

멧돼지 비강 미생물군의 세균 다양성 조사 및 병원성 세균 분석

정창기 · 성영선 · 박준수 · 나은지 · 채수범 · 심세린 · 김선영 · 김용식 · 엄재구*

전북대학교 수의과대학

Investigation of bacterial diversity and analysis of pathogenic bacteria in wild boar nasal microbiota

Chang-Gi Jeong, Young-Sun Sung, Jun-Soo Park, Eun-Jee Na, Su-Beom Chae, Serin Sim, Sun-Young Kim, Young-Sik Kim, Jae-Ku Oem*

College of Veterinary Medicine, Jeonbuk National University, Iksan 54596, Korea

Received August 27, 2024
Revised September 2, 2024
Accepted September 4, 2024

Corresponding author:

Jae-Ku Oem

E-mail: jku0623@jbnu.ac.kr

https://orcid.org/0000-0002-1598-4343

This study investigated the bacterial diversity and pathogenic bacteria in the nasal microbiota of wild boars (*Sus scrofa*) in South Korea, focusing on their potential role as reservoirs for pathogens. A total of 252 nasal swab samples were collected from wild boars in Namwon-si and Muju-gun between November 2023 and May 2024. The samples were analyzed using 16S rRNA sequencing and culture methods. Thirty-six bacterial species were identified, including 13 pathogenic species such as *Streptococcus suis*, *Mycoplasma hyopneumoniae*, *Staphylococcus aureus*, and *Escherichia fergusonii*. The presence of these pathogens suggests that wild boars may contribute to the spread of zoonotic diseases, posing risks to both livestock and human health. This study provides fundamental data for developing effective disease control and novel insight into nasal microbiota in wild boar in South Korea.

Key Words: Bacteria, Nasal microbiota, Wild boar, 16S rRNA sequencing

서론

멧돼지(*Sus scrofa*)는 전 세계 여러 국가들에 걸쳐 분포하는 토착종이고, 국내에서는 2019년 아프리카돼지열병(African swine fever) 발생 이후 대대적인 야생 멧돼지 포획 정책으로 인해 서식 밀도가 감소했지만 여전히 최상위 포식자로 군림하고 있다(Ju 등, 2020; NIBR, 2021). 멧돼지는 도심지 및 농경지에 출몰하여 사회적 문제를 일으키는 것을 언론 보도를 통해 자주 접할 수 있다.

이 외에도 멧돼지는 질병의 매개체로서 중요한 역할을 하는데, 이것은 이들의 생태적 적응력과 높은 번식력과 관련이 있다(Gortázar 등, 2007; Ju 등, 2020). 멧돼지는 다양한 기후와 환경에서 생존할 수 있으며, 인간 활동에 의해 파괴된 서식지에서도 쉽게 적응한다. 이로 인해 멧돼지의 개체수가 급증하

고 있으며, 이들과 사람 간의 접촉이 빈번해지고 있다(Keuling 등, 2008). 또한, 멧돼지는 국내 아프리카돼지열병 전파에 중요한 역할을 하는 것과 같이, 다른 야생동물 및 가축과의 접촉을 통해 질병을 전파할 수 있는 주요 경로가 된다(Jo와 Gortazar, 2021). 이러한 특성은 멧돼지가 인수공통전염병의 확산을 촉진하는 잠재적인 요인이 된다(Massei 등, 2011).

비강 미생물 군집은 호흡기 건강과 밀접한 관련이 있으며, 특정 병원체가 이 미생물 군집의 균형을 교란할 경우 질병이 발생할 가능성이 증가한다(Venkataraman 등, 2015). 멧돼지의 호흡기계에 서식하는 미생물들은 호흡기 질환의 원인이 되거나, 다른 병원체와의 상호작용을 통해 질병 전파의 잠재적인 위험 요소로 작용할 수 있다. 또한, 멧돼지의 서식 밀도가 높을수록 돼지농가와 접촉 빈도가 증가할 수밖에 없으므로, 멧돼지와 사육 돼지의 전염성 질병의 상호 전파나 순환 전파의 가능성을 배

제할 수 없다(Fritzemeier 등, 2000). 이렇듯 멧돼지에서 전염성 질병에 대한 기초적인 조사를 통해 사육 돼지 혹은 사람으로의 질병 전파 통제의 중요한 기초자료를 제공할 수 있다(Kim 등, 2016). 하지만, 국내에서 야생 멧돼지의 호흡기계 미생물 군집에 대한 연구는 부족한 실정이다. 따라서, 국내 두 지역에서 면봉(swab)으로 채취한 멧돼지 비강 분비물에서 미생물 군집을 조사함으로써 국내 야생 멧돼지의 호흡기 세균과 이를 통해 발생할 수 있는 질병에 대한 방역 대책 수립을 위한 기초자료 확보에 목적을 두고 본 연구를 수행하였다.

재료 및 방법

공시재료

검사에 사용된 시료는 총기 또는 포획틀로 포획한 야생 멧돼지의 비강 시료 252개로 2023년 11월부터 2024년 05월까지 야생생물관리협회 전북지부의 협조를 받아 전라북도 남원시와 무주군에서 수집하였다. 비강 시료는 수송배지(Noble Biosciences™, Hwaseong, South Korea)에 담아 냉장상태로 즉시 전북대학교 수의과대학으로 송부되어 즉시 검사에 사용되었다.

세균배양, 핵산 추출 및 세균 검사

비강 시료는 병원성 세균 분리를 위해 혈액배지(Kisan Biotech, Seoul, South Korea)에 획선 도말(streaking)하여 37°C에서 18시간 이상 배양한 후 서로 다른 세균 집락을 계대 배양하여 순수 분리하였다. 순수 분리된 집락은 핵산 추출을 위해 1X PBS 1 mL에 현탁한 후 사용 전까지 25% DMSO에 보관하였다. 핵산 추출은 시판되는 AccuPrep Genomic DNA Extraction Kit (Bioneer, Daejeon, South Korea)를 이용해 제조사의 방법에 따라 실시하였다. 추출된 핵산은 16S rRNA 시퀀싱을 위해 27F/1492R (F: 5'-AGAGTTTGTATCMTGGCTCAG-3', R: 5'-TACGGYTACCTTGTACGACTT-3') 프라이머를 이용하여 PCR을 실시한 후 MacroGen (Seoul, South Korea)사에 의뢰하여 785F/907R (F: 5'-GGATTAGATACCTGGTA-3', R: 5'-CCGTCAATTCMTTTRAGTTT-3') 프라이머를 이용하여 Sanger sequencing을 진행하였다. 확보된 16S rRNA 유전자 서열은 National Center for Biotechnology Information (NCBI, <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>)의 nucleotide BLAST를 활용하여 세균 종 동정을 하였다.

마이코플라스마(*Mycoplasma* spp.)는 PCR 검사를 선행하

였으며 방법은 다음과 같다. 비강시료를 담은 수송 배지는 위와 동일한 AccuPrep Genomic DNA Extraction Kit를 이용하여 제조사의 방법에 따라 핵산을 추출하였고, 이를 이용하여 BioFACT 2X F-Star Taq PCR Master Mix (BIOFACT, Daejeon, South Korea)와 16S rRNA universal 프라이머 (F: 5'-GGCGAATGGGTGAGTAACACG-3', R: 5'-CGGATAAC-GCTTGCGACCTATG-3')를 이용하여 95°C에서 2분간 denaturation, 95°C에서 20초 및 62°C 40초간 35회 반복, 72°C에서 5분간 더 PCR을 진행하였다 (Wong-Lee 와 Lovett, 1993). 증폭된 PCR products는 1% (w/v) 아가로즈겔을 이용하여 전기영동하였다. 전기영동을 통해 확인한 band는 시판되는 gel extraction kit인 HiGene Gel & PCR Purification System (BIOFACT, Daejeon, South Korea)을 사용하여 DNA를 추출하였으며, 이를 MacroGen (Seoul, South Korea)사에 Sanger sequencing을 의뢰하였다. 시퀀싱 결과는 nucleotide BLAST를 통해 종 동정을 진행하였다.

결 과

세균 검사

멧돼지 비강 시료를 통해 검출된 미생물의 종류와 빈도, 병원성 여부를 분석한 결과, 총 36종의 세균이 멧돼지 비강에서 분리 또는 검출되었다(Table 1). 36종의 세균 중 문헌조사를 토대로 다음과 같이 총 13종이 병원성 세균으로 분류되었다; *Aeromonas salmonicida* (*A. salmonicida*) 15건, *Aeromonas hydrophila* (*A. hydrophila*) 1건, *Aeromonas mouluscorum* 1건, *Bacillus cereus* (*B. cereus*) 2건, *Bacillus thuringiensis* (*B. thuringiensis*) 15건, *Bacillus wiedmannii* (*B. wiedmannii*)가 11건, *E. fergusonii*가 4건, *Mannheimia varigena* (*M. varigena*) 2건, *Proteus vulgaris* (*P. vulgaris*) 1건, *Staphylococcus aureus* (*S. aureus*) 8건, *Streptococcus porcinus* (*S. porcinus*) 1건, *Streptococcus suis* 6건, *Mycoplasma hyopneumoniae* (*M. hyopneumoniae*) 1건. 이 세균들은 남원과 무주의 지리적 위치와 관계없이 골고루 검출되었다. 이 외의 나머지 23종은 비병원성 또는 환경 유래 미생물로 분류되었다.

총 36종 중 *Alcaligenes faecalis*, *Bacillus altitudinis*, *Bacillus mycoides* (*B. mycoides*), *Carnobacterium inhibens*, *Escherichia fergusonii* (*E. fergusonii*), *Leclercia adecarboxylata*, *Lysinibacillus fusiformis* (*L. fusiformis*),

Table 1. Identification of bacterial species from nasal swab samples of wild boars (n=252)

Bacteria		No. of isolate (%)	Classification ^a (Host)	References
<i>Aeromonas</i>	<i>A. salmonicida</i>	15 (6.0)	P (fish)	(Austin and Austin, 2016)
	<i>A. allosaccharophila</i>	1 (0.4)	NP	
	<i>A. eucrenophila</i>	5 (2.0)	NP	
	<i>A. hydrophila</i>	1 (0.4)	P (A&H) ^b	(Nhin et al, 2021) (Liu et al, 2020)
<i>Alcaligenes</i>	<i>A. molluscorum</i>	1 (0.4)	P (Bivalves)	(Minana-Galbis et al, 2004)
	<i>A. faecalis</i>	1 (0.4)	NP	
<i>Bacillus</i>	<i>B. altitudinis</i>	5 (2.0)	NP	
	<i>B. cereus</i>	2 (0.8)	P (A&H)	(Granum and Lund, 1997)
	<i>B. mycoides</i>	7 (2.8)	NP	
	<i>B. pumilus</i>	1 (0.4)	NP	
	<i>B. stratosphericus</i>	2 (0.8)	NP	
	<i>B. subtilis</i>	2 (0.8)	NP	
	<i>B. thuringiensis</i>	15 (6.0)	P (Insect)	(Schnepf et al, 1998)
	<i>B. toyonensis</i>	12 (4.8)	NP	
	<i>B. wiedmannii</i>	11 (4.4)	P	(Miller et al, 2016)
<i>Carnobacterium</i>	<i>C. inhibens</i>	7 (2.8)	NP	
<i>Escherichia</i>	<i>E. fergusonii</i>	4 (1.6)	P (A&H)	(Maheux et al, 2014) (Savini et al, 2008)
<i>Leclercia</i>	<i>L. adecarboxylata</i>	1 (0.4)	NP	
<i>Lysinibacillus</i>	<i>L. fusiformis</i>	1 (0.4)	NP	
<i>Macrococcus</i>	<i>M. canis</i>	5 (2.0)	NP	
<i>Mannheimia</i>	<i>M. varigena</i>	2 (0.8)	P (A-Pigs)	(Angen et al, 1999)
<i>Moraxella</i>	<i>M. pluranimalium</i>	2 (0.8)	NP	
<i>Proteus</i>	<i>P. vulgaris</i>	1 (0.4)	P (A&H)	(O'Hara et al, 2000a) (O'Hara et al, 2000b)
<i>Pseudomonas</i>	<i>P. extremorientalis</i>	4 (1.6)	NP	
	<i>P. knackmussii</i>	2 (0.8)	NP	
	<i>P. koreensis</i>	2 (0.8)	NP	
	<i>P. monteilii</i>	1 (0.4)	NP	
<i>Staphylococcus</i>	<i>S. aureus</i>	8 (3.2)	P (A&H)	(Lowy, 1998) (Chambers and DeLeo, 2009)
<i>Streptococcus</i>	<i>S. porcinus</i>	1 (0.4)	P (A-Pigs)	(Wang et al, 2020)
	<i>S. suis</i>	6 (2.4)	P (A&H)	(Lun et al, 2007)
<i>Streptomyces</i>	<i>S. blastmyceticus</i>	1 (0.4)	NP	
	<i>S. cirratus</i>	1 (0.4)	NP	
	<i>S. exfoliatus</i>	1 (0.4)	NP	
	<i>S. goshikiensis</i>	1 (0.4)	NP	
<i>Mycoplasma</i>	<i>M. flocculare</i>	23 (9.1)	NP	
	<i>M. hyopneumoniae</i>	1 (0.4)	P (A-Pigs)	(Fano et al, 2005)

^aP, pathogenic bacteria; NP, non-pathogenic bacteria.

^bA&H, Animals; A, Human; H.

Moraxella pluranimalium, *P. vulgaris*, *Pseudomonas* spp, *Streptomyces blastmyceticus*, *Streptomyces cirratus*를 제외한 모든 균주에서 베타 용혈을 확인하였다(Fig. 1).

마이코플라즈마의 경우, PCR법과 16S rRNA 시퀀싱 결과를 통해 동정을 실시하였다. 총 24개의 비강 시료에서 마이코플라

즈마 유전자가 검출되었다(Fig. 2). 16S rRNA 시퀀싱 결과, 이 중 23개는 *Mycoplasma flocculare*로 동정되었고, 1개는 *M. hyopneumoniae*로 확인되었다.

고찰

비강 스왑을 이용한 미생물 다양성 조사는 비강과 상부 호흡기 미생물 군집의 구성을 이해하는데 도움이 되며, 특정 병원체의 존재 여부를 파악하는 데 유용한 방법이 될 수 있다. 이 방법은 비교적 간단하고 비침습적이어서 야생동물에서 시료를 채취하는 데 적합하다. 본 연구에서는 멧돼지 비강 시료를 통해 다양한 미생물 종이 검출되었다. 이들의 병원성 여부와 생태적 역할에 대해 분석한 결과, 멧돼지 비강에는 병원성 미생물뿐만 아니라 환경 유래의 다양한 비병원성 미생물들이 공존하고 있음을 확인할 수 있었다. 이러한 결과는 멧돼지가 다양한 생태적 환경에서 서식하며, 이로 인해 다양한 미생물들과 접촉하고 있다는 점을 시사한다.



Fig. 1. The representative bacteria with beta-hemolysis isolated from nasal swab samples of wild boars.

Aeromonas 속은 그람 음성의 간균으로 주로 수생 환경에서 발견되며, 다양한 동물과 사람에게 병원성을 나타낼 수 있는 미생물이다(Janda 와 Abbott, 2010). 이 속의 세균은 대체로 호기성이며, 물, 토양, 하천, 해양 등에서 주로 서식한다(Janda 와 Abbott, 2010). *Aeromonas* 속은 어류, 양서류, 파충류뿐만 아니라 포유류에서도 질병을 유발할 수 있으며, 특히 수생 동물에서 질병의 주요 원인체로 알려져 있다(Igbinosa 등, 2012). *A. salmonicida*는 주로 어류에 병을 일으키는 병원성 세균으로, 연어류 및 기타 어류에서 발생하는 전염성 질병인 피낭염(furunculosis)의 원인균이다(Austin 와 Austin, 2016). 피낭염은 피부 및 근육 조직에 궤양과 농양을 형성하는 특징이 있으며, 감염된 어류의 폐사율이 높아 경제적 손실이 크다(Dallaire-Dufresne 등, 2014). 어류 간의 직접 접촉이나 오염된 물을 통해 전파되며, 급성, 아급성, 만성의 다양한 형태로 나타날 수 있다(Menanteau-Ledouble 등, 2016). *A. hydrophila*는 물 환경(주로 담수)에서 흔히 발견되는 병원성 세균으로, 사람과 다양한 동물에게 질병을 유발할 수 있다(Nhinh 등, 2021). 이 세균은 사람에게 설사, 피부 및 연조직 감염, 패혈증 등 다양한 형태의 감염을 일으키며, 특히 면역력이 약화된 사람에게 심각한 위협을 초래할 수 있다(Menanteau-Ledouble 등, 2016; Liu 등, 2020). 어류의 경우, *A. hydrophila* 감염은 농양, 지느러미 부식, 출혈 등의 증상을 유발하며, 심각한 경우 폐사에 이를 수 있다(Liu 등, 2020). *A. molluscorum*은 주로 이매패류(bivalves)와 같은 수생생물에 궤양, 괴사, 전신 감염을 일으킬 수 있다(Minana-Galbis 등, 2004). 이는 패류 양식장의 생산성에 심



Lane M: 100 bp ladder
 Lane 1-10: Nasal swab samples
 Lane 11: *Mycoplasma* positive sample

Fig. 2. PCR results for the representative *Mycoplasma* species identified from nasal swab samples of wild boars.

각한 영향을 미쳐 경제적 손실을 초래한다(Minana-Galbis 등, 2004). 멧돼지 비강에서 발견된 것은 멧돼지가 이 병원균을 운반할 수 있음을 의미하며, 사람과 동물에게 질병을 전파할 잠재적 위험이 있음을 시사한다. 특히, 이들 중 *A. hydrophila*는 인수공통전염병으로 발전할 수 있는 가능성이 있어, 공중보건 및 환경 관리 측면에서 중요한 고려 대상이 되어야 한다.

Bacillus 속은 약 100여종의 호기성 또는 통성 혐기성의 포자를 생성하는 그람 양성 간균으로 매우 다양한 환경에서 발견되는 미생물이다(Logan 와 Vos, 2015). 대부분의 *Bacillus* 속 세균은 비병원성이지만 식중독의 원인균인 *B. cereus*와 이 균주와 형태학적, 유전학적, 생화학적 특성들이 매우 높은 근연 관계를 보이는 7종을 포함한 총 8종의 세균을 *B. cereus* 그룹(*B. cereus*, *B. anthracis*, *B. thuringiensis*, *B. mycoides*, *B. pseudomycoides*, *B. weihenstephanensis*, *B. wiedmannii*, *B. toyonensis*)으로 통칭한다(Ehling-Schulz 등, 2019). 본 연구에서는 멧돼지 비강 시료에서 *B. cereus*, *B. thuringiensis*, *B. wiedmannii*가 검출되었으며, *B. cereus*는 널리 알려진 병원성 세균으로서 주로 식중독을 유발하고, 다음과 같은 두 가지 주요 독소를 생성하여 질병을 일으킬 수 있다: 하나는 열에 저항성이 있는 구토 독소(emetic toxin)이고, 다른 하나는 장내 독소(diarrheal toxin)이다(Granum과 Lund, 1997). 구토형 식중독을 유발하는 구토 독소는 식품 섭취 후 짧은 시간 내에 구토를 유발하며, 주로 오래된 밥이나 파스타와 같은 전분질 식품에서 잘 자라고 식품이 제대로 보관되지 않았을 때 이 세균이 증식할 수 있다(Agata 등, 2002). 설사형 식중독을 유발하는 장내 독소는 설사 및 복통을 유발하며, 구토형에 비해 잠복기가 길지만 증상은 상대적으로 경미하다(Granum과 Lund, 1997). *B. thuringiensis*는 주로 곤충에 대한 생물학적 방제로 널리 사용되는 세균이며, 다양한 독소를 생성하여 곤충의 소화 기관에 손상을 입히고, 결국 곤충을 죽게 한다(Schnepf 등, 1998). 그러나 이 세균은 특정 조건에서 사람에게도 병원성을 나타낼 수 있으며, 면역력이 저하된 사람이나 대량으로 이 균에 노출된 경우 피부 감염, 각막염 또는 호흡기 감염을 일으킬 수 있다. 특히, *B. cereus*와 유사한 독소를 생성할 수 있기 때문에 식중독을 유발할 가능성도 있다(Raymond와 Federici, 2017). *B. wiedmannii*는 상대적으로 최근인 2016년에 처음 분류되었다(Miller 등, 2016). *B. wiedmannii*는 *B. cereus* 그룹의 다른 병원성 세균들과 유사하게 여러 가지 독소를 생산할 수 있는 능력이 있다. 특히, *B. cereus*가 생성하는 장독소와 유사한 독소를 생성하여 식중독을 유발할 가능성이 있다(Miller 등, 2016). 그러나 *B. wiedmannii*의 병원성에 대한 연구는 아직 초기 단계에 이르

로 구체적인 데이터는 제한적이다. *B. cereus* 그룹이 멧돼지 비강에서 검출되었다는 것은 멧돼지가 농작물이나 물을 오염시켜 사람이나 가축에게 식중독을 전파할 수 있는 잠재적 위험을 나타내며, 특히 *Bacillus* 속은 열에 저항성이 있는 포자를 형성할 수 있어 조리 과정 중에도 생존할 가능성이 있다. 멧돼지가 사람 생활권과 접촉할 수 있는 지역에서 이 세균이 발견되는 것은 식품 안전성에 대한 우려가 있으므로 멧돼지와와의 접촉을 최소화하고 멧돼지 서식지와 농업 지역 간의 경계를 관리하는 것이 중요할 것으로 생각된다.

*E. fergusonii*는 *Escherichia* 속에 속하는 그람 음성균으로, 1985년에 처음으로 분류되었다(Farmer 등, 1985). 이 세균은 *E. coli*와 유사한 유전적 및 생리학적 특성을 가지고 있으며, 주로 사람과 동물의 장내에서 발견되지만, 물, 음식, 토양과 같은 환경에서도 검출될 수 있다(Maheux 등, 2014). 이 균주는 사람에게 장내 감염, 요로 감염 및 전신 감염을 통해 질병을 유발할 수 있고, 돼지에서도 장내 혹은 호흡기에서 다른 질병과의 복합 감염을 초래할 수 있다(Maheux 등, 2014). 일부 연구에 의하면, *E. fergusonii*는 항생제 내성을 나타낼 수 있는 능력이 있으며, 이는 공중보건에 있어 중요한 문제로 대두될 수 있을 것으로 생각된다(Savini 등, 2008).

*M. varigena*는 *Pasteurellaceae* 계통의 그람 음성균으로, 주로 소나 양과 같은 반추동물과 돼지에서 발견되는 병원성 세균이며, 특히 소와 돼지에서 폐렴, 기관지염과 같은 호흡기질환을 유발하고, 이외에도 심외막염, 관절염, 패혈증 등을 유발할 수 있다(Angen 등, 1999). 또한 바이러스성 질병과 함께 복합 감염을 유발하기도 한다. 멧돼지가 *M. varigena*의 보균자로서 기능할 경우, 이 세균은 야생 멧돼지와 사육돼지 간의 접촉을 통해 전파될 가능성이 있으며, 멧돼지가 농장 주변을 배회하거나 사육돼지와 직접적인 접촉을 통해 병원체를 전파하게 되면, 사육돼지 집단 내에서 호흡기 질환의 발생률이 증가될 우려가 있다. 이를 예방하기 위해서는 멧돼지와 사육돼지 간의 접촉을 최소화하고, 농장 내외의 환경 위생을 철저히 관리해야 할 것으로 사료된다.

*P. vulgaris*는 *Enterobacteriaceae* 계열에 속하는 그람 음성 간균으로, 주로 토양, 물, 그리고 장내에서 발견되는 세균이며, 사람과 동물의 장관에서 서식할 수 있고 기회감염균으로 면역력이 저하된 사람이나 동물에서 감염을 일으킬 수 있다(O'Hara 등, 2000a; O'Hara 등, 2000b). 이 세균은 주로 요로 감염을 통해 질병을 유발하며, 그 외에도 상처를 통한 감염이나 면역력이 저하된 사람이나 동물에서 호흡기 질환을 유발할 수 있다(Manos와 Belas, 2006).

*S. aureus*는 그람 양성 구균으로, 사람과 동물 모두에게 병원성을 나타낼 수 있는 대표적인 병원균이며 자연 환경뿐만 아니라 사람과 동물의 피부와 점막에 정상적으로 서식하기 때문에 건강한 사람과 동물에서도 흔히 발견된다(Lowy, 1998). 그러나 특정 조건에서 이 세균은 다양한 감염을 유발할 수 있으며, 특히 항생제 내성을 가진 균주인 Methicillin-Resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA)는 중요한 공중보건 문제로 여겨진다(Chambers 와 DeLeo, 2009). 멧돼지가 이를 보균하고 있다면 멧돼지가 사람에게 직접 또는 간접적으로 병원체를 전파할 가능성이 존재하며 특히, 야생 멧돼지와 접촉하는 농업 종사자나 야외 활동가들은 *S. aureus* 감염에 노출될 수 있어 이는 지역사회 내 감염 확산으로 이어질 우려가 있다. 또한, MRSA는 병원 뿐만 아니라 지역사회에서도 중요한 감염원으로 여겨지므로, 만약 멧돼지가 MRSA를 보균하고 있다면 이 내성 균주의 전파는 감염 관리에 있어 더욱 큰 도전 과제가 될 수 있다.

*S. porcinus*는 그람 양성 구균으로, 주로 돼지에서 발견되고, 돼지의 생식기 감염을 일으키며 이로 인해 불임, 유산, 사산 등의 문제를 초래할 수 있는 병원체로 알려져 있다(Wang 등, 2020). 최근에는 사람에서 감염된 사례가 지속적으로 보고되고 있으므로(Duarte 등, 2005; Shewmaker 등, 2012; Gürsul 와 Özdemir, 2022), 멧돼지 비강에서 *S. porcinus*가 발견된 것은 이들이 돼지와 사람에게 질병을 전파할 잠재적 위험이 있음을 시사한다. 이를 예방하기 위해서는 멧돼지와 사육돼지 간의 접촉을 최소화하고, 철저한 방역과 감시 체계를 구축하는 것이 필요할 것으로 생각된다. 같은 속에 속하는 *S. suis*는 돼지에서 사람으로 전염될 수 있는 주요 인수공통전염성 원인균이며, 사람에게서는 수막염, 패혈증, 폐렴, 심내막염 등을 유발할 수 있고, 주로 감염된 돼지와 직접 접촉 또는 오염된 돼지 고기 섭취를 통해 전파된다(Lun 등, 2007). *S. suis*가 멧돼지 비강에서 발견된 것은 멧돼지가 이 병원체의 잠재적인 보균자 역할을 할 수 있음을 시사하며, 이는 사육돼지와 사람 모두에게 질병을 전파할 수 있는 잠재적 경로를 제공하므로 멧돼지가 사육돼지와 접촉할 수 없도록 물리적 장벽을 설치하거나, 멧돼지의 이동을 제한하는 조치가 필요할 것으로 생각된다.

*M. hyopneumoniae*는 돼지의 주요 호흡기 병원체 중 하나로, 돼지에서 전염성 폐렴을 유발하는 원인균이다. 이 세균은 돼지의 폐 기능을 손상시키고 면역력을 저하시켜 다른 병원체에 의한 2차 감염을 용이하게 만드는 돼지 호흡기 복합 감염증의 주요 구성 요소이다(Fano 등, 2005). 멧돼지가 이 병원체를 보균하고 있다면, 만성 호흡기 질환을 보유하고 있을 가능성이 높으며, 사육돼지와 접촉을 통해 세균 감염이 전파될 위험이 있

을 것으로 판단된다. 멧돼지가 자주 출몰하는 지역의 돼지 농장에서는 방역 관리와 감시가 필수적이며, 농장 주변의 멧돼지 출입을 제한할 수 있도록 조치하고 사육돼지의 건강 상태를 정기적으로 점검할 필요가 있다.

결론

멧돼지의 비강에는 다양한 미생물이 서식하고 있으며, 이들 미생물 군집의 다양한 구성은 멧돼지의 건강 상태뿐만 아니라 이들 미생물이 사람이나 다른 동물에게 전파될 가능성에 대해서도 중요한 정보를 제공한다. 이에 따라 멧돼지 비강에서의 미생물 다양성에 대한 조사는 멧돼지와 연관된 질병의 발생 및 전파 경로를 이해하고 공중보건 및 동물보건의 관점에서 중요한 과학적 근거를 마련하는 데 기여할 수 있을 것이다.

CONFLICT OF INTEREST

No potential conflict of interest relevant to this article was reported.

ORCID

Chang-Gi Jeong, <https://orcid.org/0000-0002-0186-9248>
 Young-Sun Sung, <https://orcid.org/0009-0008-4345-1668>
 Jun-Soo Park, <https://orcid.org/0000-0002-5808-6594>
 Eun-Jee Na, <https://orcid.org/0000-0003-1685-3721>
 Su-Beom Chae, <https://orcid.org/0000-0002-6733-9047>
 Serin Sim, <https://orcid.org/0009-0000-1835-6329>
 Sun-Young Kim, <https://orcid.org/0009-0007-8751-9866>
 Young-Sik Kim, <https://orcid.org/0000-0002-2448-8202>
 Jae-Ku Oem, <https://orcid.org/0000-0002-1598-4343>

REFERENCES

- Agata N, Ohta M, Yokoyama K. 2002. Production of *Bacillus cereus* emetic toxin (cereulide) in various foods. *Int J Food Microbiol* 73: 23-27.
- Angen Ø, Quirie M, Donachie W, Bisgaard M. 1999. Investigations on the species specificity of *Mannheimia (Pasteurella) haemolytica* serotyping. *Vet Microbiol* 65: 283-290.

- Austin B, Austin DA. 2016. Bacterial fish pathogens: disease of farmed and wild fish. Springer.
- Chambers HF, DeLeo FR. 2009. Waves of resistance: *Staphylococcus aureus* in the antibiotic era. *Nat Rev Microbiol* 7: 629-641.
- Dallaire-Dufresne S, Tanaka KH, Trudel MV, Lafaille A, Charette SJ. 2014. Virulence, genomic features, and plasticity of *Aeromonas salmonicida* subsp. *salmonicida*, the causative agent of fish furunculosis. *Vet Microbiol* 169: 1-7.
- Duarte RS, Barros RR, Facklam RR, Teixeira LM. 2005. Phenotypic and genotypic characteristics of *Streptococcus porcinus* isolated from human sources. *J Clin Microbiol* 43: 4592-4601.
- Ehling-Schulz M, Lereclus D, Koehler TM. 2019. The *Bacillus cereus* group: *Bacillus* species with pathogenic potential. *Microbiol Spectr* 7: 10.1128/microbiolspec.gpp1123-0032-2018.
- Fano E, Pijoan C, Dee S. 2005. Dynamics and persistence of *Mycoplasma hyopneumoniae* infection in pigs. *Can J Vet Res* 69: 223.
- Farmer JJ 3rd, Fanning GR, Davis BR, O'hara CM, Riddle C, Hickman-Brenner FW, Asbury MA, Lowery VA 3rd, Brenner DJ. 1985. *Escherichia fergusonii* and *Enterobacter taylorae*, two new species of *Enterobacteriaceae* isolated from clinical specimens. *J Clin Microbiol* 21: 77-81.
- Fritzemeier J, Teuffert J, Greiser-Wilke I, Staubach C, Schluter H, Moennig V. 2000. Epidemiology of classical swine fever in Germany in the 1990s. *Vet Microbiol* 77: 29-41.
- Gortázar C, Ferroglio E, Höfle U, Frölich K, Vicente J. 2007. Diseases shared between wildlife and livestock: a European perspective. *Eur J Wildlife Res* 53: 241-256.
- Granum PE, Lund T. 1997. *Bacillus cereus* and its food poisoning toxins. *FEMS Microbiol Lett* 157: 223-228.
- Gürsul NC, Özdemir E. 2022. *Streptococcus porcinus* endocarditis: the first reported case in humans. *Es-kisehir Med J* 3: 1-4.
- Igbinosa IH, Igumbor EU, Aghdasi F, Tom M, Okoh AI. 2012. Emerging *Aeromonas* species infections and their significance in public health. *Sci World J* 2012: 625023.
- Janda JM, Abbott SL. 2010. The genus *Aeromonas*: taxonomy, pathogenicity, and infection. *Clin Microbiol Rev* 23: 35-73.
- Jo YS, Gortazar C. 2021. African swine fever in wild boar: assessing interventions in South Korea. *Transbound Emerg Dis* 68: 2878-2889.
- Ju DU, Jung K, Ohk CS, Kim SS, Ahn GH. 2020. A survey for prevalence of infectious diseases in wild boar (*Sus scrofa*) in northern Gyeonggi province, South Korea. *Korean J Vet Serv* 43: 155-159.
- Keuling O, Stier N, Roth M. 2008. How does hunting influence activity and spatial usage in wild boar *Sus scrofa* L.? *Eur J Wildlife Res* 54: 729-737.
- Kim YK, Lim SI, Kim JJ, Cho YY, Song JY, Cho IS, Hyun BH, Choi SH, Kim SH, Park EH, An DJ. 2016. Surveillance of classical swine fever in wild boar in South Korea from 2010-2014. *J Vet Med Sci* 77: 1667-1671.
- Liu J, Gao S, Dong Y, Lu C, Liu Y, 2020. Isolation and characterization of bacteriophages against virulent *Aeromonas hydrophila*. *BMC Microbiol* 20: 1-13.
- Logan NA, Vos PD. 2015. *Bacillus*. *Bergey's manual of systematics of archaea and bacteria*, 1-163.
- Lowy FD. 1998. *Staphylococcus aureus* infections. *N Engl J Med* 339: 520-532.
- Lun ZR, Wang QP, Chen XG, Li AX, Zhu XQ. 2007. *Streptococcus suis*: an emerging zoonotic pathogen. *Lancet Infect Dis* 7: 201-209.
- Maheux A, Boudreau D, Bergeron M, Rodriguez M. 2014. Characterization of *Escherichia fergusonii* and *Escherichia albertii* isolated from water. *J Appl Microbiol* 117: 597-609.
- Manos J, Belas R. 2006. The genera proteus, providencia, and morganella. *Prokaryotes* 6: 245-269.
- Massei G, Roy S, Bunting R. 2011. Too many hogs? A review of methods to mitigate impact by wild boar and feral hogs. *Human-Wildlife Interactions* 5: 79-

- 99.
- Menanteau-Ledouble S, Kumar G, Saleh M, El-Matbouli M. 2016. *Aeromonas salmonicida*: updates on an old acquaintance. *Dis Aquat Organ* 120: 49-68.
- Miller RA, Beno SM, Kent DJ, Carroll LM, Martin NH, Boor KJ, Kovac J. 2016. *Bacillus wiedmannii* sp. nov, a psychrotolerant and cytotoxic *Bacillus cereus* group species isolated from dairy foods and dairy environments. *Int J Syst Evol Microbiol* 66: 4744-4753.
- Minana-Galbis D, Farfan M, Fuste MC, Loren JG. 2004. *Aeromonas molluscorum* sp. nov, isolated from bivalve molluscs. *Int J Syst Evol Microbiol* 54: 2073-2078.
- Nhinh DT, Le DV, Van KV, Huong Giang NT, Dang LT, Hoai TD. 2021. Prevalence, virulence gene distribution and alarming the multidrug resistance of *Aeromonas hydrophila* associated with disease outbreaks in freshwater aquaculture. *Antibiotics* 10: 532.
- NIBR. 2021. 2021 Wildlife Survey. 29-37.
- O'Hara CM, Brenner FW, Miller JM. 2000a. Classification, identification, and clinical significance of *Proteus*, *Providencia*, and *Morganella*. *Clin Microbiol Rev* 13: 534-546.
- O'Hara CM, Brenner FW, Steigerwalt AG, Hill BC, Holmes B, Grimont P, Hawkey PM, Penner JL, Miller JM, Brenner DJ. 2000b. Classification of *Proteus vulgaris* biogroup 3 with recognition of *Proteus hauseri* sp. nov, nom. rev. and unnamed *Proteus* genomospecies 4, 5 and 6. *Int J Syst Evol Microbiol* 50: 1869-1875.
- Raymond B, Federici BA. 2017. In defence of *Bacillus thuringiensis*, the safest and most successful microbial insecticide available to humanity—a response to EFSA. *FEMS Microbiol Ecol* 93: fix084.
- Savini V, Catavittello C, Talia M, Manna A, Pompetti F, Favaro M, Fontana C, Febbo F, Balbinot A, Di Bernardino F. 2008. Multidrug-resistant *Escherichia fergusonii*: a case of acute cystitis. *J Clin Microbiol* 46: 1551-1552.
- Schnepf E, Crickmore N, Van Rie J, Lereclus D, Baum J, Feitelson J, Zeigler D, Dean D. 1998. *Bacillus thuringiensis* and its pesticidal crystal proteins. *Microbiol Mol Biol Rev* 62: 775-806.
- Shewmaker PL, Steigerwalt AG, Whitney AM, Morey RE, Graziano JC, Facklam RR, Musser KA, Merquior VL, Teixeira LM. 2012. Evaluation of methods for identification and determination of the taxonomic status of strains belonging to the *Streptococcus porcinus*-*Streptococcus pseudoporcinus* complex isolated from animal, human, and dairy sources. *J Clin Microbiol* 50: 3591-3597.
- Venkataraman A, Bassis CM, Beck JM, Young VB, Curtis JL, Huffnagle GB, Schmidt TM. 2015. Application of a neutral community model to assess structuring of the human lung microbiome. *MBio* 6, 10.1128/mbio.02284-02214.
- Wang Y, Guo H, Bai Y, Li T, Xu R, Sun T, Lu J, Song Q. 2020. Isolation and characteristics of multi-drug resistant *Streptococcus porcinus* from the vaginal secretions of sow with endometritis. *Bmc Vet Res* 16: 1-8.
- Wong-Lee JG, Lovet M. 1993. Rapid and sensitive PCR method for identification of *Mycoplasma* species in tissue culture. In: Persing D, ed. *Diagnostic molecular and microbiology principles and applications*. Washington, DC: American Society for Microbiology; 1993: 257-260.