KFAS 한국수산과학회지 Korean Journal of Fisheries and Aquatic Sciences
한수지 59(2), 93-102 2026

Original Article
Korean J Fish Aquat Sci 59(2),93-102,2026

# 어리굴(*Crassostrea gigas*)젓 숙성에 따른 세균 군집 변화의 분석

**소재원 · 박권삼[1]***

한길발효기술원, [1]국립군산대학교 식품생명공학과

# Analysis of Bacterial Community Changes During the Maturation of *Eorigul-jeot* Salt-fermented, Seasoned Oyster *Crassostrea gigas*

Jae-Won So and Kwon-Sam Park[1]*

Hangil Fermentation Technology Institute, Seosan 31915, Republic of Korea
[1]Department of Food Science and Biotechnology, Kunsan National University, Gunsan 54150, Republic of Korea

*Eorigul-jeot*, a salt-fermented seafood product made from oyster *Crassostrea gigas* is popular for its unique flavor and lower salt content than that of traditional *jeotgal*. Changes in the bacterial community of *Eorigul-jeot* according to maturation temperature are not well understood. Here, we used next generation sequencing to investigate changes in the bacterial community during *Eorigul-jeot* maturation at different maturation temperatures. The number of amplicon sequence variants ranged from 868 to 3,474 depending on maturation temperature and period. Alpha diversity indices (Gini-Simpson and Shannon) indicated high overall diversity and tended to decrease as specific lactic acid bacteria became dominant during maturation. Principal coordinate analysis based on Bray-Curtis dissimilarity and weighted UniFrac distance revealed distinct bacterial community structures according to maturation temperature and duration. At the family level, the relative abundance of *Lactobacillaceae* increased to over 90% as maturation progressed at 15°C, 10°C and 4°C. At the genus level, *Companilactobacillus*, *Lactiplantibacillus*, *Latilactobacillus*, and *Weissella* were relatively evenly distributed at 15°C, whereas *Latilactobacillus* dominated at 10°C and 4°C. These results provide preliminary data for understanding the microbiological mechanisms underlying the maturation of *Eorigul-jeot* and ensuring its quality.

Keywords: Bacterial community, *Eorigul-jeot*, Next generation sequencing, Principal coordinate analysis, Salt-fermented oyster

## 서 론

젓갈은 수산동물에 식염을 첨가하여 부패를 유발하는 세균의 생육을 억제하고 원료에 존재하는 효소에 의해 단백질이 아미노산으로 분해되는 과정에서 특유의 풍미를 생성하는 수산발효식품으로 제조 방식과 형태에 따라 젓갈, 양념젓갈, 액젓 및 조미액젓으로 구분된다(Kim and Kang, 2021; MFDS, 2026). 일반적으로 젓갈은 약 20% 내외의 식염을 첨가하여 수개월에서 수년간 저장·숙성하는데 식염은 식품 내 수분활성을 감소시키고 미생물 세포 내 수분의 유출을 유도하여 생육을 억제하므로 고염 젓갈에서는 내염성이 강한 일부 미생물만이 생육할 수 있다(Yu et al., 2014; Lee et al., 2018). 최근에는 식품의 유통 및 가정 내 저장 환경이 저온화가 가능하고 건강을 중시하는 소비자 인식이 확산됨에 따라 전통적인 고염 젓갈에 비해 식염 농도를 낮춘 저염 젓갈에 대한 관심이 증가하고 있다(Kim et al., 1995; Kim, 2020). 저염 젓갈은 나트륨 섭취에 따른 건강 위험은 낮추고 기호성은 향상시킬 수 있으나 상대적으로 미생물 증식이 용이하여 품질 저하 및 부패가 발생하기 쉬운 문제점이 있어 이를 극복하기 위하여 sulfite 염 첨가(Kim, 1996), pH 조절(Kim and Lee, 1997a), 보존제 첨가(Kim and Lee, 1997b), 물엿 첨가(Jang, 1999), 천연 식물추출물 첨가(Hong and Kim, 2013), glycine 첨가(Choi et al., 2019), 발효주정 첨가(Hwang

***Corresponding author:** Tel: +82. 63. 469. 1822 Fax: +82. 63. 469. 7448
E-mail address: parkks@kunsan.ac.kr

This is an Open Access article distributed under the terms of the Creative Commons Attribution Non-Commercial License (http://creativecommons.org/licenses/by-nc/3.0/) which permits unrestricted non-commercial use, distribution, and reproduction in any medium, provided the original work is properly cited.

**https://doi.org/10.5657/KFAS.2026.0093**
**Korean J Fish Aquat Sci 59(2), 93-102, April 2026**
**Received** 2 February 2026; **Revised** 23 February 2026; **Accepted** 9 March 2026
**저자 직위:** 소재원(대학원생), 박권삼(교수)

et al., 2021), 감마선 조사(Nam et al., 2022) 등 다양한 연구가 수행되어 왔다.

굴은 글리코겐을 비롯한 풍부한 영양 성분을 함유한 패류로 경남 통영과 거제를 중심으로 생산되는데 2020년부터 2024년까지 국내 굴 생산량은 325,268–333,477 M/T로 전체 수산물 생산량의 8% 이상 및 패류 생산량의 60% 이상을 차지하고 있다(KOSIS, 2025). 어리굴젓은 원료 대비 3–5% 수준의 식염을 첨가하여 제조한 저염젓갈로 충남 서산 지역의 대표적인 수산발효 향토식품으로 알려져 있다(Han, 2022; So, 2022). 어리굴젓과 관련된 기존 연구로는 숙성 중 유리아미노산의 변화(Chung et al., 1977), 핵산 관련 물질의 변화(Sung, 1978), 주요 성분 분해 과정의 분석(Kim et al., 1981), 소금 및 스타터에 따른 특성 변화(Kim et al., 2018), 시판 어리굴젓의 품질 평가(So et al., 2024) 등이 있다. 그러나 어리굴젓 숙성 과정에 관여하는 미생물의 구성과 숙성 온도가 미생물 군집 구조에 미치는 영향에 대한 연구는 매우 제한적인 실정이다. 따라서 본 연구에서는 어리굴젓의 숙성 메커니즘을 규명하기 위한 기초자료를 제공하기 위하여 저장 온도 조건을 달리하여 어리굴젓을 숙성시키면서 숙성 기간에 따른 세균 군집의 변화를 차세대 염기서열 분석(next generation sequencing, NGS)으로 평가하였다.

## 재료 및 방법

### 재료

본 실험에 사용된 굴(oyster *Crassostrea gigas*)은 2025년 3월 충청남도 서산시 소재 굴 생산업자로부터 구입하였다. 굴은 3% (w/w) 식염수로 수세한 후 물기를 제거하고 -20℃에 냉동 보관하였다. 식염(Daesang Co., Shinan, Korea), 고춧가루, 대파, 다진 마늘 및 다진 생강은 충청남도 서산시 소재 대형 마트(N사)에서 구입하여 사용하였다.

### 어리굴젓의 제조 및 숙성

냉동 보관된 굴을 해동한 후 Table 1에 제시된 조성비에 따라 전체 중량 대비 굴 80% (w/w), 식염 3% (w/w), 고춧가루 7% (w/w), 잘게 썬 대파 4% (w/w), 다진 마늘 4% (w/w), 다진 생강 2% (w/w)의 비율로 혼합하였다. 본 연구에서는 어리굴젓의 숙성 온도에 따른 세균 군집 구조 및 품질 특성 변화를 체계적으로 분석하기 위하여 3종류의 온도 조건(15℃, 10℃ 및 4℃)을 설정하였다. 15℃는 상온에 가까운 조건으로 숙성이 비교적 빠르게 진행되는 상황을 모사하였으며, 10℃는 저온 환경에서의 숙성 과정이 반영되도록 설정하였으며, 4℃는 시판 제품의 냉장 유통 및 가정 내 냉장 저장 조건을 고려한 온도로 실제 유통·저장 환경에서의 미생물학적 및 품질 변화를 평가하고자 하였다.

제조된 어리굴젓은 15℃, 10℃ 및 4℃의 세 가지 온도 조건에서 각각 1개 시료씩 숙성하였으며 본 연구에서는 어리굴젓 숙성 과정에서 나타나는 세균의 경향성과 탐색에 중심이 있기 때문에 생물학적 반복 실험은 수행하지 않았다. 그러나 숙성 온도에 따라 숙성 속도 및 품질 변화 양상이 상이할 것으로 예상됨에 따라 각 온도 조건별 숙성 동역학을 고려하여 숙성 기간 및 시료 채취 간격은 차등 설정하였다.

15℃ 조건에서는 숙성이 비교적 빠르게 진행될 것으로 판단하여 과숙성에 따른 품질 저하를 방지하기 위해 총 12일간 숙성하였으며, 10℃ 조건에서는 중간 수준의 숙성 속도를 가정하여 숙성 기간을 30일로 설정하였다. 반면, 4℃ 조건에서는 숙성 속도가 상대적으로 느릴 것으로 예상되어 충분한 숙성 과정을 반영하기 위하여 50일까지 장기 숙성을 수행하였다.

시료는 숙성 전을 포함하여, 15℃ 조건에서는 6일 및 12일, 10℃ 조건에서는 6일, 12일, 18일, 24일 및 30일, 4℃ 조건에서는 10일, 20일, 30일, 40일 및 50일에 각각 채취하여 분석에 사용하였다. 세균 군집 분석에 사용된 시료의 상세 정보는 Table 2에 제시하였다.

### 차세대 염기서열 분석

숙성 온도 및 숙성 기간에 따라 채취한 총 13개의 시료에 대

Table 1. Ingredients and mixing ratios for *Eorigul-jeot* preparation

| Ingredients | Ratio (%, w/w) |
|---|---|
| Oyster | 80 |
| Salt | 3 |
| Red pepper powder | 7 |
| Green onion | 4 |
| Garlic | 4 |
| Ginger | 2 |
| Total | 100 |

Table 2. Sample information used for bacterial community analysis of *Eorigul-jeot* using next generation sequencing

| Code | Maturation temperature (°C) | Maturation period (day) |
|---|---|---|
| Control | - | 0 |
| 15-6 | 15 | 6 |
| 15-12 | 15 | 12 |
| 10-6 | 10 | 6 |
| 10-12 | 10 | 12 |
| 10-18 | 10 | 18 |
| 10-24 | 10 | 24 |
| 10-30 | 10 | 30 |
| 4-10 | 4 | 10 |
| 4-20 | 4 | 20 |
| 4-30 | 4 | 30 |
| 4-40 | 4 | 40 |
| 4-50 | 4 | 50 |

한 16S rRNA metagenomics 분석을 위해 NGS를 수행하였다. Total DNA는 DNeasy PowerSoil Pro Kit (Qiagen, Hilden, Germany)를 사용하여 제조사의 매뉴얼에 따라 추출하였다. 추출된 DNA의 농도는 Qubit 4.0 Fluorometer (Thermo Fisher Scientific Inc., Waltham, MA, USA)를 이용하여 측정하였으며 순도는 NanoDrop spectrophotometer (Thermo Fisher Scientific Inc., Wilmington, DE, USA)를 이용하여 확인한 후 agarose gel 전기영동을 통해 DNA의 품질을 검증하였다.

16S rRNA 유전자의 V3–V4 영역 증폭을 위해 Illumina sequencing adapter 서열과 16S rRNA V3–V4 타깃 서열이 결합된 forward primer (5′-TCGTCGGCAGCGTCAGATGTGTATAAGAGACAGCCTACGGGNGGCWGCAG-3′)와 reverse primer (5′-GTCTCGTGGGCTCGGAGATGTGTATAAGAGACAGGACTACHVGGGTATCTAATCC-3′), 그리고 KAPA HiFi HotStart Ready Mix (Roche, Basel, Switzerland)를 사용하여 PCR을 수행하였다.

PCR 조건은 95℃에서 3분간 예비 변성 후 94℃ 30초, 55℃ 30초, 72℃ 30초의 조건을 25회 반복한 후 최종적으로 72℃에서 5분간 추가 신장을 수행하였다. 1차 PCR 산물에 Nextera XT Index Kit v2 (Illumina Inc., San Diego, CA, USA)를 이용하여 index 및 Illumina sequencing adapter를 결합한 후 2차 PCR을 수행하여 최종 library를 구축하였다. Library의 농도는 Qubit 4.0 Fluorometer로 측정하였으며 크기는 4200 TapeStation (Agilent Technologies Inc., Santa Clara, CA, USA)을 이용하여 확인하였다. Library를 동량 혼합한 후 NextSeq 2000 System (Illumina Inc.)을 이용하여 NGS sequencing을 수행하였다. Sequencing 결과에 대해서는 FastQC (Babraham Bioinformatics, Cambridge, UK)를 사용하여 read 수, GC 함량, Q20 및 Q30 값을 포함한 데이터 품질을 평가하였다. Raw reads에 대하여 DADA2 (ver. 1.18.0) pipeline을 이용하여 Q30 미만의 저품질 reads를 필터링하고 denoising을 통해 sequencing 과정에서 발생한 오류를 보정하였으며 paired-end read를 병합한 후 chimeric sequence를 제거하여 amplicon sequence variants (ASVs)를 생성하였다(Table S1).

### 데이터 분석

생성된 ASVs에 대하여 QIIME 2 (ver. 2024.5)를 사용하여 SILVA database (Release 138.2)를 기준으로 분류학적 동정을 수행하였으며 분류 결과를 바탕으로 엽록체, 미토콘드리아 및 할당되지 않은 read와 같은 비표적 서열은 제거하였다.

시료별 ASV 수, Gini-Simpson index 및 Shannon index를 산출하여 어리굴젓에 존재하는 세균 군집의 α-diversity를 평가하였다. 또한 Bray-Curtis dissimilarity 및 weighted UniFrac distance를 계산하여 시료 간 어리굴젓에 존재하는 세균 군집에 대한 β-diversity를 평가하였으며 이를 주좌표분석(principal coordinate analysis, PCoA)을 통해 시각화하였다. 어리굴젓에 존재하는 세균 군집의 상대적 다양성은 과(family) 및 속(genus) 수준에서 분석하였다.

## 결과 및 고찰

### 어리굴젓의 세균 군집 α-diversity 분석

어리굴젓 13건 시료에 대해 NGS 분석을 통해 생산된 총 read 수(read number), 염기서열 정확도를 나타내는 지표로서 오류 발생 확률이 1/1,000 이하인 염기의 비율(Q30, %)을 산출 및 확보하였다. 또한 종 풍부도를 반영하는 ASVs의 수, 특정 종의 우점도를 반영하는 Gini-Simpson 지수 및 종 다양성과 균등도를

Table 3. α-diversity indices of the *Eorigul-jeot* bacterial communities

| Code | Read number | Q20 (%) | Q30 (%) | ASVs | Gini-simpson | Shannon |
|---|---|---|---|---|---|---|
| Control | 419,996 | 97.14 | 90.15 | 2,514 | 0.996 | 9.382 |
| 15-6 | 621,302 | 97.48 | 91.28 | 1,816 | 0.996 | 8.884 |
| 15-12 | 564,462 | 97.45 | 91.12 | 1,405 | 0.997 | 8.911 |
| 10-6 | 561,674 | 97.21 | 90.48 | 2,690 | 0.997 | 9.354 |
| 10-12 | 475,074 | 97.14 | 89.70 | 1,125 | 0.984 | 7.031 |
| 10-18 | 567,138 | 97.59 | 91.57 | 1,479 | 0.985 | 7.200 |
| 10-24 | 511,928 | 97.61 | 91.72 | 1,209 | 0.982 | 6.743 |
| 10-30 | 544,376 | 97.69 | 91.85 | 1,201 | 0.982 | 6.724 |
| 4-10 | 627,640 | 97.19 | 90.25 | 3,474 | 0.997 | 9.855 |
| 4-20 | 655,886 | 97.44 | 91.10 | 2,606 | 0.988 | 7.965 |
| 4-30 | 582,848 | 97.64 | 91.71 | 868 | 0.979 | 6.364 |
| 4-40 | 621,818 | 97.49 | 91.31 | 1,215 | 0.980 | 6.559 |
| 4-50 | 622,364 | 97.63 | 91.69 | 1,206 | 0.980 | 6.518 |

ASVs, Amplicon sequence variants.

종합적으로 평가하는 Shannon 지수를 계산하여 어리굴젓 내 세균 군집의 α-diversity를 평가하였으며 그 결과는 Table 3에 제시하였다.

숙성 전 어리굴젓 시료에서는 2,514개의 ASV가 확인되었으나, 15℃에서 6일 및 12일 숙성한 시료에서는 각각 1,816 및 1,405개로 감소하였다. 10℃에서 숙성 6일, 12일, 18일, 24일 및 30일 시료에서는 각각 2,690, 1,125, 1,479, 1,209 및 1,201개의 ASV가 확인되었다. 또한 4℃에서는 숙성 10일에 3,474개로 가장 많은 ASV가 확인되었으나 숙성이 진행됨에 따라 20일에는 2,606개, 30일에는 868개로 급격히 감소하였고 이후 40일과 50일에는 각각 1,215 및 1,206개로 확인되었다. 이러한 결과는 어리굴젓은 숙성 시간이 진행됨에 따라 세균 군집의 종 다양성은 전반적으로 감소하는 경향임을 시사한다.

Gini-Simpson index는 숙성 전 시료에서는 0.996으로 확인되었으며, 15℃에서 숙성 6일과 12일 시료에서는 각각 0.996과 0.997로 거의 차이는 나타나지 않았다. 반면, 10℃ 숙성 조건에서는 숙성 기간이 증가함에 따라 0.997에서 0.982 수준으로 감소하였고, 4℃ 숙성 조건에서도 0.997에서 0.979 수준으로 감소하는 경향을 보였다. 이는 숙성이 진행되면서 일부 세균 종이 상대적으로 우점화되는 군집 구조로 변화하고 있음을 시사한다.

Shannon index는 숙성 전 시료에서는 9.382로 높게 나타났으나, 15℃ 숙성 6일과 12일 시료에서는 각각 8.884와 8.911로 감소하였다. 10℃에서 숙성 6일째 시료에서는 9.354로 비교적 높은 값을 보였으나 숙성 기간이 경과함에 따라 6.724까지 점진적으로 감소하였다. 4℃ 숙성 조건에서도 숙성 10일에 9.855로 가장 높은 값을 나타낸 이후 숙성이 진행됨에 따라 6.518 수준까지 감소하였다. 이러한 결과는 숙성 과정 동안 세균 군집 내 종 다양성과 균등도가 점차 감소한다는 것을 시사한다.

한편, 국내에서 시판 중인 어리굴젓 2종의 미생물 군집을 분석한 선행연구에서는 ASV 기준으로 223–272개, Shannon index 1.96–3.99, Gini-Simpson index 0.55–0.75 수준이 보고된 바 있다(Jung et al., 2025). 또한 국내산 멸치젓, 멍게젓 및 새우젓의 미생물 군집을 분석한 연구에서도 ASV 수는 98–666, Shannon index는 1.0–5.4 범위로 보고되었다(Song et al., 2018). 이에 비해 본 연구에서 분석한 어리굴젓의 ASV 수(868–3,474), Shannon index (6.364–9.855), Gini-Simpson index (0.979–0.997)는 기존의 연구에 비해 상대적으로 높은 수준을 나타내었다. 이러한 차이는 본 연구에서는 숙성 초기부터 후기까지의 전 과정을 대상으로 시료를 채취하여 분석한 반면, 시판 젓갈을 대상으로 한 기존 연구들은 이미 숙성이 상당 부분 진행된 시점의 시료이므로 세균 군집이 어느 정도 단순화된 상태의 시료를 분석한 결과이기 때문인 것으로 판단된다.

## 어리굴젓 세균 군집의 β-diversity 분석 결과

시료 간 종 조성 및 상대적 풍부도 차이를 반영하는 Bray-Curtis dissimilarity를 이용하여 어리굴젓 내 세균 군집의 β-diversity를 평가하였고 그 결과를 PCoA로 시각화하였다(Fig. 1). 각 점은 개별 시료를 나타내며 점 간 거리가 가까울수록 세균 군집 구성이 유사함을 의미한다. PC 1과 PC 2는 각각 전체 변동의 61.54%와 29.93%를 의미하며 두 축을 통해 시료 간 세균 군집 구조 차이가 명확히 구분되었다.

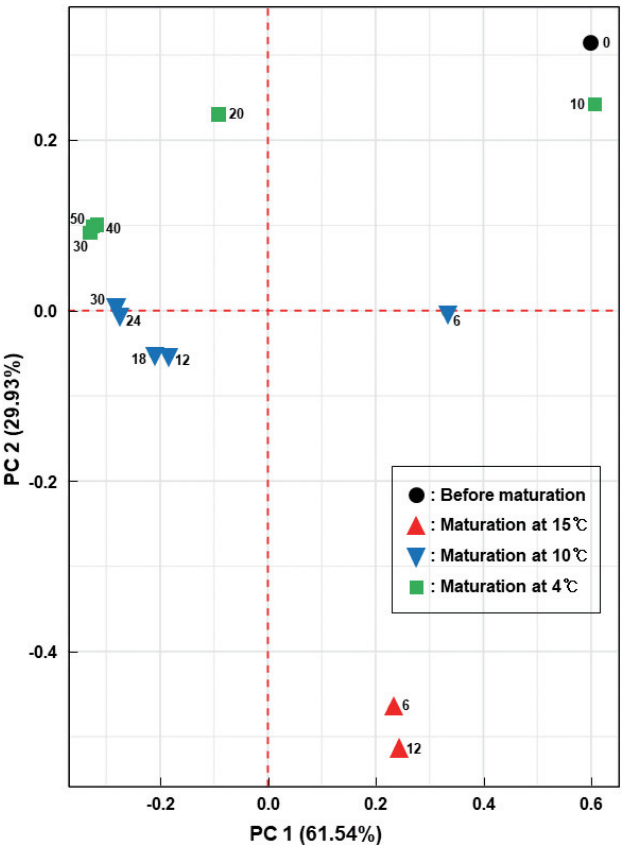


Fig. 1. β-diversity analysis of the *Eorigul-jeot* bacterial communities based on Bray-Curtis dissimilarity. The black dot represents the sample before maturation, the red triangle represents the sample matured at 15°C, the blue inverted triangle represents the sample matured at 10°C, and the green square represents the sample matured at 4°C. The number next to each symbol indicates the maturation period (days).

숙성 온도에 따른 시료를 비교해 보면 15℃, 10℃ 및 4℃에서 숙성한 시료들은 서로 구분되어 분포하였는데 특히 15℃에서 숙성한 시료들의 세균 군집은 10℃ 및 4℃에서 숙성한 시료들과 뚜렷한 차이를 보였다. 그러나 10℃ 및 4℃에서 숙성한 시료들은 숙성 초기에는 서로 다른 위치에 분포하였으나 숙성이 진행됨에 따라 점차 군집 구성이 유사해지는 경향을 나타냈다. 동일한 숙성 온도 조건의 경우, 10℃ 숙성에서 24일 및 30일 시료는 근접한 위치에 분포하였으며, 4℃ 숙성에서 30일, 40일 및 50일 시료 또한 유사한 위치에 군집되어 숙성 기간이 증가할수

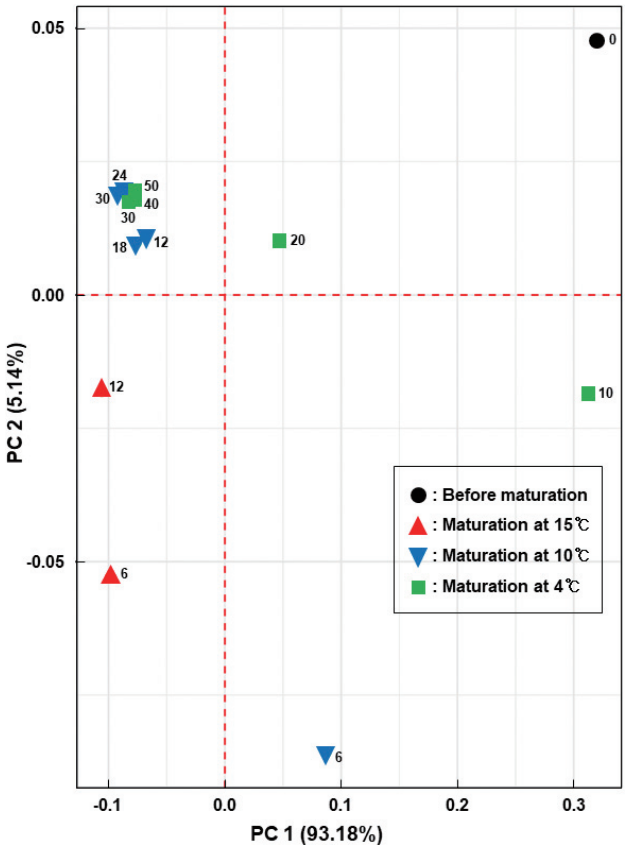


Fig. 2. β-diversity of bacterial communities in *Eorigul-jeot* based on weighted UniFrac distances. The black circles indicate samples collected before maturation, red triangles indicate samples matured at 15°C, blue inverted triangles indicate samples matured at 10°C, and green squares indicate samples matured at 4°C. The numbers adjacent to each symbol represent the maturation period (days).

록 세균 군집 구조 변화가 완만해지는 양상을 나타내었다.

시료 간 계통학적 거리와 상대적 풍부도를 동시에 반영하는 weighted UniFrac distance를 이용한 β-diversity 분석 결과는 Fig. 2에 제시하였다. PC 1과 PC 2는 각각 93.18%와 5.14%의 설명력을 보여 두 축이 전체 군집 변동의 98% 이상을 설명하였다. 숙성이 진행됨에 따라 시료들은 PC 1 축을 따라 숙성 전 시료와 반대 방향으로 이동하는 경향을 보였는데 이는 숙성 과정 동안 세균 군집의 계통학적 구성이 변화함을 의미한다. 15℃에서 숙성한 시료들은 10℃ 및 4℃에서 숙성한 시료들과 명확히 구분되었으며 10℃ 및 4℃ 숙성 시료들 역시 숙성 초기에는 서로 다른 위치에 분포하였다. 그러나 숙성 후기에는 10℃ 숙성 24일 및 30일 시료와 4℃ 숙성 30일, 40일 및 50일 시료가 유사한 위치에 분포하여 숙성 후기로 갈수록 숙성 온도가 세균 군집의 계통학적 구조 차이에 미치는 영향은 감소하는 경향이 관찰되었다.

## 어리굴젓 세균 군집의 상대적 다양성 분석

숙성 온도 및 숙성 기간에 따른 어리굴젓에 존재하는 세균 군집의 상대적 다양성을 과(family) 수준에서 분석한 결과는 Fig. 3A에 제시하였다. 숙성 전 시료에서는 *Bacillaceae*가 43.2%로 가장 높은 비율을 차지하였으며, 23.3%의 *Lactobacillaceae*와 12.7%의 *Enterobacteriaceae*도 주요 분류군으로 확인되었다.

15℃에서 숙성한 시료에서는 숙성 6일 이후 *Lactobacillaceae*가 전체의 90% 이상을 차지하여 뚜렷한 우점 양상을 보였다. 10℃ 숙성 시료의 경우, 숙성 초기에는 *Lactobacillaceae*가 75.1%의 비율이었으나 점진적으로 증가하여 숙성 12일 이후에는 90% 이상을 차지하였다. 4℃에서 숙성한 시료에서도 숙성 초기에는 *Lactobacillaceae*가 31.4% 및 *Bacillaceae*가 27.4%의 비율이었으나 숙성이 진행됨에 따라 *Lactobacillaceae*의 비율이 지속적으로 증가하여 숙성 30일 이후에는 90% 이상을 차지하였다. 이러한 결과는 국내산 시판 어리굴젓의 세균 군집에서 *Leuconostocaceae*가 30% 이상, *Lactobacillaceae*가 약 15%로 나타났다는 결과(Kim, 2023)와 국내에서 생산된 멍게젓의 미생물 군집에서 *Lactobacillaceae*가 58.0%를 차지했다는 결과(Song et al., 2018)와 유사하며, 최근 *Leuconostocaceae*를 *Lactobacillaceae*에 포함시킨 분류 체계(Zheng et al., 2020)를 고려할 때 본 연구 결과와의 일관성이 확인된다.

속(genus) 수준에서의 상대적 다양성 분석 결과는 Fig. 3B에 제시하였다. 숙성 전 시료에서는 53.3%의 *Bacillus*속 및 20.1%의 *Weissella*속이 주요 분류군으로 확인되었으나 숙성이 진행됨에 따라 다양한 유산균 속이 출현하였다. 15℃에서 숙성한 시료의 경우, 숙성 6일에는 *Weissella*속이 36.5%, *Latilactobacillus*속이 22.9%, *Companilactobacillus*속이 22.1%, *Lactiplantibacillus*속이 12.7%, *Levilactobacillus*속이 4.4%로 증가한 반면, *Bacillus*속의 비율은 0.3%로 크게 감소하였다. 숙성 12일에는 *Lactiplantibacillus*속이 30.3%로 증가하여 가장 높은 비율을 보였으며 *Companilactobacillus*속과 *Latilactobacillus*속은 각각 22.6% 및 20.9%로 유지되었고 *Weissella*속은 17.9%, *Levilactobacillus*속은 7.5%로 나타나 유산균 군집의 다양성이 유지되었다.

10℃에서 숙성한 시료의 경우, 숙성 6일에는 *Latilactobacillus*속, *Weissella*속 및 *Leuconostoc*속이 각각 37.2%, 29.2% 및 13.9%로 나타났고 *Bacillus*속은 11.6%이였다. 숙성 12일에는 *Latilactobacillus*속의 비율이 급격히 증가하여 85.1%를 차지하였으며 *Weissella*속은 10.2%, *Lactiplantibacillus*속은 2.6%로 나타났고 이후 숙성 18일에는 *Latilactobacillus*속이 84.9%, *Weissella*속이 10.2%, *Lactiplantibacillus*속이 2.6%로 유지되었다. 숙성 24일에는 *Latilactobacillus*속이 92.2%로 증가한 반면 *Weissella*속은 4.1%로 감소하였으며 이후 숙성 30일에는 *Latilactobacillus*속이 92.4% 및 *Weissella*속이 4.2%로 유지되었다.

4℃에서 숙성한 시료의 경우 숙성 10일에는 *Bacillus*속의 비

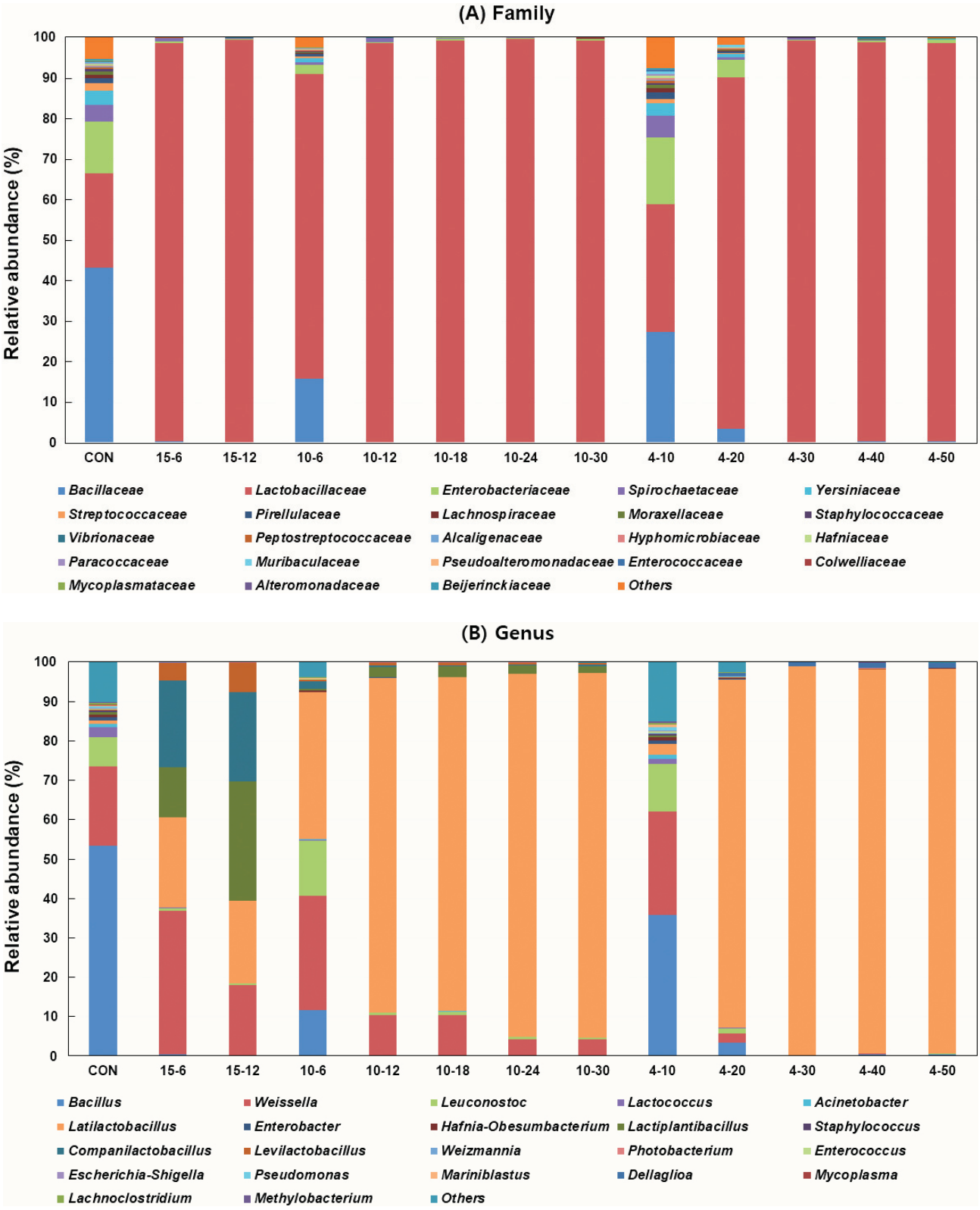


Fig. 3. Relative abundance of the *Eorigul-jeot* bacterial communities at the (A) family and (B) genus levels. A description of the code is given in Table 2.

율은 35.8%, *Weissella*속은 26.3%, *Leuconostoc*속은 12.1%이었다. 숙성 20일에는 *Latilactobacillus*속의 비율이 88.3%로 크게 증가하였고 *Bacillus*속은 3.4%로 급격하게 감소하였으며 *Weissella*속과 *Leuconostoc*속 역시 2.3% 및 1.3%로 낮은 비율을 보였으며, 숙성 30일 이후에는 *Latilactobacillus*속이 전체의 90% 이상을 차지하였다.

국내에서 시판되는 어리굴젓 1종의 미생물 군집에서 *Latilactobacillus graminis*가 67.3%로 우점하였다는 보고(Jung et al., 2025)가 있는데, 본 연구에서 어리굴젓의 숙성 과정에서 *Latilactobacillus*속이 차지하는 비율은 15℃ 숙성 시에는 20%, 10℃ 및 4℃ 숙성 시에는 90% 까지 증가한 결과와 대체로 유사하였다. 시중에서 구입한 어리굴젓에서 분리된 미생물 8균주 중에서 4균주가 *Lactobacillus* 속으로 동정되었다는 결과가 있으며(Kim et al., 2009), 국내에서 시판되는 굴젓의 미생물 군집에서 *Lactobacillus*속이 약 60%를 차지했다는 결과도 있다(Roh et al., 2010). 이러한 결과는 기존 *Lactobacillus*속을 25개의 속으로 재분류한 최근 보고(Zheng et al., 2020)에 본 연구결과를 적용해 보면 어리굴젓을 15℃에서 숙성시에는 기존의 *Lactobacillus*속에 포함되었던 *Companilactobacillus*속, *Latilactobacillus*속, *Lactiplantibacillus*속 및 *Levilactobacillus* 속이 고르게 분포하여 세균 군집의 60% 이상을 차지하게 되고, 10℃ 및 4℃의 숙성 온도에서도 숙성 기간이 경과하면서 *Latilactobacillus*속이 지배적인 비율을 차지하게 되는 결과가 된다.

20–25%의 식염에 절인 황석어젓을 10℃에서 발효시키는 동안의 미생물 군집에서 *Weissella koreensis*가 발효 시작 시에 약 25%로 확인되었다는 결과(Lim et al., 2024)는 본 연구의 어리굴젓 숙성 과정에서 *Weissella*속이 숙성 전에는 8.0%이었지만 10℃ 숙성 6일에는 22.5%이었다는 결과와 유사하다.

Kim et al. (2019)은 식염 농도를 9.1%로 하여 제조한 굴젓을 10℃에서 발효시키는 동안 미생물 군집 변화를 16S rRNA 유전자 클로닝 방법으로 조사하여 발효 기간별로 30개의 클론을 분석한 결과, 발효 7일째에는 미배양 미생물(uncultured bacterium)이 12개(40%), *Bradyrhizobium*속이 8개(26.7%), *Afipia*속이 6개(20%) 였으며, 발효 21일에는 미배양 미생물 및 *Variovorax*속이 각각 9개(30%) 였으며, 발효 42일에는 미배양 미생물이 24개(80%) 였다고 보고하였다. 이러한 결과는 본 연구에서 어리굴젓을 숙성시키는 동안 *Bradyrhizobium*속은 0–0.023%로 나타났고, *Afipia*속과 *Variovorax*속은 검출되지 않은 결과와는 차이가 있었는데 이는 식염 농도와 부재료 첨가 여부의 차이에 기인한 것으로 판단된다.

원료 무게의 20%에 해당하는 식염을 가하여 상온에서 발효시킨 조기젓, 잡젓 및 갈치젓의 미생물 군집을 조사하여 조기젓의 경우 발효 2개월에 *Ralstonia*속이 37.9%, 발효 2년에 *Halomonas*속이 55.5% 였으며, 잡젓의 경우 발효 2년에 *Halanaerobium* 속이 37.6% 였으며, 갈치젓의 경우 발효 2년에 *Tetragenococcus*속이 88.0% 였다는 결과(Kim et al., 2021)는 본 연구에서 어리굴젓을 숙성시키는 동안 *Ralstonia*속, *Halomonas*속, *Halanaerobium*속, *Tetragenococcus*속이 검출되지 않았던 결과와 차이가 있었는데 이는 젓갈의 주재료와 식염 농도의 차이에 의한 것으로 판단된다. 종합하면, 어리굴젓은 숙성이 진행됨에 따라 세균 군집의 종 다양성은 감소하고 특정 유산균 분류군의 우점도가 증가하여 α-diversity가 전반적으로 감소하였다. β-diversity 분석 결과, 숙성 온도에 따라 세균 군집 구조가 명확히 구분되었는데 특히, 15℃에서 숙성한 시료는 10℃ 및 4℃에서 숙성한 시료와 뚜렷한 차이를 나타내었고, 10℃ 및 4℃에서는 숙성 후기로 갈수록 군집 구조의 유사성이 증가하는 경향을 나타냈다.

상대적 다양성 분석에서 과(family) 수준의 경우 모든 숙성 온도에서 *Lactobacillaceae*가 우점종으로 확인되었으며, 속(genus) 수준에서 15℃ 숙성은 *Companilactobacillus*속, *Lactiplantibacillus*속, *Latilactobacillus*속 및 *Weissella*속이 다양하게 분포한 반면, 10℃ 및 4℃ 숙성 시에는 *Latilactobacillus*속이 우점종으로 나타나 어리굴젓을 저온에서 숙성하면 세균 군집은 유산균을 중심으로 단순화 된다는 결과를 확인하였다.

어리굴젓을 15℃에서 숙성할 경우, 다양한 유산균이 비교적 균등하게 분포함에 따라 대사적 다양성이 증가하여 향미의 복합성이 증대될 가능성은 있으나 해당 온도에서는 유산균의 증식 속도가 전반적으로 빠르게 진행되어 유기산 생성 및 기타 대사산물의 축적이 가속화될 수 있으며 이는 숙성 과정의 급격한 진행으로 이어져 제품의 미생물학적 안정성 및 품질 일관성을 저하시킬 가능성이 있다.

10℃에서 숙성할 경우에는 저온 환경에 대한 적응성이 높은 *Latilactobacillus*속이 우점하는 경향을 보였다. 이러한 군집 구조의 단순화는 15℃에 비해 향미 복합성 측면에서는 다소 제한적으로 작용할 수 있으나 숙성 초기 단계에서 부패균의 증식을 억제하는 데에는 긍정적으로 기여할 수 있다. 다만, 숙성이 진행됨에 따라 유산균의 지속적인 산 생성이 이루어질 경우 과도한 산도 상승으로 인해 관능적 품질 저하가 발생할 가능성도 배제할 수 없다. 반면, 4℃에서 숙성할 경우 유산균의 우점화가 상대적으로 지연되어 숙성 초기 단계에서는 미생물학적 안전성 확보 측면에서 불리하게 작용할 여지가 있으나 전반적인 미생물 증식이 완만하게 진행됨으로써 숙성 과정이 안정적으로 유지되어 균일한 품질 특성의 확보 및 상미기간 연장에 기여할 가능성이 높다. 이러한 미생물 군집 변화와 숙성 동역학을 종합적으로 고려해 보면 어리굴젓의 품질 안정성과 저장성을 동시에 확보하기 위한 숙성 온도로는 4℃가 상대적으로 가장 적합한 조건이라고 판단된다.

## References

Choi JB, Cheon HS, Chung MS and Cho WI. 2019. Effects of glycine on microbial safety of low-salted squid and *myungran jeotgal*. Korean J Food Sci Technol 51, 114-119.

https://doi.org/10.9721/KJFST.2019.51.2.114.
Chung SY, Lee JM, Lee JH and Sung NJ. 1977. The taste compounds of fermented oyster, *Crassostrea gigas* (I): Changes of free amino acids during the fermentation of oyster. Korean J Nutr 10, 97-103.
Han SC. 2022. The story of Garorim bay, a marine life protection area. In: Seosan Munhwa Chunchu 17. Seosan Local Culture Research Center, Seosan, Korea, 111-127.
Hong WJ and Kim SM. 2013. Quality characteristics, shelf-life, and bioactivities of the low salt squid *Jeot-gal* with natural plant extracts. J Korean Soc Food Sci Nutr 42, 721-729. https://doi.org/10.3746/jkfn.2013.42.5.721.
Hwang YS, Lee HJ, Hwang SM and Oh KS. 2021. Processing and quality analysis of seasoned low-salt fermented *Styela clava* supplemented with fermentation alcohol for extended shelf-life. Korean J Fish Aquat Sci 54, 1-8. https://doi.org/10.5657/KFAS.2021.0001.
Jang MS. 1999. A Study on shelf-life extension of low-salted squid-*jeotkal* using corn syrup. M.S. Thesis, Yosu National University, Yosu, Korea.
Jung YJ, Mok JS, Kwon JY, Park K and Sohn SK. 2025. Comparison of microbial community profiling of commercially available seasoned *jeotgal* and *sikhae* using next generation sequencing. Korean J Fish Aquat Sci 58, 127-139. https://doi.org/10.5657/KFAS.2025.0127.
Kim BK. 2023. Analysis on microbial communities of fish sauce using culture method and high-throughput sequencing. M.S. Thesis, Ewha Womans University, Seoul, Korea.
Kim CY, Pyeun JH and Nam TJ. 1981. Decomposition of glycogen and protein in pickled oyster during fermentation with salt. J Korean Fish Soc 14, 66-71.
Kim H, Ahn Y, Park C and Kim E. 2021. *In situ* analysis of the bacterial community associated with the Korean salty fermented seafood jeotgal. Korean J Environ Biol 39, 515-522. https://doi.org/10.11626/kjeb.2021.39.4.515.
Kim JA, Yao Z, Kim HJ and Kim JH. 2018. Properties of gul jeotgal (oyster jeotgal) prepared with different types of salt and *Bacillus subtilis* JS2 as starter. Microbiol Biotechnol Lett 46, 1-8. https://doi.org/10.4014/mbl.1711.11002.
Kim JA, Yao Z, Kim HJ and Kim JH. 2019. Some properties and microbial community changes of gul (oyster) *Jeotgal* during fermentation. Microbiol Biotechnol Lett 47, 343-349. https://doi.org/10.4014/mbl.1905.05002.
Kim JS and Kang SI. 2021. Fisheries Processing. Soohaksa Press, Paju, Korea, 354-378.
Kim MS, Park EJ, Jung MJ, Roh SW and Bae JW. 2009. Analysis of prokaryote communities in Korean traditional fermented food, *Jeotgal*, using culture-dependent method and isolation of a novel strain. Korean J Microbiol 45, 26-31.
Kim SM and Lee KT. 1997a. The shelf-life extension of low-salted *Myungran-Jeot* 1. The effects of pH control on the shelf-life of low-salted *Myungran-Jeot*. J Korean Fish Soc 30, 459-465.
Kim SM and Lee KT. 1997b. The shelf-life extension of low-salted *myungran-jeot* 2. The effects of commercial preservatives on the shelf-life of low-salted *myungran-jeot*. J Korean Soc Food Sci Nutr 26, 456-461.
Kim SM. 1996. The effects of sulfite salts on the shelf-life of low-salted *myungranjeot* (soused roe of Alaska pollack). Korean J Food Sci Technol 28, 940-946.
Kim SM. 2020. The present condition and development prospect of the fermented fishery products. Food Sci Ind 53, 200-214.
Kim YM, Kang MC and Hong JH. 1995. Quality evaluation of low-salt fermented seafoods. J Korean Fish Soc 28, 301-308.
KOSIS (Korean Statistical Information Service). 2025. Fishery Production Trend Survey. Retrieved from https://kosis.kr/statHtml/statHtml.do?orgId=101&tblId=DT_1EW0005&conn_path=I2 on Dec 13, 2025.
Lee SB, Jo JI and Yang JY. 2018. Fundamentals of Food Fermentation. Hyoil Books, Seoul, Korea, 160-182.
Lim JY, Choi YJ, Choi JY, Yang JH, Chung YB, Park SH, Min SG and Lee MA. 2024. Microbial dynamics and metabolite profiles in different types of salted seafood (*Jeotgal*) during fermentation. ACS Omega 9, 35798-35808. https://doi.org/10.1021/acsomega.4c04410.
MFDS (Ministry of Food and Drug Safety). 2026. Food Code. Retrieved from https://various.foodsafetykorea.go.kr/fsd/#/ext/Document/FC on Jan 28, 2026.
Nam KH, Lee HJ, Park NH, Kim DH, Song MG, Kim JI and Oh KS. 2022. Effects of gamma irradiation on quality characteristics of low-salt fermented pollack *Theragra chalcogramma* roe. Korean J Fish Aquat Sci 55, 302-309. https://doi.org/10.5657/KFAS.2022.0302.
Roh SW, Kim KH, Nam YD, Chang HW, Park EJ and Bae JW. 2010. Investigation of archaeal and bacterial diversity in fermented seafood using barcoded pyrosequencing. ISME J 4, 1-16. https://doi.org/10.1038/ismej.2009.83.
So JW, Lee SH and Park KS. 2024. Microbiological evaluation of commercial *eorigul-jeot*, salt-fermented oyster *Crassostrea gigas* with seasoning, produced in Korea. Korean J Fish Aquat Sci 57, 122-128. https://doi.org/10.5657/KFAS.2024.0122.
So MH. 2022. Seosan's local food *eorigul-jeot*. In: Seosan Munhwa Chunchu 17. Seosan Local Culture Research Center, Seosan, Korea, 307-314.
Song EJ, Lee ES, Park SL, Choi HJ, Roh SW and Nam YD. 2018. Bacterial community analysis in three types of the fermented seafood, *jeotgal*, produced in South Korea. Biosci Biotechnol Biochem 82, 1444-1454. https://doi.org/10.1080/09168451.2018.1469395.
Sung NJ. 1978. Degradation of nucleotides and their related compounds during the fermentation of oyster. J Korean Soc

Food Nutr 7, 1-6.
Yu SR, Kim JH, Park MS, Yang JY, Lee IH, Ji GE, Choe SH and Jeong HG. 2014. Food Microbiology. Soohaksa, Seoul, Korea, 295-296.
Zheng J, Wittouck S, Salvetti E, Franz CM, Harris HM, Mattarelli P, O'Toole PW, Pot B, Vandamme P, Walter J, Watanabe K, Wuyts S, Felis GE, Gänzle MG and Lebeer S. 2020. A taxonomic note on the genus *Lactobacillus*: Description of 23 novel genera, emended description of the genus *Lactobacillus* Beijerinck 1901, and union of *Lactobacillaceae* and *Leuconostocaceae*. Int J Syst Evol Microbiol 70, 2782-2858. https://doi.org/10.1099/ijsem.0.004107.

## 부 록

Table S1. Summary of raw read processing, including quality filtering, denoising, paired-end merging, and chimera removal

| Code | Input reads | Filtered reads | Denoised reads | Merged reads | Non-chimeric reads |
|---|---|---|---|---|---|
| Control | 209,998 (100%) | 144,702 (68.91%) | 142,760 (67.98%) | 134,276 (63.94%) | 115,219 (54.87%) |
| 15-6 | 310,651 (100%) | 215,387 (69.33%) | 213,773 (68.81%) | 198,967 (64.05%) | 138,643 (44.63%) |
| 15-12 | 282,231 (100%) | 195,291 (69.20%) | 193,548 (68.58%) | 179,666 (63.66%) | 109,826 (38.91%) |
| 10-6 | 280,837 (100%) | 194,068 (69.10%) | 191,144 (68.06%) | 178,954 (63.72%) | 158,091 (56.29%) |
| 10-12 | 237,537 (100%) | 163,149 (68.68%) | 161,886 (68.15%) | 153,539 (64.64%) | 137,811 (58.02%) |
| 10-18 | 283,569 (100%) | 196,039 (69.13%) | 194,456 (68.57%) | 183,669 (64.77%) | 159,083 (56.10%) |
| 10-24 | 255,964 (100%) | 175,752 (68.66%) | 174,475 (68.16%) | 165,048 (64.48%) | 150,869 (58.94%) |
| 10-30 | 272,188 (100%) | 185,986 (68.33%) | 184,725 (67.87%) | 175,038 (64.31%) | 158,990 (58.41%) |
| 4-10 | 313,820 (100%) | 217,314 (69.25%) | 213,605 (68.07%) | 199,666 (63.62%) | 170,286 (54.26%) |
| 4-20 | 327,943 (100%) | 228,314 (69.62%) | 225,254 (68.69%) | 211,659 (64.54%) | 195,898 (59.74%) |
| 4-30 | 291,424 (100%) | 201,385 (69.10%) | 200,632 (68.85%) | 191,062 (65.56%) | 184,337 (63.25%) |
| 4-40 | 310,909 (100%) | 215,311 (69.25%) | 213,860 (68.79%) | 203,010 (65.30%) | 193,280 (62.17%) |
| 4-50 | 311,182 (100%) | 215,823 (69.36%) | 214,083 (68.80%) | 203,043 (65.25%) | 192,994 (62.02%) |

The input read count corresponds to the number of forward reads generated by paired-end sequencing and represents half of the total read count reported in Table 3.