

# 포유자돈 일당증체에 따른 장내 미생물 변화 연구

임진아\*, 차지혜\*, 최소영\*  
\*국립축산과학원 동물유전체과  
e-mail:dlawlsdk159@korea.kr

## Changes in Gut Microbial Composition According to Average daily gain of Nursing Piglets

Jin-A Lim\*, Jihye Cha\*, Soyoung Choi\*

\*National Institute of Animal Science, Rural Development Administration

### 요약

장내 미생물의 구성과 숙주의 성장은 밀접하게 연관되어 있다. 특히 신생기는 장내 미생물이 정착하는 시기이며, 급격한 변화를 겪는다. 따라서 신생기에 유익한 미생물이 조기에 정착하는 것은 매우 중요하다. 본 연구에서는 포유기 자돈의 일당증체량과 장내 미생물 간의 연관성을 조사하기 위하여 동일한 환경에서 사육된 생후 21일령 자돈을 대상으로 평균 일당증체량 상·하위 10%를 두 그룹으로 나누어 장관 별 미생물을 분석하였다. 일당증체량 그룹 간 장내미생물 구성을 비교한 결과 상위그룹에서 *Bacteroides*, *Romboutsia*, 하위그룹에서 *Clostridium\_sensu\_stricto\_1*, *Prevotella* 풍부도가 높았다. 이러한 미생물의 다양성과 조성은 돼지의 성장과 관련이 있을 것으로 보인다. 또한, 일당증체량 그룹 간 소장과 대장에서의 미생물 대사도 상이한 경향을 보였는데, 이는 영양소의 분해와 흡수에 영향을 미치는 것으로 추정됩니다. 이러한 연구 결과는 포유자돈의 성장과 미생물 간 상호작용을 이해하는 데 중요한 기초를 제공하며, 향후 미생물의 유전체와 숙주의 유전체 간 상관관계를 조사하는 연구가 필요할 것으로 사료된다.

### 1. 서론

돼지는 2022년 농업 생산액의 1위를 차지할 만큼 농업에서 중요한 산업 중 하나이다[1]. 생산액이 높은 만큼 생산비도 매년 증가하고 있으며, 생산액 중 60%는 사료비가 차지하고 있다. 돼지의 사료는 대부분이 곡물로 이루어져 있으며, 사료 곡물은 수입에 의존하고 있어 사료비는 매년 증가하고 있다. 사료비를 절감하는 방안 중 하나로 사료 효율을 개선할 수 있는 장내 미생물이 주목받고 있다.

장내 미생물은 돼지의 장에 공생하면서 돼지가 소화하지 못하는 영양소를 분해하여 이용할 수 있는 형태인 단쇄지방산(SCFA)로 제공하며[2], 돼지에게 필요한 아미노산, 비타민, 단백질 등을 공급해주는 역할을 수행한다[3,4]. 이러한 장내 미생물의 기능이 돼지의 강건성과 생산성 향상에 도움을 줄 수 있다.

신생기는 장내 미생물이 정착하는 시기이며, 모돈과 외부 환경에서 유입되는 미생물들에 의해 급격하게 조성이 변화한

다. 따라서 초기 성장시기에 유익한 미생물이 조기에 정착하는 것은 향후 돼지의 성장에 매우 중요하다[5,6]. 본 연구는 장내 미생물의 조성이 돼지의 성장에 영향을 미친다는 이론을 바탕으로 포유기 자돈의 성장과 장내 미생물과의 연관성을 확인하기 위하여 연구를 수행하였다.

### 2. 재료 및 방법

#### 2.1 시료 수집

동일한 환경에서 사육된 LYD(Landrace x Yorkshire x Duroc) 21일령 교잡돈을 대상으로 생시부터 21일까지 체중을 측정하였으며, 평균 일당증체량을 조사했다. 그중 상위 그룹과 하위 그룹으로 나누어 총 11마리의 자돈을 실험에 이용하였다. 21일령 자돈의 장관별(십이지장, 공장, 회장, 맹장, 결장, 직장) 내용물을 NB bio 미생물 수송배지(NBG-2, Noble bio, Korea)에 보관한 후, 수집된 시료는 DNA 추출 전까지 -80°C에 보관하였다.

#### 2.2 미생물 DNA 추출 및 16S rRNA 시퀀싱

자돈의 장내 미생물 균총을 분석하기 위하여 QIAGEN Dneasy powersoil pro kit(QIAGEN, Hilden, Germany)를 이용하여 제조사의 실험방법에 따라 미생물 DNA를 추출하였다. DNA의 농도와 순도는 SpectraMax Plus 384 spectrophotometer(Molecular Devices, USA)를 통해 측정하였다. 추출된 DNA는 미생물 군집 분석을 위해 Illumina MiSeq(Illumina, San Diego, California, USA) platform을 사용하여 초가변영역인 V3-V4 16S rRNA sequencing 데이터를 생산하였다.

### 2.3 미생물 조성 분석

QIIME2(Quantitative Insights into Microbial Ecology, version 2021.11)를 이용하여 자돈 장관별 미생물 조성을 분석하였다[7]. Observed features와 Shannon diversity index를 이용하여 두 그룹 간 장관별 미생물 풍부도와 균등도를 확인하였으며, 일당증체량 그룹 간 미생물 분류학적 다양성 거리는 Bray-Curtis를 이용하여 측정하였다. 두 그룹 미생물의 대사를 예측하기 위하여 Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes(KEGG) database를 기반으로 한 PICRUSt 패키지를 활용하였다[8].

### 2.4 통계분석

Permutational Multivariate Analysis of Variance(PERMANOVA), Wilcoxon test, t-test를 이용하여 일당증체량 그룹 간 미생물 유의성검정을 실시하였다[9].

## 3. 결과

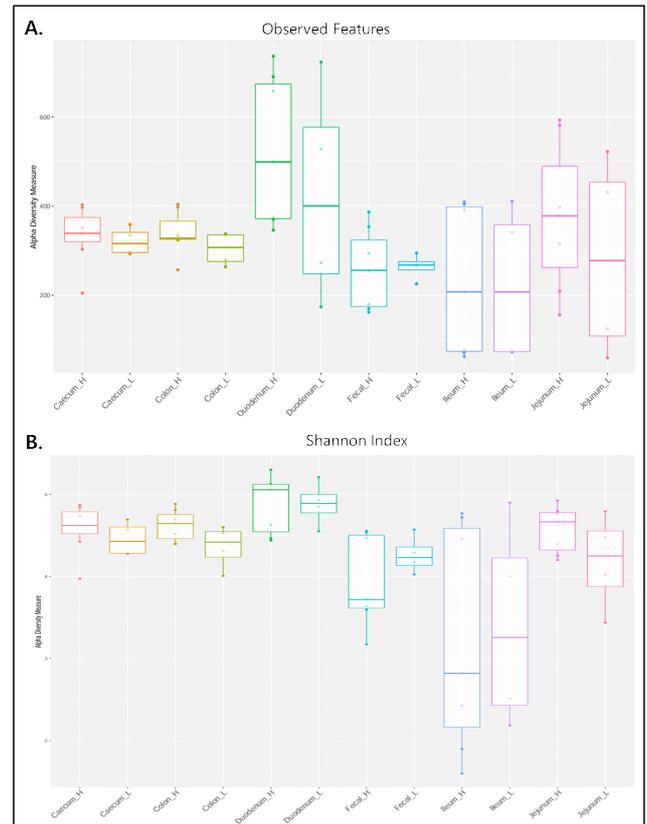
### 3.1 장내 미생물 다양성과 조성 분석

일당증체량 상위, 하위 그룹 간 장관별 미생물 풍부도(Observed features)와 균등도(Shannon)의 유의적 차이는 없었다. 장관별 미생물 다양성을 비교하였을 때 십이지장의 미생물이 다양성과 균등도가 가장 높았으며, 회장에서 가장 낮은 것을 확인하였다.(그림1)

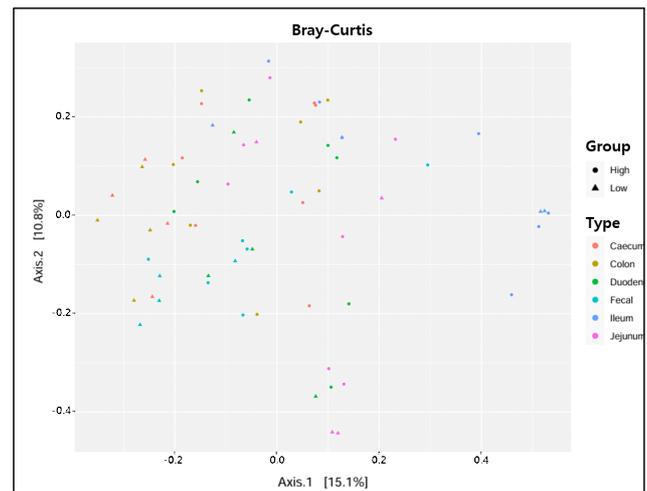
일당증체량 그룹 간 장관별 미생물 유사도를 확인한 결과 소장과 달리 대장(맹장, 결장, 직장)에서 미생물 조성의 유의적 차이가 존재하였다.(그림2, PERMANOVA,  $p < 0.05$ )

21일령 자돈의 장내 미생물 조성을 문(Phylum)수준에서 분석한 결과 모든 장관의 주요 미생물은 *Bacteroidota*와 *Firmicute*이다.(그림3A) 상대적풍부도 1% 이상인 미생물을 대상으로 속(Genus) 수준에서 장관별 일당증체량 그룹 간 유의적인 차이를 보인 미생물을 확인하였다.(그림3B) 공장에서 *Clostridium sensu stricto\_1*과 *Terrisporobacter*가 하위 그룹에서 높았으며, 맹장과 결장에서 *Bacteroides*,

*Romboutsia*, *Terrisporobacter*는 상위그룹에서, *Prevotella*는 하위그룹에서 높은 것을 확인하였다.(T-test,  $p < 0.05$ )



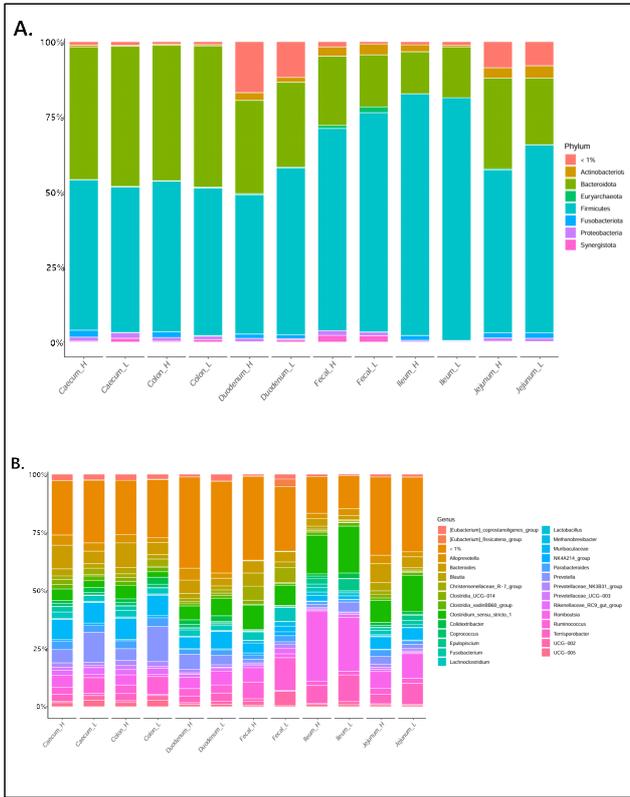
[그림 1] 일당증체량 그룹 간 장관별 미생물 풍부도 및 균등도(H: 상위 10% 그룹, L: 하위 10% 그룹)



[그림 2] 일당증체량 그룹 간 장관별 미생물 조성 유사성

### 3.2 PICRUSt를 활용한 미생물 대사기능 비교 분석

일당증체량 그룹 간 소장의 장관별 미생물 대사를 비교하였다.(그림4) 하위그룹의 소장에서는 병원성 미생물 연관 대사가 높게 나타난 반면, 상위그룹에서는 단백질과 탄수화물 연관 대사가 높은 것을 확인하였다. 대장에서는 소장과 반대로 하위그룹에서 단백질, 탄수화물 대사가 높은 것을 확인하였다.(그림5)



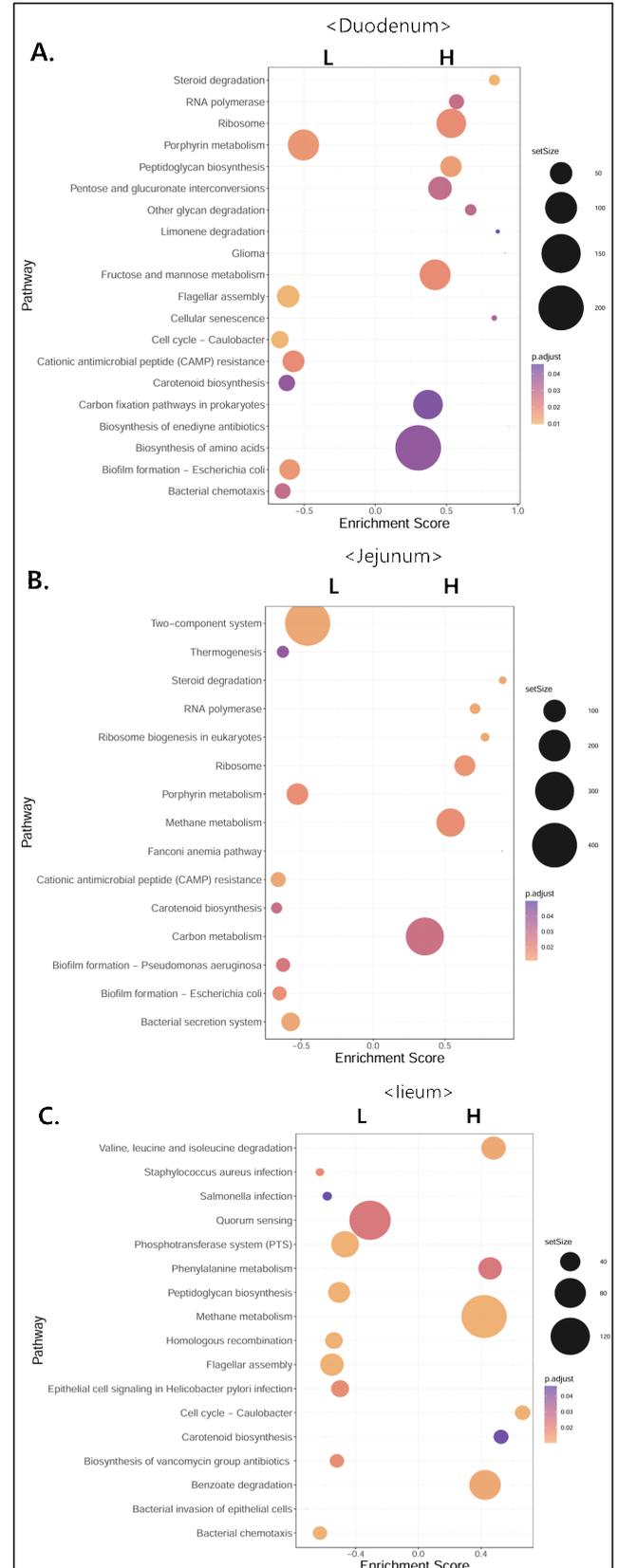
[그림 3] 일당증체량 그룹 간 장관별 미생물 조성 분석

#### 4. 결론

본 연구는 포유자돈의 일당증체량에 따른 장내 미생물 특성을 비교하기 위해 수행하였다. 일당증체량은 두 그룹 간 미생물 풍부도(Observed features)와 균등도(Shannon)에 영향을 미치지 않았으나 미생물 조성에 차이가 있음을 확인하였다. (그림1,2) 상대적풍부도 1% 이상인 속(Genus) 수준 미생물 조성 차이를 확인한 결과, 하위그룹에서는 *Clostridium\_sensu\_stricto\_1*, *Prevotella*가, 상위그룹에서는 *Bacteroides*, *Romboutsia*가 풍부한 것을 확인하였다.(그림3) *Clostridium\_sensu\_stricto\_1*은 저체중 출생 신생아의 장에 풍부하다고 알려져있으며, 프로바이오틱스 급여시 감소하였다.[10] *Prevotella*는 섬유소 분해능이 있으며, *Bacteroides*는 유당을 포함한 탄수화물 분해능을 보유하고 있어 식이에 따라 장내 미생물 우점도가 달라진다.[11] *Bacteroides*는 모유 올리고당을 분해하여 모유와 향후 고형 식품 소화를 도와줄 수 있는 비피도박테리아를 포함한 유용 미생물을 유아 장으로 유인하는 역할을 수행한다.[12]

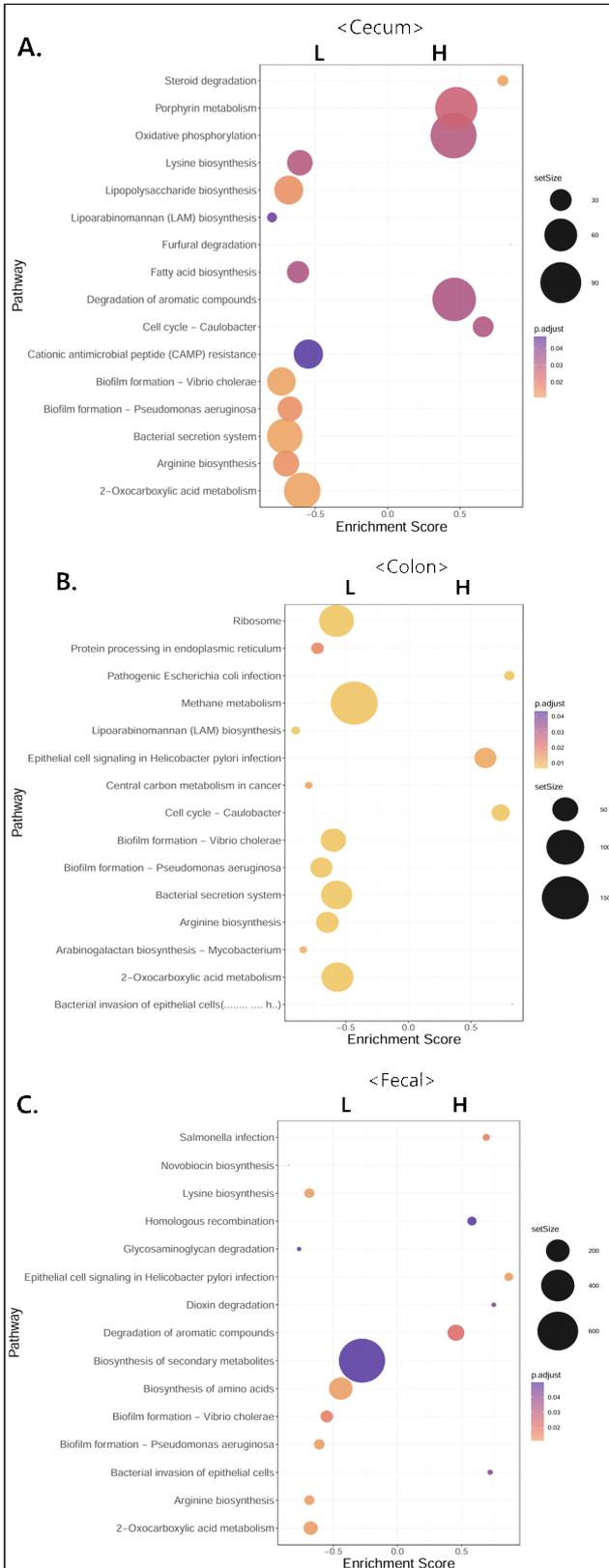
다음으로 일당증체량 그룹간 장관별 미생물 대사를 비교하였다. 단백질과 탄수화물 대사가 상위그룹에서 소장에서는 높게 나타난 반면, 하위그룹에서는 대장에서 높게 나타났다. 단위동물에서는 소장에서 영양소가 분해·흡수하기 때문에 미생물에서 유래된 영양소들은 소장에서 활용될 수 있다. 이러한 미생물 기능과 대사가 포유 자돈의 일당증체량에 영향을

미친 것으로 사료된다. 본 연구 결과는 포유자돈의 성장과 장내 미생물 간의 상호작용을 이해하는 데 있어 중요한 기초를 제공한다. 자돈의 성장과 연관된 핵심 미생물을 발굴하기 위해서는 미생물 전장유전체와 숙주의 유전체의 상관관계를 구명하는 연구가 필요하다.



[그림 4] 일당증체량 그룹 간 소장별 미생물 대사기능 비교

참고문헌



[그림 5] 일당증체량 그룹 간 대장별 미생물 대사기능 비교

[1] 농림축산식품부, “2022 농림업 생산액 및 생산지수”, 11월, 2023년.

[2] Das, Bhabatosh, and G. Balakrish Nair, "Homeostasis and dysbiosis of the gut microbiome in health and disease.", *Journal of biosciences*, 제 44권, pp.1-8, 9월, 2019년.

[3] LeBlanc, Jean Guy, et al., "Bacteria as vitamin suppliers to their host: a gut microbiota perspective.", *Current opinion in biotechnology*, 제 24권 2호, pp.160-168, 4월, 2013년.

[4] Lin, Rui, et al., "A review of the relationship between the gut microbiota and amino acid metabolism.", *Amino acids*, 제 49권, pp. 2083-2090, 9월, 2017년.

[5] Martin, Rocio, et al., "Early life: gut microbiota and immune development in infancy.", *Beneficial microbes*, 제 1권, 4호, pp.367-382, 12월, 2010년.

[6] Rodríguez, Juan Miguel, et al., "The composition of the gut microbiota throughout life, with an emphasis on early life.", *Microbial ecology in health and disease*, 제 26권 1호, 26050, 2월, 2015년.

[7] Hall, Michael, and Robert G. Beiko, "16S rRNA gene analysis with QIIME2." *Microbiome analysis: methods and protocols*, 제 1849권, pp.113-129, 10월, 2018년.

[8] Langille, Morgan GI, et al., "Predictive functional profiling of microbial communities using 16S rRNA marker gene sequences.", *Nature biotechnology*, 제 31권, 9호, pp.814-821, 8월, 2013년.

[9] Xia, Yinglin, and Jun Sun., "Hypothesis testing and statistical analysis of microbiome.", *Genes & diseases*, 제 4권, 3호, pp.138-148, 9월, 2017년.

[10] Chi, Cheng, et al., "Effects of a formula with a probiotic *Bifidobacterium lactis* supplement on the gut microbiota of low birth weight infants.", *European journal of nutrition*, 제 59권, pp.1493-1503, 6월, 2020년.

[11] Kovatcheva-Datchary, Petia, et al., "Dietary fiber-induced improvement in glucose metabolism is associated with increased abundance of *Prevotella*.", *Cell metabolism*, 제 22권, 6호. pp. 971-982., 12월, 2015년.

[12] Marcobal, Angela, et al., "Bacteroides in the infant gut consume milk oligosaccharides via mucus-utilization pathways.", *Cell host & microbe*, 제 10권, 5호, pp. 507-51, 11월, 2011년.