

반려견 성장 시기별 장내 미생물 특징 밝혀

- 진도개 분변에서 장내 미생물 군집 분석 ... 4개월령, 16개월령의 미생물 발굴
- 반려견 건강을 위한 유용 미생물 제제 연구에 활용 가능

농촌진흥청(청장 조재호)은 진도개* 분변 미생물 유전자 정보를 분석해 반려견 성장 시기에 따라 다르게 나타난 미생물 군집(마이크로바이옴**)과 기능을 밝혔다.

- * '진도개'는 품종별 분류에 따른 명칭. 표준어 표기법상 '진돗개'는 '진도' 지역에서 키우는 특산종 '개'를 뜻하는 단순 합성 명사로 구별됨
- ** 동식물, 토양 등 모든 환경에 존재하는 미생물군 및 관련 유전정보를 총칭해서 일컫는 말. 마이크로비오타(Microbiota) +게놈(Genome)의 합성어

장내 미생물은 숙주와 공생하고 서로 영향을 주고받으면서 환경, 식이, 성장 및 발달 등에 따라 변화한다. 또한 면역, 대사성 질환, 치매 등 숙주의 건강과도 관련된다고 알려져 있다. 그동안 반려견 장내 미생물 군집 연구는 주로 성견 위주로 진행했으며, 국내 품종 연구는 많지 않았다.

연구진은 같은 먹이를 급여한 진도개 4개월령과 16개월령의 분변에서 성장 시기에 따른 개체별 미생물 군집을 비교했다.

4개월령에서는 락토바실러스*(4개월령: 27.1%→16개월령: 2.9%) 속(屬, genus) 등 10개 미생물 군집이 16개월령보다 유의하게 높은 것으로 나타났다. 락토바실러스는 장내에서 유해균을 막고 지방산의 일종인 공액리놀레산** 합성대사에 관여해 골밀도와 면역 증진에 도움을 준다고 알려져 있다.

- * Lactobacillus, 산을 생성하는 젖산균으로 유산균이라고 불리는 균주가 속하는 속
- ** conjugated linoleic acid, 필수지방산인 리놀레산(linoleic acid)의 이성질체 지방산이며 오메가-6의 일종

16개월령에서는 박테로이데스*(4개월령: 0.6%→16개월령: 11%) 속 등 13개의 미생물 군집이 4개월령보다 높은 것으로 확인했다. 박테로이데스는 탄수화물, 단백질 등 영양소 대사에 관여하는 것으로 알려져 있다. 성장할수록 먹이를 섭취하는 양이 늘면서 관련 기능을 하는 미생물 군집이 증가한 것으로 보인다.

- * Bacteroides, 장내 미생물 군집의 주요 속으로 알려져 있으며 동물성 식단을 섭취하는 사람에게서 우세하게 나타나는 속

미생물 군집의 풍부도를 기반으로 주요 기능을 분석한 결과, 4개월령에서는 '지질 수송 및 대사 관련 기능'이 확인됐고, 16개월령에서는 '아미노산, 탄수화물 수송 및 대사 기능'이 나타났다. 젓 뎀(이유) 후부터 같은 먹이를 섭취했는데도 불구하고 차이를 보이는 것은 성장 시기에 따라 미생물 군집의 역할이 달라질 수 있음을 시사한다.

농촌진흥청은 이번 연구 결과를 토대로 진도개 미생물 군집의 특성을 파악하고, 성장 시기에 따른 주요 미생물을 발굴해 성장 단계별 반려견 유용 미생물 제제를 개발하는 데 활용할 수 있을 것으로 예상했다. 이 연구 결과는 국제 학술지 '애니멀스(Animals, IF:3.0)'에 게재돼 학술적으로 가치를 인정받았다.

농촌진흥청 국립축산과학원 동물유전체과 조용민 과장은 "반려동물의 건강에 관련된 프로바이오틱스 시장이 국제적으로 확대됨에 따라 국산 미생물 제제의 개발이 필요한 실정이다."라며 "앞으로 장내 미생물의 조성뿐만 아니라 여러 강건성 지표와의 연계성을 연구해 향후 성장 단계별로 적용할 수 있는 미생물 자원을 발굴하도록 하겠다."라고 말했다.

붙임. 반려견 성장 시기에 따른 장내 미생물 군집 특징

담당 부서	국립축산과학원 동물유전체과	책임자	과 장	조용민 (063-238-7300)
		담당자	연구사	최소영 (063-238-7308)

붙임

반려견 성장 시기에 따른 장내 미생물 군집 특징

□ 진도개 성장 시기에 따른 미생물 탐색

○ 분석 방법

- 진도개 4개월령 및 16개월령 시기의 분변을 채취하여 미생물 유전체 정보를 생산함
- 미생물 유전체 정보를 활용해 성장 시기 간 미생물 조성을 비교했으며, 비교 결과 나타난 차등 미생물과 각 시기의 미생물 군집의 기능성을 예측

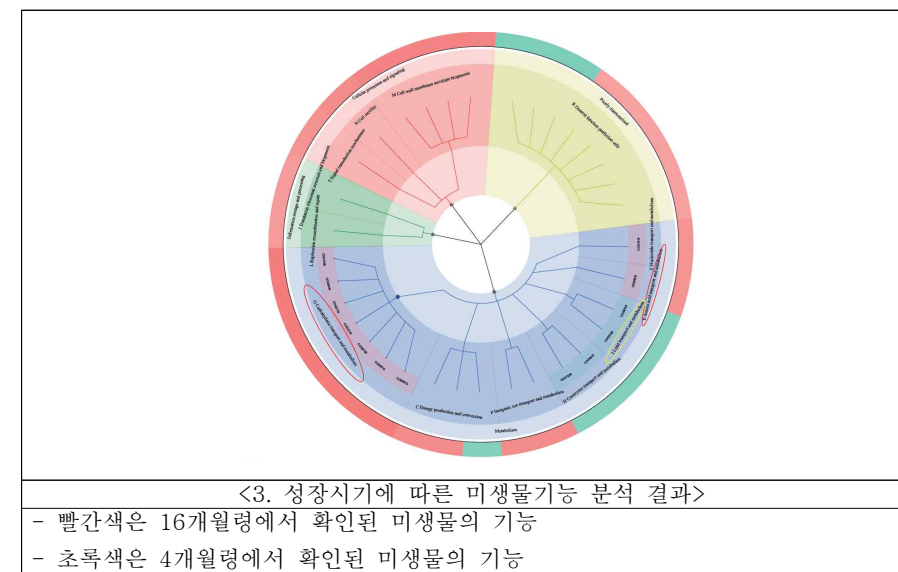
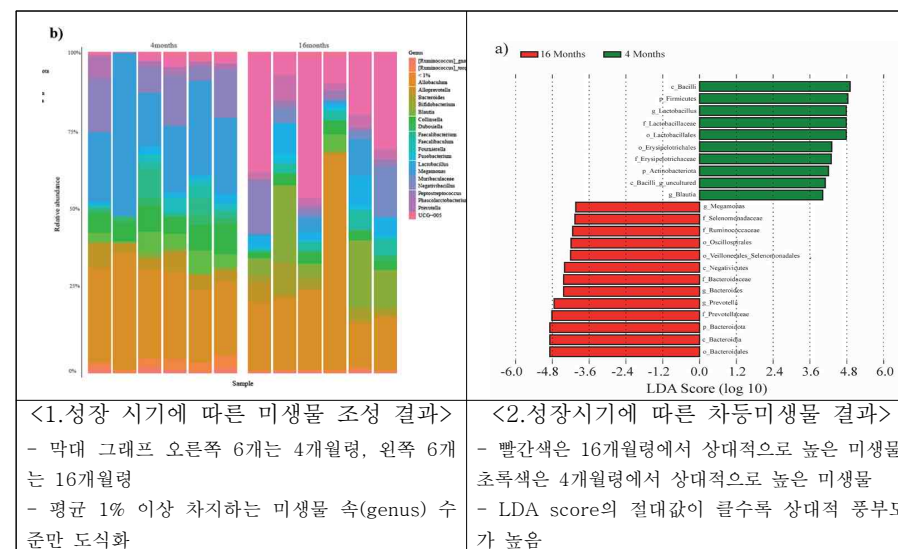
○ 미생물 조성 확인

- 속(屬) 수준에서는 4개월령에서 락토바실러스(27.1%)가 단일 속(屬, genus) 수준에서 가장 높은 비율을 차지. 16개월령에서는 프레보텔라(23.8%)가 단일 속 수준에서 가장 높은 비율을 차지했고, 그 다음으로 박테로이데스(11%)가 차지함.

○ 성장시기에 따른 분변 내 차등미생물 분석 결과

- 미생물 풍부도 정보를 활용해 두 집단 간 선형관별분석효과 크기 비교 결과 차등미생물 23개 속을 확인(4개월령: 10개 속, 16개월령: 13개 속)
- 차등미생물의 풍부도 정보를 이용해 미생물 군집이 각 성장 시기에 따라 어떠한 기능이 있는지 확인함(총 4,270개의 예측 유전자 확인)
- 기능 차이 분석 결과, ‘탄수화물 수송 및 대사’, ‘아미노산 수송 및 대사’, ‘뉴클레오타이드 수송 및 대사’는 16개월령에서 유의했으며, ‘코엔자임 수송 및 대사’와 ‘지질 수송 및 대사’는 4개월령에서 유의하게 확인됨
- 4개월령과 16개월령 모두 같은 식이를 섭취하였으나, 장내 마이크로바이옴 조성 과 기능적 특징이 다름을 확인. 16개월령에서 탄수화물, 아미노산 대사가 유의하게 나타난 이유는 식이를 섭취하는 양이 늘어나면서 탄수화물과 단백질을 분해할 수 있는 박테로이데스와 같은 미생물 군집이 증가한 것으로 예상됨. 또한 4개월령에서 지질 대사 관련 유전자가 유의하게 나타난 이유는 섭취한 사료의 양이 16개월령에 비해 적고 어릴 때 섭취한 유지방과 관련된 미생물이 아직 상대적으로 남아있을 것이라고 사료됨. 4개월령에서 유의하게 높게 나타난 락토바실러스는 유당 분해 미생물이며, 지질대사물을 이용해 뼈 생성과 면역에 도움을 준다고 알려져 있음¹⁾²⁾



□ 분석 결과



1) Ogawa, J.; Kishino, S.; Ando, A.; Sugimoto, S.; Mihara, K.; Shimizu, S. Production of conjugated fatty acids by lactic acid bacteria. *J. Biosci. Bioeng.* **2005**, *100*, 355-364.
 2) Schoeler, M.; Caesar, R. Dietary lipids, gut microbiota and lipid metabolism. *Rev. Endocr. Metab. Disord.* **2019**, *20*, 461-472.

Article

Insight into the Fecal Microbiota Signature Associated with Growth Specificity in Korean Jindo Dogs Using 16S rRNA Sequencing

So-Young Choi ¹, Bong-Hwan Choi ², Ji-Hye Cha ¹, Yeong-Jo Lim ¹, Sunirmal Sheet ¹, Min-Ji Song ¹, Min-Jeong Ko ¹, Na-Yeon Kim ¹, Jong-Seok Kim ³, Seung-Jin Lee ³, Seok-II Oh ³ and Won-Cheoul Park ^{1,*}

¹ Animal Genome and Bioinformatics, National Institute of Animal Science, Rural Development Administration, Iseo-myeon, Wanju-gun 55365, Korea
² Animal Genetic Resources Research Center, National Institute of Animal Science, Rural Development Administration, Hamyang 50000, Korea
³ Korean Jindo and Domestic Animals Center, Jindo-gun 58915, Korea
 * Correspondence: wcpark1982@korea.kr; Tel.: +82-63-238-7317

Simple Summary: Microbiomes have a proven effect on canine growth; however, there is a lack of research on the microbiomes associated with growth and development in Jindo dogs. The results of this study showed compositional differences in the fecal microbiome between young and adult dogs. We confirmed the composition and functional differences in the fecal microbial community genes between 4- and 16-month-old dogs in this study. To the best of our knowledge, this is the first report of the fecal microbiome based on the growth stages of Jindo dogs.

Abstract: Gut microbiomes are well recognized to serve a variety of roles in health and disease, even though their functions are not yet completely understood. Previous studies have demonstrated that the microbiomes of juvenile and adult dogs have significantly different compositions and characteristics. However, there is still a scarcity of basic microbiome research in dogs. In this study, we aimed to advance our understanding by confirming the difference in fecal microbiome between young and adult dogs by analyzing the feces of 4-month and 16-month-old Jindo dogs, a domestic Korean breed. Microbiome data were generated and examined for the two age groups using 16S rRNA analysis. Comparison results revealed that the 16-month-old group presented a relatively high distribution of *Bacteroides*, whereas the 4-month-old group presented a comparatively high distribution of the *Lactobacillus* genus. Microbial function prediction analyses confirmed the relative abundance of lipid metabolism in 4-month-old dogs. In 16-month-old dogs, glucose metabolism was determined using microbial function prediction analyses. This implies that the functional microbiome changes similarly to the latter in adults compared with childhood. Overall, we discovered compositional and functional variations between genes of the gut microbial population in juveniles and adults. These microbial community profiles can be used as references for future research on the microbiome associated with health and development in the canine population.

Keywords: Jindo-dog; feces; microbiome; age



Citation: Choi, S.-Y.; Choi, B.-H.; Cha, J.-H.; Lim, Y.-J.; Sheet, S.; Song, M.-J.; Ko, M.-J.; Kim, N.-Y.; Kim, J.-S.; Lee, S.-J.; et al. Insight into the Fecal Microbiota Signature Associated with Growth Specificity in Korean Jindo Dogs Using 16S rRNA Sequencing. *Animals* **2022**, *12*, 2499. <https://doi.org/10.3390/ani12192499>

Academic Editors: Kaley J. Robinson and Paolo Bossi

Received: 26 July 2022

Accepted: 15 September 2022

Published: 20 September 2022

Publisher's Note: MDPI stays neutral with regard to jurisdictional claims in published maps and institutional affiliations.



Copyright: © 2022 by the authors. Licensee MDPI, Basel, Switzerland. This article is an open access article distributed under the terms and conditions of the Creative Commons Attribution (CC BY) license (<https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>).

1. Introduction

According to research by the American Pet Products Association, 69 million out of 90.5 million households have dogs [1]. In Korea, the pet industry is expected to grow to more than 4.7 billion dollars by 2027, with the number of households estimated to raise 6.04 million pets [2,3]. Among these, Jindo dogs are representative of indigenous dog breeds in Korea. In total, 19,000 Jindo dogs have been reported in South Korea [4]. The life expectancy of dogs has increased; however, the basic characteristics of healthy dogs are unknown, warranting research. Therefore, researchers are studying many ways to