

새끼 돼지 초기 성장 관여하는 장내 미생물 밝혀

- 새끼 돼지(자돈) 분변 미생물 유전체 활용 ... 성장 연관 미생물 발굴
- 돼지 성장 능력 높이는 데 유용한 사료첨가제 개발 소재로 활용 가능

농촌진흥청(청장 조재호)은 새끼 돼지(자돈)의 분변에서 추출한 유전체 정보를 활용해 성장 능력을 예측하는 데 활용할 수 있는 미생물을 발굴했다고 밝혔다.

장내 미생물은 돼지의 창자(장관)에 공생하면서 창자 안의 면역세포 발달과 난소화성 섬유질을 분해해 돼지의 성장을 촉진하는 데 도움을 준다.

연구진은 하루 동안 늘어난 몸무게(일당 증체량)가 많이 나가는 새끼 돼지 집단과 적게 나가는 집단을 대상으로 각 집단 분변에서 나타나는 미생물과 새끼 돼지 성장 사이의 연관성을 분석했다.

그 결과, 몸무게 증가 비율이 높고 낮음에 따라 상대적 풍부도*가 유의적으로 다르게 나타나는 25개 미생물을 발굴했다.

*특정 미생물이 주어진 환경 내에서 차지하는 비율을 나타내는 지표

몸무게 증가율이 높은 집단에서 발굴한 미생물 가운데 상대적 풍부도가 높았던 마빈브리안티아(Marvinbryantia), 무리바쿨라세아(Muribaculaceae), 코프로코쿠스(Coprococcus)는 돼지가 식물의 다당류를 에너지원으로 활용하게끔 크기가 작은 지방산으로 분해하는 기능이 있는 것으로 확인했다.

농촌진흥청은 이번에 발굴한 미생물을 활용해 체중 증가율이 높은 새끼

돼지를 예측할 수 있을 것으로 내다봤다. 아울러 돼지의 초기 성장 능력 향상에 도움을 줄 수 있는 사료첨가제 소재 개발 등 우리나라 양돈의 생산성 개선에 활용할 수 있을 것으로 기대된다.

이 연구 결과는 국내 학술지 ‘한국산학기술학회’에 게재되어 학술적으로 가치를 인정받았다.

농촌진흥청 국립축산과학원 동물유전체과 조용민 과장은 “축산분야 항생제 사용을 우려하는 목소리가 높아짐에 따라 가축 생산성을 높이는 장내 미생물 활용에 관심이 크다.”라며 “앞으로 장내 미생물의 유전정보뿐만 아니라 돼지의 유전 특성을 고려한 유용 미생물을 발굴하고 현장에 적용할 수 있는 기술 개발에 더욱 매진하겠다.”라고 말했다.

붙임. 새끼 돼지 일당 증체량 연관 미생물 조성 발굴

담당 부서	국립축산과학원 동물유전체과	책임자	과 장	조용민 (063-238-7300)
		담당자	연구사	임진아 (063-238-7303)

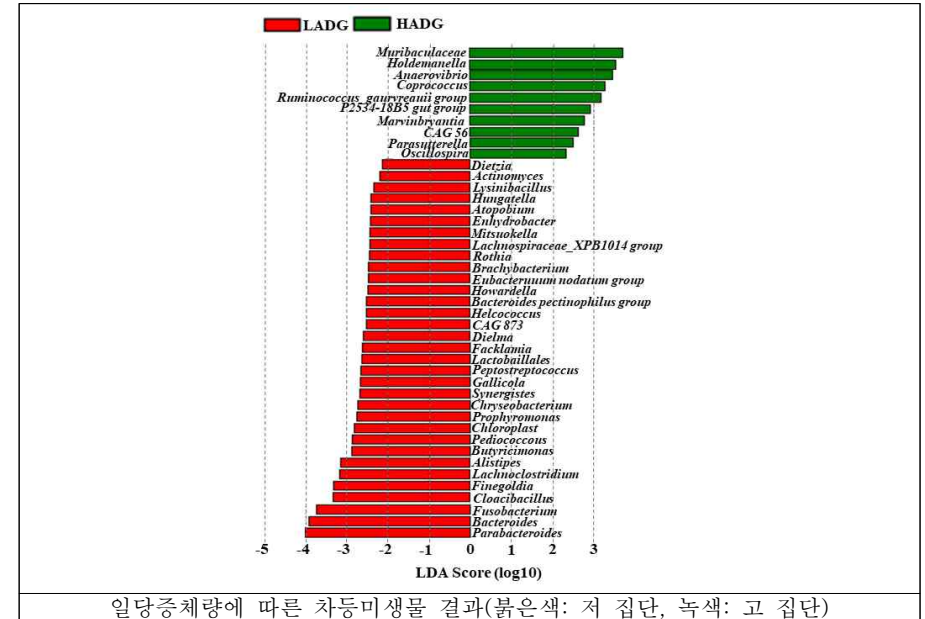
□ 자돈 일당증체량 연관 핵심 미생물 탐색

○ 분석 방법

- 생시부터 이유시까지 총 28일간 자돈의 일당증체량을 조사하였으며, 그 중 일당증체량 고 집단(상위 10%)와 저 집단(하위 10%)으로 나눈 총 42마리의 자돈을 대상으로 분변에서 미생물 유전체 정보를 생산함
- 미생물 유전체 정보를 활용하여 두 집단 간 미생물 조성을 비교하였으며, 비교를 통해 얻어진 차등미생물과 일당증체량 간의 연관성 분석을 수행함

○ 일당증체량에 따른 분변 내 차등미생물 분석 결과

- 미생물 풍부도 정보를 활용하여 두 집단 간 선형판별분석효과 크기 비교 결과 차등미생물 43개 속을 확인함(고 집단: 10개 속, 저 집단: 33개 속)



○ 자돈 일당증체량 연관 핵심 미생물 발굴

- 차등미생물의 풍부도와 일당증체량 간의 연관성 분석을 통해 일당증체량과 양의 상관관계를 갖는 미생물 4개 속과 음의 상관관계를 갖는 미생물 21개 속을 확인함
- 양의 상관관계를 갖는 미생물 중 마빈브리안티아, 무리바쿨라세아, 코프로코쿠스(Marvinbryantia, Muribaculaceae, Coprococcus)는 식물성 다당류를 발효하여 숙주가 활용 가능한 에너지원인 단쇄지방산을 제공하며, 파라수테렐라(Parasutterella)는 숙신산을 생성하여 병원성 미생물의 정착을 저해하는 기능을 수행하여 자돈의 성장에 기여한 것으로 보임

자돈 일당증체량에 따른 장내 미생물 변화 연구

임진아, 차지혜, 김다혜*
국립축산과학원 동물유전체과

Study of gut microbiota changes with average daily gain in piglets

Jin A Lim, Jihye Cha, Dahye Kim*

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

요약 장내 미생물의 조성은 숙주의 성장과 밀접한 관련이 있다. 자돈의 일당증체량과 장내 미생물 간의 연관성을 조사하기 위하여 생후 28일령 자돈 42두의 평균 일당증체량 상·하위 10%를 대상으로 두 그룹(상위: HADG, 하위: LADG)으로 나누어 장내 미생물을 분석하였다. 두 그룹 간 장내미생물 조성을 비교한 결과 HADG에서 *Firmicutes* 문의 풍부도가 LADG보다 높았다. 미생물 기능 예측 분석을 통해 HADG의 장내미생물은 리보솜 생합성과 메탄 대사와 관련이 있었으며, LADG은 질병 관련 대사와 유기화합물 분해 대사 관련 기능을 하는 미생물의 분포가 높았다. 두 그룹의 상대적 미생물 풍부도 비교를 통해 차등미생물 33개 속을 확인하였으며(LDA)2, $p < 0.05$), 미생물과 일당증체량 사이의 상관관계를 조사하기 위해 spearman's correlation 분석을 수행하였다(RI)4. 그 결과 일당증체량과 양의 상관관계를 갖는 4개 속, 음의 상관관계를 갖는 21개 속을 발굴하였다. 특히 일당증체량과 양의 상관관계를 갖는 *Marvinbryantia*, *Muribaculaceae*, *Coproccoccus*, *Parasutterella*는 식물을 다당류를 SCFA로 발효하여 숙주의 에너지를 제공하고 장내 환경 조절을 통하여 성장을 촉진하는 역할을 수행한다. 이 연구 결과는 장내 미생물을 활용하여 일당증체량을 예측할 수 있는 가능성을 제시하며, 자돈의 건강과 생산성을 향상하는데 기여할 수 있는 새로운 통찰력을 제시할 수 있을 것으로 기대한다.

Abstract The composition of gut microbiota is closely related to host growth. This study was performed to investigate the correlation between piglet average daily gain (ADG) and gut microbiota composition. The study was conducted on forty-two 28-day-old piglets, which were divided into top and bottom 10% groups based on ADG. Analysis of gut microbiota compositions in these groups revealed that the Firmicutes phylum was more abundant in the high ADG group. Additionally, functional prediction analysis showed ribosome biogenesis and methane metabolism were elevated in the high ADG group. Conversely, the low ADG group had a higher prevalence of disease-related metabolic features and higher levels of organic compound degradation. Analysis of the relative abundances of microbiota in the two ADG groups identified 33 differentially abundant microbial genera (LDA) 2, $p < 0.05$). Spearman's correlation analysis of relationships between the abundances of these microbes and ADG revealed that four genera were positively correlated and 21 genera were negatively correlated with weight gain. Notably, *Marvinbryantia*, *Muribaculaceae*, *Coproccoccus*, and *Parasutterella*, which were positively correlated, were found to participate in the fermentation of plant polysaccharides into short-chain fatty acids (SCFA) to provide energy for the host and promote growth. This study provides new insights that could enhance piglet health and productivity and suggests gut microbiota might be used to predict piglet weight gain.

Keywords : Piglet, Average Daily Gain, Gut Microbiota, Correlation, Growth

본 논문은 농촌진흥청 연구사업(202101581401, "자돈 초기 장내 미생물 군총 형성 요인 평가 및 자돈 면역인자와의 연관성 규명")의 지원으로 수행되었음.

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

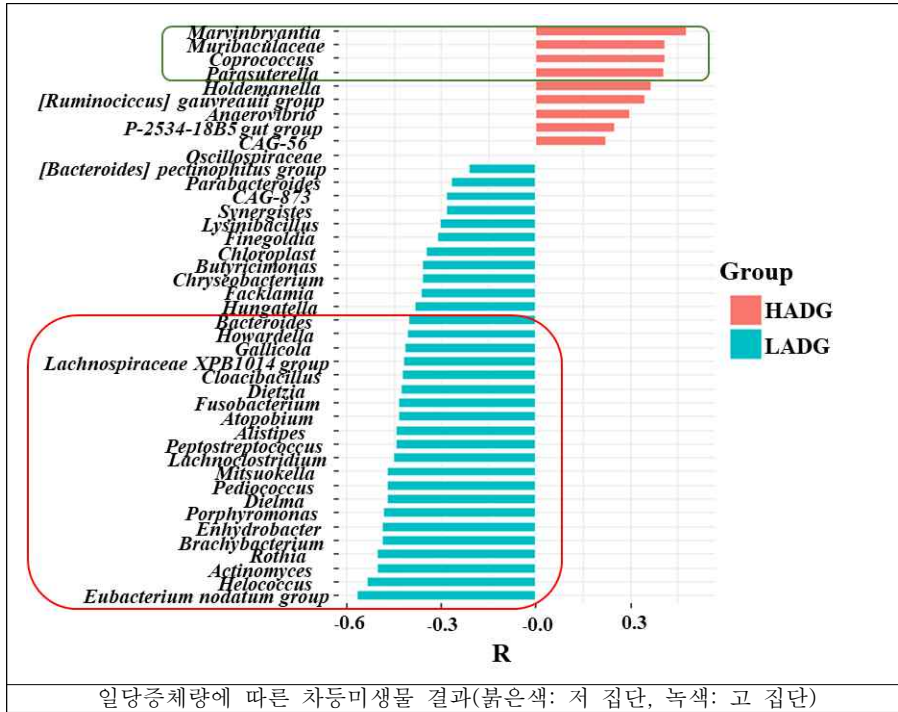
email: dhkim0724@korea.kr

Received August 25, 2023

Accepted October 6, 2023

Revised October 5, 2023

Published October 31, 2023



□ 논문 게재