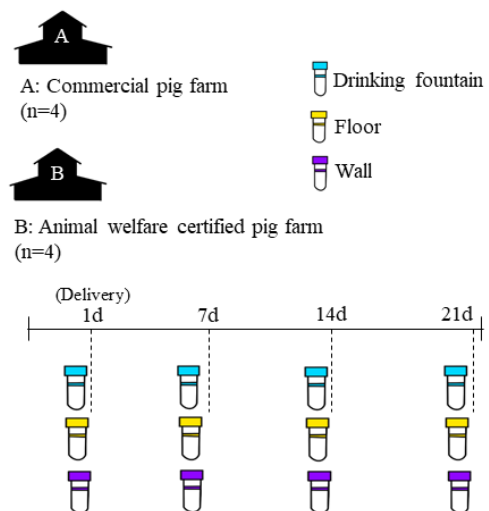


Fig. 1. Microbiome sample collection in pig farm. All samples were subjected to 16S rRNA amplicon sequencing of the V3-V4 region.

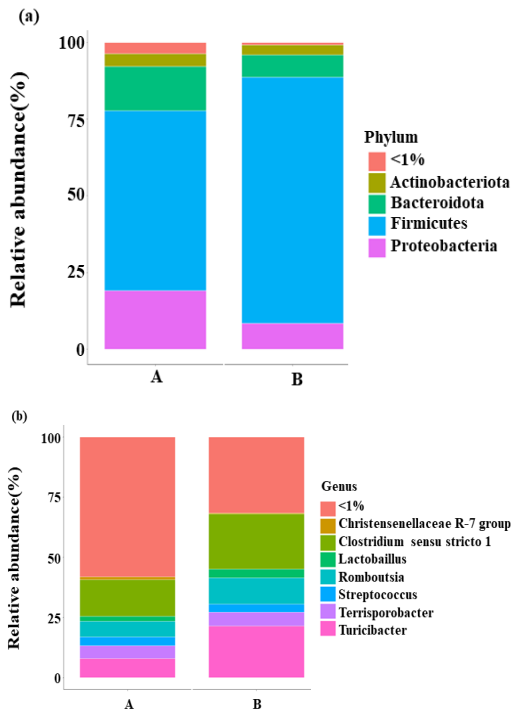


Fig. 2. Composition of environmental bacteria in pig farms. A; commercial pig farm, B; animal welfare certified pig farm.

Table 1. Relative abundance of microbe showing significant differences.(T-test, $p < 0.05$) A; commercial pig farm, B; animal welfare certified pig farm.

	Farm A	Farm B
<i>Clostridium sensu stricto 1</i>	15.20±9.24%	22.86±11.95%
<i>Turicibacter</i>	8.00±7.64%	21.40±15.08%
<i>Romboutsia</i>	6.57±4.73%	10.94±6.43%
<i>Christensenellaceae R-7 group</i>	1.11±1.07%	0.35±0.71%
<i>Staphylococcus</i>	1.00±2.02%	0.45±0.88%
<i>Actinobacillus</i>	0.77±0.95%	0.20±0.67%
<i>Escherichia-Shigella</i>	0.51±0.75%	0.09±0.16%

3.2 분만사 환경 미생물 다양성 분석

두 양돈농가의 분만사 환경 미생물의 풍부도와 균등도를 확인하기 위해 observed features와 shannon index를 이용하여 분석하였다. 양돈농가 A가 B에 비하여 미생물 풍부도와 균등도가 높은 것을 확인하였다(Fig. 3 a-b, Wilcoxon test, $p < 0.0001$). Bray cutis를 활용해서 두 분만사의 환경 미생물 조성 유사도를 확인하였다. PERMANOVA를 통해 두 분만사의 미생물 조성의 유의적 차이를 확인하였다(Fig. 3 c, $p < 0.05$).

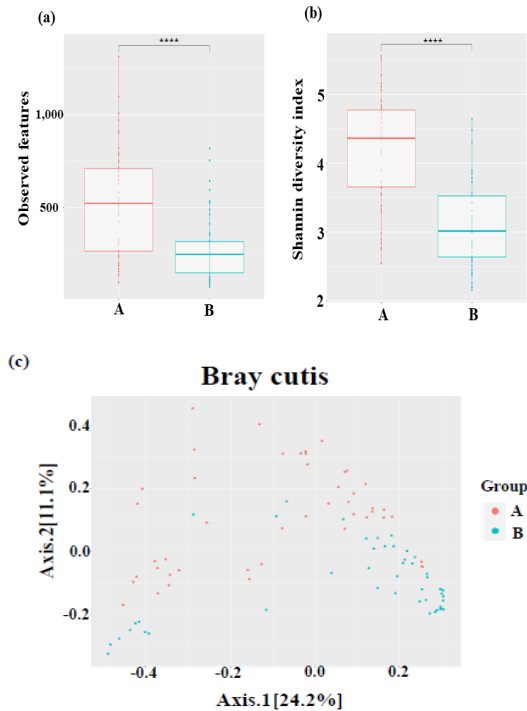


Fig. 3. Gut microbial Alpha and beta diversity of pig farms. a. Observed features. b. Shannon index. c. Principle coordinate analysis based on Bray cutis distance.(Wilcoxon test, ****: $p < 0.0001$) A; commercial pig farm, B; animal welfare certified pig farm.

3.3 PICRUSt를 활용한 미생물 유전자 기능 예측 분석

PICRUSt를 활용하여 양돈농가 A, B의 분만사 미생물 대사 기능 예측 분석을 수행하였다(Fig. 4). 분석 결과 양돈농가 A의 분만사에서는 *Stphylococcus aureus*, *Mycobacterium* 등 병원성 미생물 연관 대사와 다이옥신, 클로사이크로헥산, 클로로벤젠 분해 대사 경로를 확인하였다. 반면, B 농가 분만사에서는 RNA 중합효소, 리보솜 생합성 등 단백질 합성 연관 대사와 메탄 대사, 판토텐네이트 및 CoA, 라이신 생합성 대사 경로를 확인하였다.

3.4 두 농장의 자돈 일당증체량 비교 분석

두 농장에서 사육된 자돈을 대상으로 생후 0일부터 21일 까지 체중을 측정하였다. 체중측정은 출산직후부터 종료시까지 매주 체중을 측정하였으며, 측정된 체중을 활용하여 평균일당증체량을 계산하였다. 그 결과 A농가

는 $259 \pm 46\text{g}$ 이며 B농가는 $299 \pm 62\text{g}$ 으로 두그룹간 유의적으로 차이가 났으며($p<0.001$), B농가 자돈의 체중이 약 40g 높은 것을 확인하였다(Fig. 5).

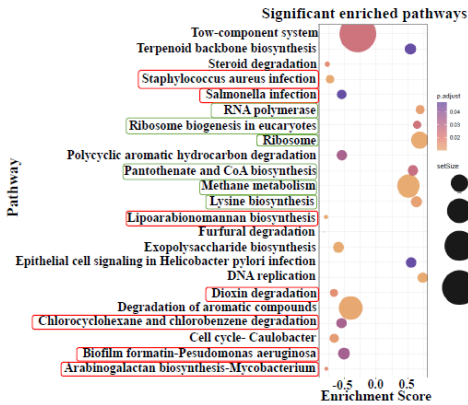


Fig. 4. Prediction of microbial metabolic pathways between two Pig farms. Gene set enrichment was selects with adjusted p -value <0.05 . Red: Farm A. Green: Farm B. A; commercial pig farm, B; animal welfare certified pig farm.

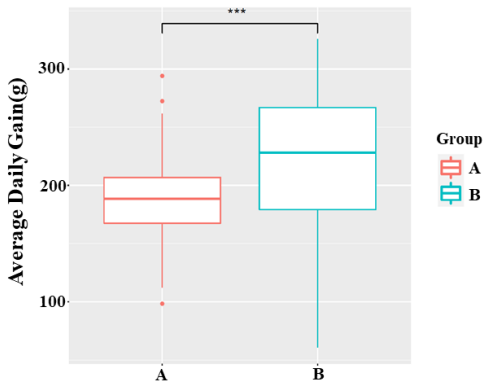


Fig. 5. Average Daily Gain(ADG) of piglet before weaning period of two pig farms. There is a significant difference in piglet ADG between the two farms.(T-test, ***: $p<0.001$)
A; commercial pig farm, B; animal welfare certified pig farm.

4. 고찰 및 결론

자돈은 출생 후 모돈과 외부 환경에 의해 장관 내에 미생물이 집락화하여 균총을 형성한다. 모돈과 더불어 분만사의 환경은 자돈의 장내 미생물을 형성하는데 중요

한 요소이다[24]. 자돈 장내에 정착한 미생물은 자돈의 성장에 필요한 비타민과 아미노산 등을 생성해주며, 병원성 미생물들의 집락화를 저해하는 역할을 수행한다 [10,25,26]. 자돈은 이유 전까지 동일한 분만실에서 지내게 된다. 따라서 분만사의 환경 미생물은 자돈 장내 미생물의 초기 집락화에 영향을 미친다. 본 연구는 일반 양돈농가와 동물복지형 양돈농가를 대상으로 분만사 환경 미생물의 특성과 해당 분만사에서 성장하는 자돈의 일당 증체량을 비교하는 연구를 수행하였다.

일반 양돈농가 A와 동물복지형 양돈농가 B의 분만사 간 미생물 다양성 분석을 수행한 결과 A 분만사가 B 분만사에 비하여 미생물의 풍부도와 균등도가 높은 것을 확인하였다(Fig. 3 a-b). 다음으로는 미생물 조성 차이를 확인한 결과 주요 속 수준의 미생물에서는 *Christensenellaceae R-7 group*, *Staphylococcus*, *Actinobacillus*, *Escherichia-Shigella*가 B 분만사에 비하여 A 분만사에 유의적으로 높게 나타났다(Table 1, $p<0.05$). *Christensenellaceae R-7 group*은 숙주의 체중 감소와 관련이 있는 미생물로 알려져 있다[27]. *Staphylococcus* 속(genus)에 *Saphylococcus aureus*가 포함되어 있으며, 장독소를 생성하여 숙주의 장관 방어 시스템을 붕괴시켜 식중독을 유발하는 미생물이다 [28]. 또한 *Saphylococcus aureus*는 유방염, 자궁내막염, 폐렴 등 질병 발병의 원인으로 알려졌다[29-31]. *Actinobacillus* 종은 숙주의 호흡기관과 구강에 존재하며, *Actinobacillus*에 의해 발생하는 흉막폐렴은 밀집 사육을 하는 돼지에서 주로 발생되며, 자돈에서는 폐혈증을 유발한다[32]. 이러한 병원성 미생물들은 독소를 분비하여 장내 미생물 군집의 균형을 무너뜨려 위장관 질병을 유발한다[33]. 장관 내 미생물 불균형은 영양소 흡수, 성장호르몬 신호 전달에 장애가 발생하여 숙주의 성장을 지연시키는 원인이 된다[34,35]. 따라서 A 농가에 존재하는 병원성 미생물들은 자돈의 장내 미생물 균형을 무너뜨려 영양소 흡수를 저해하여 증체량을 저감시키는 데 기여했을 것으로 사료된다.

이 결과와 마찬가지로 PICRUSt2를 이용하여 미생물 대사기능을 예측한 결과 B 분만사에 비하여 A 분만사에서 *Mycobacterium*관련 대사, *Staphylococcus aureus* 및 *Salmonella* 감염 등 병원성 미생물 연관 대사가 증가하였으며, 클로사이크로핵산, 클로로벤젠, 디옥신 분해 대사가 나타났다. 이전 연구 결과 클로사이크로핵산과 클로로벤젠 분해 대사는 정상체중에 비해 저체중 자돈에서 높게 나타난 것을 확인하였다[36]. 다이옥신은 환경오

염 물질 중 하나로 발암성을 갖는 화합물이다[37,38]. 양돈농가 A의 분만사의 환경 미생물에서 다이옥신 분해 대사가 나타난 것을 보아 분만사에 다이옥신이 존재하며, 다이옥신 노출은 심장질환, 자궁내막증 등 질병을 유발하는 원인으로 보고되었다[39,40]. 또한 이전 연구에서 다이옥신 노출은 유아 성장에 잠재적인 악영향을 미칠 수 있다 결과를 확인하였다[41]. 반면, B 양돈농가의 분만사에서 RNA 중합효소, 리보솜 생합성, 판토텐산염 및 CoA 생합성 등 단백질과 비타민 합성 연관 대사와 메탄 대사, 라이신 생합성 대사 경로를 확인하였다(Fig. 3). 메탄 대사는 주로 고세균과 연관되어있으며, 메탄생성 고세균은 숙주의 에너지 획득과 지방 축적에 관여하여 돼지의 체중과 상관관계가 있다고 보고되었다[42]. 판토텐산염은 체내에서 판토텐산으로 변환되어 활용된다. 자돈에서 판토텐산 결핍은 성장부진, 식욕부진, 피부염 등 문제를 야기한다고 알려졌다[43]. 라이신은 단백질을 생성하는 기질이며, 과잉 라이신은 에너지원으로 분해되어 이용된다. 라이신 공급을 통해 돼지의 근육 성장 개선에 도움을 준다고 보고되었다[44]. 따라서 병원성 미생물 연관 대사와 독성 화합물 대사가 나타난 양돈농가 A에 비하여 양돈농가 B에서는 단백질, 비타민, 아미노산을 생성하는 미생물과 메탄생성 고세균들이 자돈의 장내에 유입되어 자돈의 체중 증가에 영향을 준 것으로 사료된다. 이 분석 결과는 두 농가의 자돈 평균 일당증체량을 조사한 결과와 비교했을 때 분만사 환경 미생물 조성과 미생물들의 기능 차이가 자돈의 일당증체량에 영향을 미친 것으로 보인다.

본 연구는 서로 다른 분만사 환경 관리를 하는 양돈농가를 대상으로 환경 미생물 특성을 확인하였다. 연구 결과 A농가의 분만사에서는 병원성 미생물의 상대적 풍부도가 높은 반면, B 농가의 분만사에서는 PICRUSt2 결과 단백질, 비타민, 아미노산, 메탄 대사가 높게 나타났다. 이와 더불어 A농가 자돈에 비하여 B농가의 자돈 일당증체량이 높은 것을 확인하였으며, 이는 환경 미생물이 자돈의 증체량에 영향을 미칠 수 있다는 가설의 한 증거로 제시될 수 있다. 그러나 A농가와 B농가 분만사의 환경이 뚜렷한 차이가 있더라도 각각 1개의 농가를 대상으로 분석을 진행하였으므로 일반농가와 동물복지형 농가의 환경미생물 조성을 대표할 수는 없다. 따라서 일반 및 복지형 분만사 환경 미생물 조성 차이를 명확하게 비교하기 위해서는 더 많은 농가의 환경미생물 조사가 필요하다. 그러나 전염성이 높은 호흡기 질병이나 바이러스를 차단방역하기 위해 출입이 제한되기 때문에 시료수

집에 어려움이 있다. 따라서 농가의 적극적인 참여와 협조를 이끌어 내기 위해 연구자들의 노력이 필요할 것이다. 더 나아가 분만사 환경 미생물의 자돈의 장내 미생물 조성에 대한 영향력을 확인하기 위해 자돈의 분변 미생물과의 환경 미생물 간 연관성에 대한 추가적인 연구가 필요하다.

References

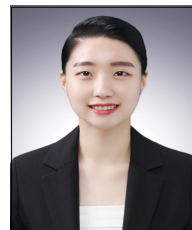
- [1] D. G. Maes, J. Dewulf, C. Piñeiro, S. Edwards, I. Kyriazakis. "A critical reflection on intensive pork production with an emphasis on animal health and welfare", *Journal of animal science*, Vol.98, pp.15-pp.26, August 2020. DOI: <https://doi.org/10.1093/jas/skz362>
- [2] C. K. Saha, G. Zhang, P. Kai, B. Bjerg. "Effects of a partial pit ventilation system on indoor air quality and ammonia emission from a fattening pig room", *Biosystems Engineering*, Vol.105, No.3, pp.279-287, March 2010. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.biosystemseng.2009.11.006>
- [3] D. H. Kim, D. M. Ha, "Comparison of Farrowing Sow and Piglet Vocalizations", *Annals of animal resources sciences*, Vol.29, No.2, pp.77-84, 2018. DOI: <https://doi.org/10.12718/AARS.2018.29.2.77>
- [4] L. Giuliotti, M. N. Benvenuti, A. Giannarelli, C. Mariti, A. Gazzano, "Effect of different environment enrichments on behaviour and social interactions in growing pigs", *Animals*, Vol.9, No.3, March 2019. DOI: <https://doi.org/10.3390/ani9030101>
- [5] J. García-Gudiño, I. Blanco-Penedo, M. Gispert, A. Brun, J. Perea, M. Font-i-Furnols, "Understanding consumers' perceptions towards Iberian pig production and animal welfare", *Meat Science*, Vol.172, February 2021. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.meatsci.2020.108317>
- [6] C. W. Chang, Y. H. Hwang, S. A. Grinshpun, J. M. Macher, K. Willeke, "Evaluation of counting error due to colony masking in bioaerosol sampling", *Microbiology*, Vol.60, No.10, pp.3732-3738, October 1994. DOI: <https://doi.org/10.1128/aem.60.10.3732-3738.1994>
- [7] Y. E. Chen, M. A. Fischbach, Y. Belkaid, "Skin microbiota-host interactions", *Nature*, Vol.553, No.7689, pp.427-436, January 2018. DOI: <https://doi.org/10.1038/nature25177>
- [8] L. Santacroce, I. A. Charitos, A. Ballini, F. Inchingolo, P. Luperto, et al., "The human respiratory system and its microbiome at a glimpse", *Biology*, Vol.9, No.10, October 2020. DOI: <https://doi.org/10.3390/biology9100318>
- [9] S. M. Jandhyala, R. Talukdar, C. Subramanyam, H. Vuyyuru, M. Sasikala, D. N. Reddy, "Role of the

- normal gut microbiota”, *World Journal of Gastroenterology*, Vol.21, No.29, pp.8787-8803, August 2015.
DOI: <https://doi.org/10.3748/wig.v21.i29.8787>
- [10] C. Milani, S. Duranti, F. Bottacini, E. Casey, F. Turroni, J. Mahony, C. Belzer, “The first microbial colonizers of the human gut: composition, activities, and health implications of the infant gut microbiota”, *Microbiology and molecular biology reviews*, Vol.81, No.4, November 2017.
DOI: <https://doi.org/10.1128/mnbr.00036-17>
- [11] L. J. Funkhouser, S. R. Bordenstein, “Mom knows best: the universality of maternal microbial transmission”, *PLoS biology*, Vol.11, No.8, August 2013.
DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pbio.1001631>
- [12] H. Shin, Z. Pei, K. A. Martinez II, J. I. Rivera-Vinas, K. Mendez, H. Cavallin, M. G. Dominguez-Bello, “The first microbial environment of infants born by C-section: the operating room microbes”, *Microbiome*, Vol.3, No.1, pp.1-6, December 2015.
DOI: <https://doi.org/10.1186/s40168-015-0126-1>
- [13] J. Cahenzli, Y. Loller, M. Wyss, M. B. Geuking, K. D. McCoy, “Intestinal microbial diversity during early-life colonization shapes long-term IgE levels”, *Cell host & microbe*, Vol.14, No.5, pp.559-570, November 2013.
DOI: <https://doi.org/10.1016/j.chom.2013.10.004>
- [14] C. F. Inman, K. Haverson, S. R. Konstantinov, P. H. Jones, C. Harris, et al., “Rearing environment affects development of the immune system in neonates”, *Clinical & Experimental Immunology*, Vol.160, No.3, pp.431-439, February 2010.
DOI: <https://doi.org/10.1111/j.1365-2249.2010.04090.x>
- [15] J. G. Kraemer, S. Aebi, A. Oppliger, M. Hilty, “The Indoor-Air Microbiota of Pig Farms Drives the Composition of the Pig Farmers’ Nasal Microbiota in a Season-Dependent and Farm-Specific Manner”, *Applied and Environmental Microbiology*, Vol.85, No.9, April 2019.
DOI: <https://doi.org/10.1128/AEM.03038-18>
- [16] D. V. Vestergaard, G. J. Holst, I. Basinas, G. Elholm, V. Schlünssen, et al., “Pig Farmers’ Homes Harbor More Diverse Airborne Bacterial Communities Than Pig Stables or Suburban Homes”, *Frontiers in microbiology*, Vol.1, No.9, 870, May 2018
DOI: <https://doi.org/10.3389/fmicb.2018.00870>
- [17] O. Mencia-Ares, R. Cabrera-Rubio, J. F. Cobo-Diaz, A. Álvarez-Ordóñez, M. Gómez-García, et al., “Antimicrobial use and production system shape the fecal, environmental, and slurry resistomes of pig farms”, *Microbiome*, Vol.8, No.1, pp.1-17, November 2020.
DOI: <https://doi.org/10.1186/s40168-020-00941-7>
- [18] T. L. Nowland, K. J. Plush, M. Barton, R. N. Kirkwood, “Development and function of the intestinal microbiome and potential implications for pig production”, *Animals*, Vol.9, No.3, January 2019.
DOI: <https://doi.org/10.3390/ani9030076>
- [19] M. I. Short, R. Hudson, B. D. Besasie, K. R. Reveles, D. P. Shah, et al., “Comparison of rectal swab, glove tip, and participant-collected stool techniques for gut microbiome sampling”, *BMC microbiology*, Vol.21, No.1, pp.1-9, January 2021.
DOI: <https://doi.org/10.1186/s12866-020-02080-3>
- [20] D. W. Fadrosh, B. Ma, P. Gajer, N. Sengamalay, S. Ott, et al., “An improved dual-indexing approach for multiplexed 16S rRNA gene sequencing on the Illumina MiSeq platform”, *Microbiome*, Vol.2, No.1, pp.1-7, February 2014.
DOI: <https://doi.org/10.1186/2049-2618-2-6>
- [21] M. Hall, R. G. Beiko, “16S rRNA gene analysis with QIIME2”, *Methods in Molecular Biology*, Vol.1849, pp.113-129, October 2018.
DOI: https://doi.org/10.1007/978-1-4939-8728-3_8
- [22] M. G. I. Langille, J. Zaneveld, J. G. Caproaso, D. McDonald, D. Knights, et al., “Predictive functional profiling of microbial communities using 16S rRNA marker gene sequences”, *Nature biotechnology*, Vol.31, No.9, pp.814-821, August 2013.
DOI: <https://doi.org/10.1038/nbt.2676>
- [23] Y. Xia, J. Sun, “Hypothesis testing and statistical analysis of microbiome”, *Genes & diseases*, Vol.4, No.3, pp.138-148, September 2017.
DOI: <https://doi.org/10.1016/j.gendis.2017.06.001>
- [24] N. V. Bestm M. W. Harnef, P. H. M. Savelkoul, J. Penders, “On the origin of species: factors shaping the establishment of infant’s gut microbiota”, *Birth Defects Research Part C: Embryo Today: Reviews*, Vol.105, No.4, pp.240-251, November 2015.
DOI: <https://doi.org/10.1002/bdrc.21113>
- [25] M.J. Hill, “Intestinal flora and endogenous vitamin synthesis”, *European Journal of Cancer Prevention*, Vol.6, No.2, pp.43-45, March 1997.
DOI: <https://doi.org/10.1097/00008469-199703001-00009>
- [26] Z. L. Dai, G. Wu, W.Y. Zhu, “Amino acid metabolism in intestinal bacteria: links between gut ecology and host health”, *Frontiers in Bioscience-Landmark*, Vol.16, No.5, pp.1768-1786, January 2011.
DOI: <https://doi.org/10.2741/3820>
- [27] J. L. Waters, R. E. Ley, “The human gut bacteria Christensenellaceae are widespread, heritable, and associated with health”, *BMC biology*, Vol.17, No.1, pp.1-11, October 2019.
DOI: <https://doi.org/10.1186/s12915-019-0699-4>
- [28] S. Y. C. Tong, J. S. Davis, E. Eichenberger, T. L. Holland, V. G. Fowler Jr, “Staphylococcus aureus infections: epidemiology, pathophysiology, clinical manifestations, and management.”, *Clinical microbiology reviews*, Vol.28, No.3, pp.603-661, May 2015.
DOI: <https://doi.org/10.1128/cmr.00134-14>
- [29] X. Hu, J. Guo, C. zhao, P. Jiang, T. Maimai, et al., “The gut microbiota contributes to the development of Staphylococcus aureus-induced mastitis in mice”, *The ISME Journal*, Vol.14, No.7, pp.1897-1910, April

2020.
DOI: <https://doi.org/10.1038/s41396-020-0651-1>
- [30] S. Gauguet, S. D'Ortona, K. Ahnger-Pier, B. Duan, N. K. Surana, et al. "Intestinal microbiota of mice influences resistance to Staphylococcus aureus pneumonia", *Infection and immunity*, Vol.83, No.10, pp.4003-4014, September 2015.
DOI: <https://doi.org/10.1128/iai.00037-15>
- [31] X. Hu, R. Mu, M. Xu, X. Yuan, P. Jiang, et al., "Gut microbiota mediate the protective effects on endometritis induced by Staphylococcus aureus in mice", *Food & function*, Vol.11, No.4, pp.3695-3705, April 2020.
DOI: <https://doi.org/10.1039/c9fo02963j>
- [32] A. N. Rycroft, L. H. Garside, "Actinobacillus species and their role in animal disease", *The Veterinary Journal*, Vol.159, No.1, pp.18-36, January 2000.
DOI: <https://doi.org/10.1053/vjil.1999.0403>
- [33] H. Nagao-Kitamoto, S. Kitamoto, P. Kuffa, N. Kamada, "Pathogenic role of the gut microbiota in gastrointestinal diseases", *Intestinal research*, Vol.14, No.2, pp.127-138, April 2016.
DOI: <https://doi.org/10.5217/ir.2016.14.2.127>
- [34] H. S. Hayden, A. Eng, C. E. Pope, M. J. Brittaner, A. T. Vo, et al., "Fecal dysbiosis in infants with cystic fibrosis is associated with early linear growth failure", *Nature medicine*, Vol.26, No.2, pp.215-221, January 2020.
DOI: <https://doi.org/10.1038/s41591-019-0714-x>
- [35] H. G. Piper, D. Fan, L. A. Coughlin, E. X. Ho, M. M. McDaniel, et al., "Severe gut microbiota dysbiosis is associated with poor growth in patients with short bowel syndrome", *Journal of Parenteral and Enteral Nutrition*, Vol.41, No.7, pp.1202-1212, July 2016.
DOI: <https://doi.org/10.1177/0148607116658762>
- [36] S. Tao, Y. Bai, T. Li, N. Li, J. Wang, "Original low birth weight deteriorates the hindgut epithelial barrier function in pigs at the growing stage", *The FASEB Journal*, Vol.33, No.9, pp.9897-9912, June 2019.
DOI: <https://doi.org/10.1096/fi.201900204RR>
- [37] E. E. McConnell, G. W. Lucier, R. C. Rumbaugh, P. W. Albro, M. W. Harris, et al., "Dioxin in soil: Bioavailability after ingestion by rats and guinea pigs", *Science*, Vol.223, No.4640, pp.1077-1079
DOI: <https://doi.org/10.1126/science.6695194>
- [38] G. F. Fries, "review of the significance of animal food products as potential pathways of human exposures to dioxins", *Journal of Animal Science*, Vol.73, No.6, pp.1639-1650, June 1995.
DOI: <https://doi.org/10.2527/1995.7361639x>
- [39] V. Sofo, M. Gotte, A. S. Lagana, F. M. Salmeri, O. Triolo, et al., "Correlation between dioxin and endometriosis: an epigenetic route to unravel the pathogenesis of the disease", *Archives of gynecology and obstetrics*, Vol.292, pp.973-986, April 2015.
DOI: <https://doi.org/10.1007/s00404-015-3739-5>
- [40] T. P. Dalton, J. K. Kerzee, B. Wang, M. Miller, M. Z. Dieter, et al., "Dioxin exposure is an environmental risk factor for ischemic heart disease", *Cardiovascular toxicology*, Vol.1, pp.285-298, December 2001.
DOI: <https://doi.org/10.1385/CT:1:4:285>
- [41] M. Nishijo, P. T. Tai, H. Nakagawa, S. Maruzeni, N. T. N. Anh, et al., "Impact of perinatal dioxin exposure on infant growth: a cross-sectional and longitudinal studies in dioxin-contaminated areas in Vietnam", *PloS one*, Vol.7, No.7, July 2012.
DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0040273>
- [42] F. Deng, T. Peng, Z. Zhang, S. Howe, Z. Wu, et al., "Time Affects the Archaeal Community Structure and Functional Potential in Pigs", *Frontiers in Microbiology*, Vol.13, 845621., March 2022.
DOI: <https://doi.org/10.3389/fmicb.2022.845621>
- [43] A. C. Wiese, W. P. Lehrer Jr, P. R. Moore, O. F. Pahnish, W. V. Hartwell, "Pantothenic acid deficiency in baby pigs", *Journal of Animal Science*, Vol.10, No.1, pp.80-87, February 1951.
DOI: <https://doi.org/10.2527/jas1951.10180x>
- [44] J. W. Smith, M. D. Tokach, P. R. O'Quinn, J. L. Nelssen, R. D. Goodband, "Effects of dietary energy density and lysine: calorie ratio on growth performance and carcass characteristics of growing-finishing pigs", *Journal of Animal Science*, Vol.77, No.11, pp.3007-3015, November 1999.
DOI: <https://doi.org/10.2527/1999.77113007x>

임진아(Jin-A Lim)

[정회원]



- 2017년 2월 : 전남대학교 동물산업학과 (농학석사)
- 2021년 1월 ~ 현재 : 국립축산과학원 동물유전체과 농업연구사

<관심분야>

유전체, 마이크로바이옴

차 지 혜(Jihye Cha)

[정회원]



- 2020년 2월 : 충남대학교 축산학과 가축번식육종학 (농학석사)
- 2017년 11월 ~ 현재 : 국립축산과학원 동물유전체과 농업연구사

<관심분야>
유전체육종

김 다 혜(Dahye Kim)

[정회원]



- 2012년 2월 : 순천대학교 대학원 동물자원과학과 (농학석사)
- 2016년 3월 : (일)돗토리대학 농학연구과 (농학박사)
- 2020년 5월 ~ 2022년 1월 : 제주대학교 동물생명공학과 연구교수
- 2022년 1월 ~ 현재 : 국립축산과학원 동물유전체과 농업연구사

<관심분야>
전사체, 세포생리